CIENCIA HOY

Revista de divulgación científica y tecnológica de la Asociación Civil Ciencia Hoy
Volumen 29 número 174 febrero - marzo 2021
Ejemplar en la Argentina $400

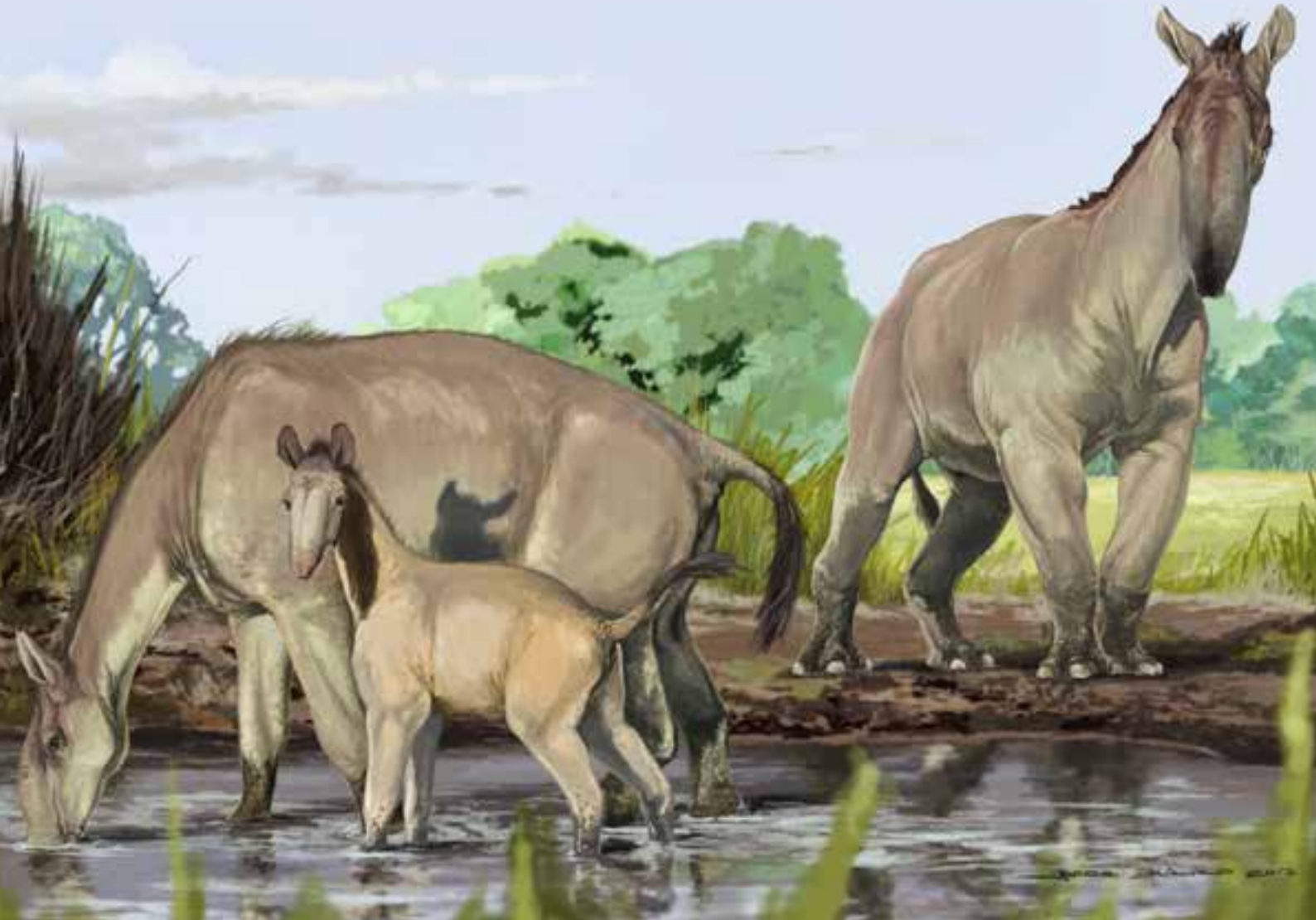
Macrauchenia

Un enigmático mamífero extinguido sudamericano

Abrir la ciencia

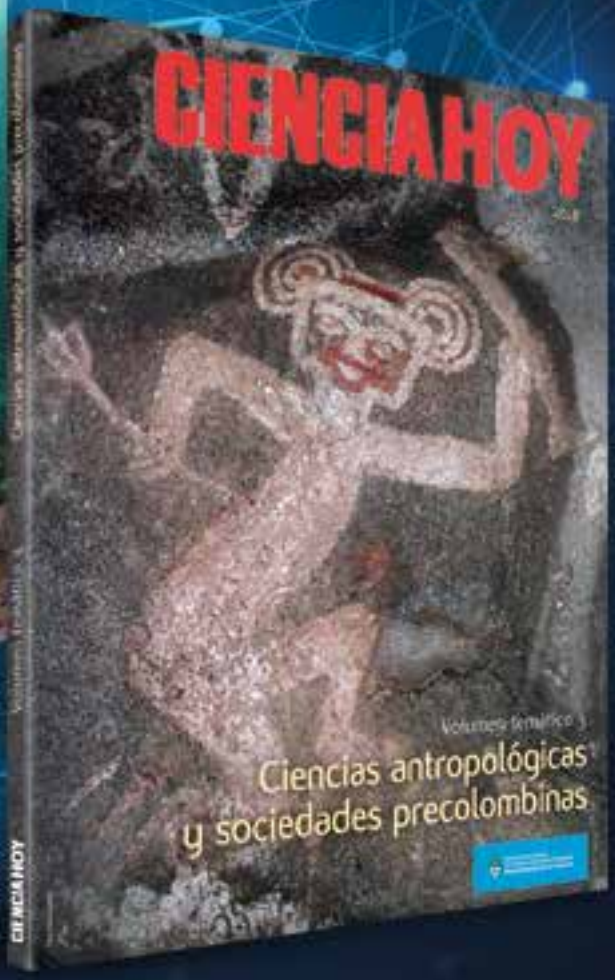
Corales del Mar Argentino

Sistema inmunológico y COVID-19



CIENCIA HOY

CONTINÚA CON SUS VOLÚMENES TEMÁTICOS



cienciahoy.org.ar contacto@cienciahoy.org.ar

@CienciaHoyOK RevistaCienciaHoy Tel (011) 4961 1824 /4962 1330

CIENCIA HOY

Fundada en 1988

Propietario: ASOCIACIÓN CIVIL CIENCIA HOY

Director: Aníbal Gattone

Reservados todos los derechos. Ninguna parte de la revista puede reproducirse, por ningún método, sin autorización escrita de los editores, los que normalmente la concederán con liberalidad, en particular para propósitos sin fines de lucro, con la condición de citar la fuente.

Sede: Av. Corrientes 2835, cuerpo A, 5° A (C1193AAA) Ciudad Autónoma de Buenos Aires
Tel.: (011) 4961-1824 y 4962-1330
Correo electrónico: *contacto@cienciahoy.org.ar*

cienciahoy.org.ar

Lo expresado por autores, corresponsales, avisadores y en páginas institucionales no necesariamente refleja el pensamiento del comité editorial, ni significa el respaldo de CIENCIA HOY a opiniones o productos.

Editores responsables

Sebastián Barbosa
TECtv. Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación de la Nación

Patricia Ciccioli
Instituto de Geociencias Básicas, Aplicadas y Ambientales de Buenos Aires, UBA-Conicet

Federico Coluccio Leskow
Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján. Conicet

Cristina Damborenea
División Zoología Invertebrados, Museo de La Plata, FCNYM-UNLP. Conicet

Alejandro Gangui
Instituto de Astronomía y Física del Espacio, UBA-Conicet

Aníbal Gattone
Universidad Nacional de San Martín

Karina V Mariño
Instituto de Biología y Medicina Experimental, Conicet

Mariano I Martinez
Museo Argentino de Ciencias Naturales Bernardino Rivadavia, Conicet

José X Martini
–en uso de licencia–
Asociación Ciencia Hoy

Santiago Francisco Peña
Instituto de Historia Antigua y Medieval. UBA-Conicet

Nicolás Pírez
Instituto de Fisiología, Biología Molecular y Neurociencias, UBA-Conicet

Roberto R Pujana
Museo Argentino de Ciencias Naturales Bernardino Rivadavia, Conicet

Jorge L Roggero
Academia Nacional de Ciencias de Buenos Aires. Conicet

Julia Rubione
Instituto de Investigaciones en Medicina Traslacional. Universidad Austral-Conicet

Consejo científico

José Emilio Burucúa (UNSAM), Ennio Candotti (Museo de Amazonia, Brasil), José Carlos Chiaramonte (Instituto Ravignani, FFyL, UBA), Jorge Crisci (FCNYM, UNLP), Roberto Fernández Prini (FCEN, UBA), Stella Maris González Cappa (FMED, UBA), Francis Korn (Instituto y Universidad Di Tella), Juan A Legisa (Centro de Estudios de la Actividad Regulatoria Energética, UBA), Eduardo Míguez (IEHS, Unicen), Felisa Molinas (Instituto de Investigaciones Médicas Alfredo Lanari, UBA), José Luis Moreno (Universidad Nacional de Luján), Alberto Pignotti (FUDETEC), Gustavo Politis (Departamento Científico de Arqueología, FCNYM, UNLP) y Fidel Schaposnik (Departamento de Física, FCE, UNLP)

Secretaría del comité editorial
Paula Blanco

Representante en Bariloche
Andrea Bellver (Instituto Balseiro, Centro Atómico Bariloche);
Av. Ezequiel Bustillo, km 9,5 (8400)
San Carlos de Bariloche, Prov. de Río Negro

Representante en Córdoba
Nancy López
La Falda, Valle de Punilla, Córdoba
Teléfono: (03548)15 571-025
Correo electrónico: *nancylopez2635@gmail.com*

Suscripciones
ARGENTINA: 6 números, $3000 (incluye envío)
EXTRANJERO: 6 números, US$ 27 + envío

Costo de envío
PAÍSES LIMÍTROFES DE LA ARGENTINA: US$ 60
SUDAMÉRICA: US$ 72
RESTO DE AMÉRICA: US$ 84
EUROPA: US$ 90
RESTO DEL MUNDO: US$ 96

Distribución
En ciudad de Buenos Aires y Gran Buenos Aires
Rubbo SA
Río Limay 1600 (C1278ABH)
Ciudad Autónoma de Buenos Aires
Teléfono: (011) 4303-6283/85

En el resto de la Argentina
Distribuidora Interplazas SA
Pte. Luis Sáenz Peña 1836 (C1135ABN)
Ciudad Autónoma de Buenos Aires

ISSN 0327-1218
N° de registro DNDA 75312285

Diseño y realización editorial
Estudio Massolo
Callao 132, EP (C1022AAO)
Ciudad Autónoma de Buenos Aires
Teléfono: (011) 4372-0117
Correo electrónico: *estudiomassolo@gmail.com*

Corrección
Mónica Urrestarazu

Impresión
4 Colores SA
Santa Elena 948 (C1278ACN)
Ciudad Autónoma de Buenos Aires

ASOCIACIÓN CIVIL CIENCIA HOY

Es una asociación civil sin fines de lucro que tiene por objetivos: **(a)** divulgar el estado actual y los avances logrados en la producción científica y tecnológica de la Argentina; **(b)** promover el intercambio científico con el resto de Latinoamérica a través de la divulgación del quehacer científico y tecnológico de la región; **(c)** estimular el interés del público en relación con la ciencia y la cultura; **(d)** editar una revista periódica que difunda el trabajo de científicos y tecnólogos argentinos, y de toda Latinoamérica, en el campo de las ciencias formales, naturales, sociales, y de sus aplicaciones tecnológicas; **(e)** promover, participar y realizar conferencias, encuentros y reuniones de divulgación del trabajo científico y tecnológico rioplatense; **(f)** colaborar y realizar intercambios de información con asociaciones similares de otros países.

COMISIÓN DIRECTIVA

Omar Coso (presidente), María Semmartin (vicepresidente), Aníbal Gattone (tesorero), Alejandro Gangui (protesorero), Paulina Nabel (secretaria), Diego Golombek (prosecretario), Hilda Sábato, Cecilia Kunert, Galo Soler Illia y Karina Mariño (vocales).

MECENAZGO

www.facebook.com/RevistaCienciaHoy

@revistacienciahoy

@CienciaHoyOK

Ciencia Hoy agradece el apoyo del Conicet y del Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación Productiva. Esta revista aparece merced al esfuerzo desinteresado de autores y editores, ninguno de los cuales recibe –ni ha recibido en toda su historia– remuneración económica.

Sumario

Febrero - marzo 2021
Volumen 29 - número 174

EDITORIAL

4 Hacia una ciencia cada vez más abierta

HACE 25 AÑOS EN CIENCIA HOY

6 Volumen 6, número 32 - 1995

8 GRAGEAS

ARTÍCULO

9 *Macrauchenia*, el mamífero enigmático del Pleistoceno sudamericano: nuevas metodologías e interpretaciones

Analía M Forasiepi, Agustín G Martinelli y Ross D E MacPhee

Macrauchenia patachonica es un mamífero extinguido que habitó en América del Sur durante el Pleistoceno (de 2,6 millones de años hasta 11.700 años atrás). Una de las características más extrañas de su anatomía ósea se encuentra en el cráneo, con las aperturas nasales muy grandes ubicadas en la superficie dorsal (arriba) y hacia el medio de la cabeza. Esto generó largas discusiones sobre la reconstrucción de su anatomía blanda. Asimismo, las relaciones de parentesco no estuvieron exentas de controversias. Recientemente, y sobre la base del estudio de las biomoléculas (proteínas y ADN antiguo), se ha podido vincular filogenéticamente a *Macrauchenia* y los notoungulados (otros mamíferos extinguidos) con los perisodáctilos (caballos, rinocerontes y tapires) en una misma rama del árbol evolutivo.

CIENCIA Y SOCIEDAD

18 Haciendo pan moderno a la antigua

Mariana Koppmann

En los últimos años ha resurgido la utilización de masa madre, una levadura natural, para hacer panes, caseros o comerciales, con un gran perfil de sabores y más sanos y naturales. Este artículo nos mostrará todos los pasos que debemos seguir para realizar uno de estos panes con nuestra masa madre.

ESPACIO INSTITUCIONAL DEL CONICET

24 Ciencia en tu vida

ARTÍCULO

28 Corales de aguas frías en el Mar Argentino

Daniel Lauretta, Nadia Cerino, Carolina Bernal y Jessica Risaro

La amplia plataforma continental argentina es hogar de numerosos corales de aguas profundas. Muchas especies poco conocidas de corales viven en las profundidades oscuras y frías de nuestro mar, formando ambientes coloridos que permiten el desarrollo de otras especies asociadas.

ARTÍCULO

35 Bosques maduros de talas y pájaros carpinteros

Adrián Jauregui, Sabrina Rodríguez y Luciano Noel Segura

Una investigación sobre las cavidades que excavan dos especies de pájaros carpinteros en bosques de talas de la costa de la bahía de Samborombón pone de manifiesto las características de un sistema ecológico amenazado por las presiones del crecimiento demográfico y económico, a la vez que revela particularidades de la conducta de las aves.

ARTÍCULO

41 El futuro de un mundo invisible de microorganismos

Pedro Flombaum, Federico Ibarbalz y Sergio Velasco Ayuso

El cambio climático en el que nos hallamos envueltos está produciendo modificaciones en los ecosistemas y en los seres vivos que los componen cuyas características y consecuencias futuras procuran estimar biólogos y ecólogos. Este artículo analiza el posible futuro de un grupo ubicuo y extremadamente abundante de seres vivos, los microorganismos, que incluye bacterias, protozoarios y animales milimétricos, los que ejercen una enorme influencia en el funcionamiento de los ecosistemas acuáticos y terrestres.

ARTÍCULO

46 Abrir la ciencia para potenciar su impacto

Mariano Fressoli y Valeria Arza

La ciencia vive un momento de cambio. La creación de internet y las redes sociales digitales han modificado las prácticas de recolección de datos y análisis, potenciando el carácter participativo de las disciplinas científicas, y extendiéndolo más allá de los especialistas. A su vez, la urgencia por respuestas a problemas actuales de la sociedad acelera la adopción de prácticas de apertura científica, previamente planteadas, pero que hoy se presentan imprescindibles.

ARTÍCULO

52 Luces y sombras del sistema inmunológico en COVID-19

Jeremías Dutto, Lucía Boffelli, Gerardo Gatti y Mariana Maccioni

Sin dudas el SARS-COV-2 ha invadido nuestra vida, modificándola en muchos aspectos. En ese sentido, los medios nos inundan con explicaciones técnicas sobre linfocitos, anticuerpos, defensas... En este artículo, Mariana Maccioni y colaboradores proveen un resumen explicando cómo funciona el sistema inmunológico frente al encuentro con este virus, tal y como lo conocemos hasta hoy.

MATEMÁTICA, ILUSIONES Y HUMOR

59 *Crossfit* cerebral #6

Hacia una ciencia cada vez más abierta

La imprenta de tipos móviles, difundida en Occidente desde mediados del siglo XV, pronto se convertiría en una aliada inmejorable en el proceso secular de creciente acceso al conocimiento especializado. La llamada 'revolución científica' del siglo XVII fue un fenómeno de largo y amplio alcance, un punto de partida tanto como un punto de llegada, diseminado y garantizado a través del libro. Aunque la transmisión oral permaneció como mecanismo predominante de difusión del conocimiento durante los tiempos premodernos, no es menos real que la continua alfabetización y ampliación de los sectores letrados contribuyeran a incrementar y refinar la demanda de la palabra escrita.

Lo cierto es que, al menos desde el siglo XVII en adelante, se percibe una consolidación progresiva de las disciplinas científicas tal como las conocemos hoy. La investigación científica capturó un interés de mayor alcance y los debates, hipótesis, resultados y conclusiones de los especialistas pasaron a formar parte de una opinión pública en formación, más allá de los círculos conspicuos de especialistas, universidades, academias y mecenas. La alfabetización masiva propia de los siglos XIX y XX llevaría a este fenómeno a niveles de difusión y debate sin parangones.

Por otra parte, sabemos que durante el siglo XX el desarrollo de la mecánica cuántica, la relatividad y el control de la energía nuclear hicieron de la investigación científica una ventaja comparativa definitiva y de alto e inmediato impacto en el desarrollo económico de las naciones y en su poderío armamentista. Sin embargo, la diseminación de los resultados a través de revistas especializadas de escasa repercusión entre el público general tendía a ser filtrada y mediada por periodistas o escritores de ciencia ficción. Esta situación estaba enmarcada, además, en una profunda división geopolítica mundial determinada por dos superpotencias militares, Estados Unidos y la Unión Soviética.

La caída de la 'cortina de hierro' a fines de la década de 1980 desmanteló en cierta medida el argumento estratégico de los desarrollos científicos reservados. La investigación científica conoció una creciente popularización, donde los propios científicos cumplían una tarea protagónica. No es casualidad que la presente revista se haya fundado en 1988, en un contexto de multiplicación de medios donde el conocimiento se hacía llegar al público de modo cada vez más veloz y directo. Esto necesitó, a su vez, un entrenamiento del público en nuevos hábitos de lectura, algo que se dio en llamar 'alfabetización científica'. Se estaba trazando una nueva cartografía en un territorio mayormente desconocido por el gran público, el de la ciencia, cuya lectura requería un entrenamiento particular.

Este desarrollo describe nuestra propia experiencia como editores de una publicación de divulgación científica. En el primer manual de estilo de la revista de principios de los años 90 se leía: '[Se debe estar] atento a los cambios en el lenguaje común (ADN y genoma requerían explicación hace veinte años, hoy no). Usar mucho de sentido común (proteína no necesita explicación; proteoma sí)'. Hoy en día, cuando aparece la palabra 'proteoma' no demandamos a los autores que la expliquen porque suponemos que el lector de la revista o bien la conoce o bien tiene a su disposición los medios para rastrearla y reconocerla.

Esta difusión cada vez más sólida de la investigación científica provocó una suerte de estratificación dentro de un paisaje antes aparentemente dicotómico donde se distinguía al científico profesional del público no especializado. Las fronteras se disipan y los bordes se hacen más difusos. Todo esto está, naturalmente, mediado y potenciado por el acceso ubicuo a la red virtual global, que pasara al dominio público a mediados de los años 90.

En un contexto semejante se inició un movimiento, de varias aristas y direcciones, que planteó la necesidad de crear canales verticales de acceso a datos, publicaciones, métodos y software de forma 'abierta'. Asistimos a otro cambio cultural, el de la transparencia. Los científicos no dejan de ser profesionales remunerados que realizan investigaciones –con dineros privados o públicos–,

pero se los invita y se espera que sus investigaciones puedan ser de libre y fácil acceso, tanto los datos con que fundamentan sus trabajos como los métodos, los equipos y las decisiones que utilizaron, así como el software utilizado como plataforma.

Por supuesto, esto solo es posible garantizarlo, en principio, para las investigaciones financiadas con recursos públicos. Sin embargo, no implica que aquellas otras realizadas en el marco de empresas y compañías privadas dedicadas a la investigación y al desarrollo no puedan estar asimismo sujetas al escrutinio público, aunque hagan reserva de sus insumos y métodos. Los impactos de tal idea son evidentemente revolucionarios. Uno de ellos es el de las publicaciones en revistas especializadas y el actual modelo de negocios de las editoriales que las producen, donde es el suscriptor el que realiza importantes erogaciones. Un alto costo para leer lo que se financió con fondos públicos pareciera ir en un sentido opuesto al de la ciencia abierta.

Otro lugar de conflicto es el de los datos. Son aquí los mismos científicos, en general, quienes más resguardan las fuentes de sus descubrimientos y desarrollos, que muchas veces involucran varios años de trabajo. Uno de los requerimientos para poder publicar artículos científicos es la novedad de estos, por lo que, más allá de la clara necesidad de comunicación y transparencia, el sistema deberá replantearse y reformularse. Los tiempos de publicación para un artículo científico tradicional son incomparables a la velocidad de los *preprints* (manuscritos científicos con acceso abierto y sin evaluación por pares depositados en repositorios públicos). En este sentido, el valor de una publicación, basado en su novedad, puede verse comprometido casi en tiempo real por un *preprint* acelerado. El camino hacia la ciencia abierta no va a ser sencillo. Pero anticipamos que va a ser inevitable.

Para este número los editores hemos convocado a hablar de ciencia abierta a dos investigadores, Mariano Fressoli y Valeria Arza, que durante 2018 llevaron adelante un seminario sobre el tema en el Ministerio de Ciencia y Tecnología (en ese momento Secretaría) que congregó a los más conspicuos representantes del tema en la Argentina. En un recuadro dentro del mismo artículo, Lucas Luchilo describe el estado actual de la transformación del sistema de revistas científicas, de cara a la apertura y las implicancias en cuanto a su financiación. Esperamos que este aporte les sea útil. CH

HACE 25 AÑOS en CIENCIA HOY

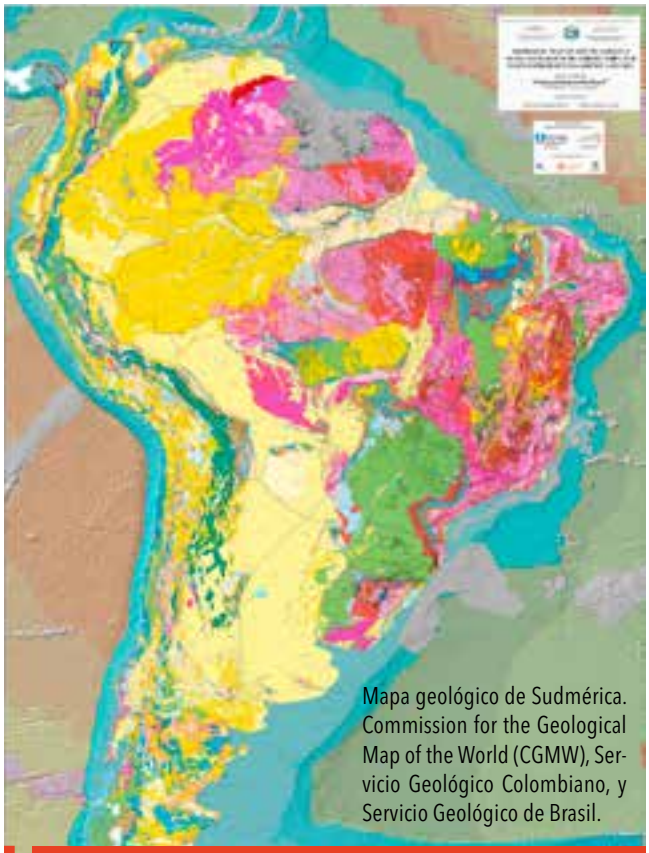
Phylloscopus trochilus. Wikimedia commons

Phylloscopus collybita. Wikimedia commons

ESPECIES GEMELAS

FERNANDO G COSTA

Una especie está formada por el conjunto de los individuos que –en condiciones naturales– pueden aparearse entre sí; los de especies diferentes no se aparean. Los ejemplares de una misma especie se reconocen mediante señales químicas, acústicas, visuales, táctiles, etcétera, propias de esa especie.



Mapa geológico de Sudmérica. Commission for the Geological Map of the World (CGMW), Servicio Geológico Colombiano, y Servicio Geológico de Brasil.

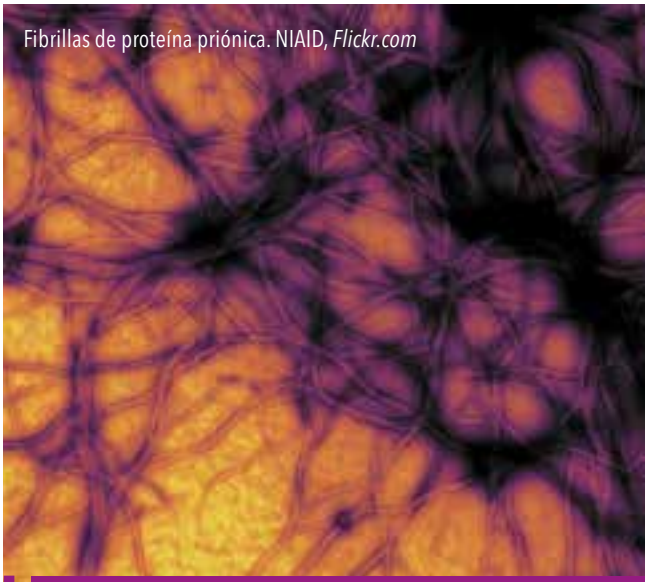
SUDAMÉRICA: UN MOSAICO DE CONTINENTES Y OCÉANOS

VÍCTOR A RAMOS

El origen geológico de Sudamérica y su relación con la deriva de los continentes.

Hace 25 años las hipótesis que se presentaban en este trabajo fueron consideradas por la comunidad geológica como altamente especulativas. Solo unos pocos geólogos, entre los que se destacaban Ricardo Astini y Luis Benedetto de la Universidad Nacional de Córdoba, tomaron como una alternativa posible estas hipótesis, aportando nuevas evidencias de la aloctonía de microcontinentes como los postulados en Chilenia y Cuyania. La fotografía del fondo oceánico que se ilustra en la figura 2 del trabajo fue clave para estudios isotópicos y geoquímicos que corroboraron que un océano separaba Chilenia de Cuyania. Los estudios geofísicos realizados por diferentes instituciones demostraron que los límites corticales en profundidad entre terrenos eran reales, permitiendo corroborar que esta parte de América del Sur era un mosaico de microcontinentes de diferente procedencia aglutinados actualmente en una misma masa continental.

Visita nuestros archivos en www.cienciahoy.org.ar



Fibrillas de proteína priónica. NIAID, *Flickr.com*

EL PRION: UN AGENTE INFECCIOSO NO CONVENCIONAL

PABLO EA RODRÍGUEZ Y FEDERICO A CUMAR

Los priones, agentes infecciosos formados por proteínas carentes de ácidos nucleicos, causan encefalopatías espongiformes transmisibles, enfermedades degenerativas del sistema nervioso de animales y humanos.

www.legislatura.gov.ar/

ENTREVISTA A VÍCTOR PENCHASZADEH

CONSECUENCIAS ÉTICAS DEL ESTUDIO DEL GENOMA HUMANO

En un futuro próximo se conocerán todos los genes que determinan las características hereditarias del ser humano. Ello enfrenta a la sociedad con nuevos dilemas éticos y abre la posibilidad de que, en algunos países, se implanten prácticas eugenésicas inaceptables en las sociedades democráticas y pluralistas.

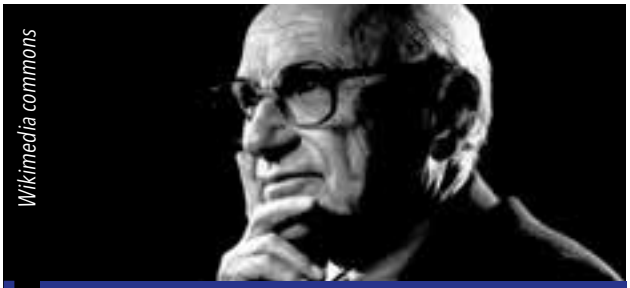
En 2003 se completó la secuenciación del primer genoma humano luego de trece años de trabajo. Hoy hay miles de secuencias de genomas, humanos y no humanos, tanto de especies vivas como extinguidas. Toda esta información, muchas veces subutilizada, se encuentra disponible en bases de datos abiertas. La secuenciación de un genoma como el humano es posible en horas, con un costo menor a mil dólares. Mientras tanto, los dilemas éticos persisten asociados a la aparición de nuevas tecnologías, como ocurre con la edición génica.

Adrian W, *Wikimedia commons*

LOS MAMÍFEROS MESOZOICOS

GUILLERMO W ROUGIER

Los mamíferos tienen un origen tan lejano como los dinosaurios y un abolengo semejante. Unos y otros se remontan al período triásico, algo más de 220 millones de años atrás.



Wikimedia commons

LA ESCUELA DE ECONOMÍA POLÍTICA DE CHICAGO

EDGARDO E ZABLOTSKY

Un análisis del comportamiento del gobierno desde el punto de vista de la teoría económica de los precios y la economía positiva.

¿Qué hay de nuevo, viejo? Avance nacional contra la COVID-19

En 1901, el premio Nobel en fisiología o medicina fue otorgado a Emil von Behring, oriundo de Prusia (en lo que hoy es Polonia) por la implementación de la entonces llamada 'terapia de suero' para tratar y curar la difteria. Von Behring observó que si trataba personas con suero de caballos infectados con la bacteria causante de esta enfermedad (*Corynebacterium diphtheriae*), podía evitar que contrajeran la enfermedad o reducir su duración. De esa forma concluyó que cierta protección podía ser transferida desde el animal en período de convalecencia (luego de la enfermedad) a un individuo susceptible que así se volvería *inmune*, como decimos hoy. Desde entonces, esta estrategia se ha usado para tratar diversas enfermedades como el sarampión, las paperas y la gripe española, causante de la pandemia en 1918.

Más recientemente, la comunidad científica de todo el mundo se ha volcado, desde los comienzos de la pandemia causada por el SARS-CoV-2, a la búsqueda de soluciones que nos permitan volver a la tan ansiada 'normalidad'. Entre ellas se puede mencionar el uso de plasma de personas convalecientes para tratar casos severos de la enfermedad, aunque sin buenos resultados. Ciertamente uno de los avances más significativos es el desarrollo de vacunas que ayuden a disminuir la mortalidad y casos graves, varias de las cuales ya están siendo aplicadas en muchos países del mundo, incluso el nuestro. Sin embargo, ni la más eficiente de las formulaciones podrá mejorar el pronóstico de quien ya haya contraído la enfermedad, ni disminuir la mortalidad en las poblaciones de riesgo, como las personas mayores.

Imagen cortesía Fundación Infant

En este sentido, un grupo de científicos y médicos argentinos, encabezado por Fernando Polack de la Fundación Infant, se propuso evaluar el efecto del tratamiento con plasma de convalecientes (es decir, de personas que hayan transitado y superado la COVID-19) con alto contenido de anticuerpos específicos contra el SARS-CoV-2. Para ello, se reclutaron 160 individuos mayores de 65 años, durante los primeros días de aparición de síntomas, que fueron divididos en dos grupos: la mitad fue tratada con plasma de convalecientes y la otra mitad recibió un placebo (solución fisiológica). Se observó entonces que los individuos que recibieron el tratamiento con plasma tenían 48% menos de riesgo de progresar a formas severas de la enfermedad.

Este es el primer estudio a nivel mundial que se enfocó en el uso de plasma de convalecientes en la población mayor de 65 años para evitar la progresión a formas severas de la enfermedad y sus resultados fueron publicados en la revista de investigación médica más importante, *New England Journal of Medicine*. En este contexto, podemos afirmar que el desarrollo de nuevos tratamientos, lejos de perder relevancia, sigue siendo una estrategia imprescindible en la lucha por disminuir la mortalidad del SARS-CoV-2, especialmente en la población más añosa. CH

Julia Rubione
juli.rubione@gmail.com

Más información en LIBSTER R *et al.*, 2021, 'Early High-Titer Plasma Therapy to Prevent Severe Covid-19 in Older Adults', *NEJM*. DOI 10.1056/NEJMoa2033700

Analía M Forasiepi
IANIGLA, CCT-Conicet

Agustín G Martinelli
Museo Argentino de Ciencias Naturales Bernardino Rivadavia

Ross D E MacPhee
Museo Americano de Historia Natural, Estados Unidos

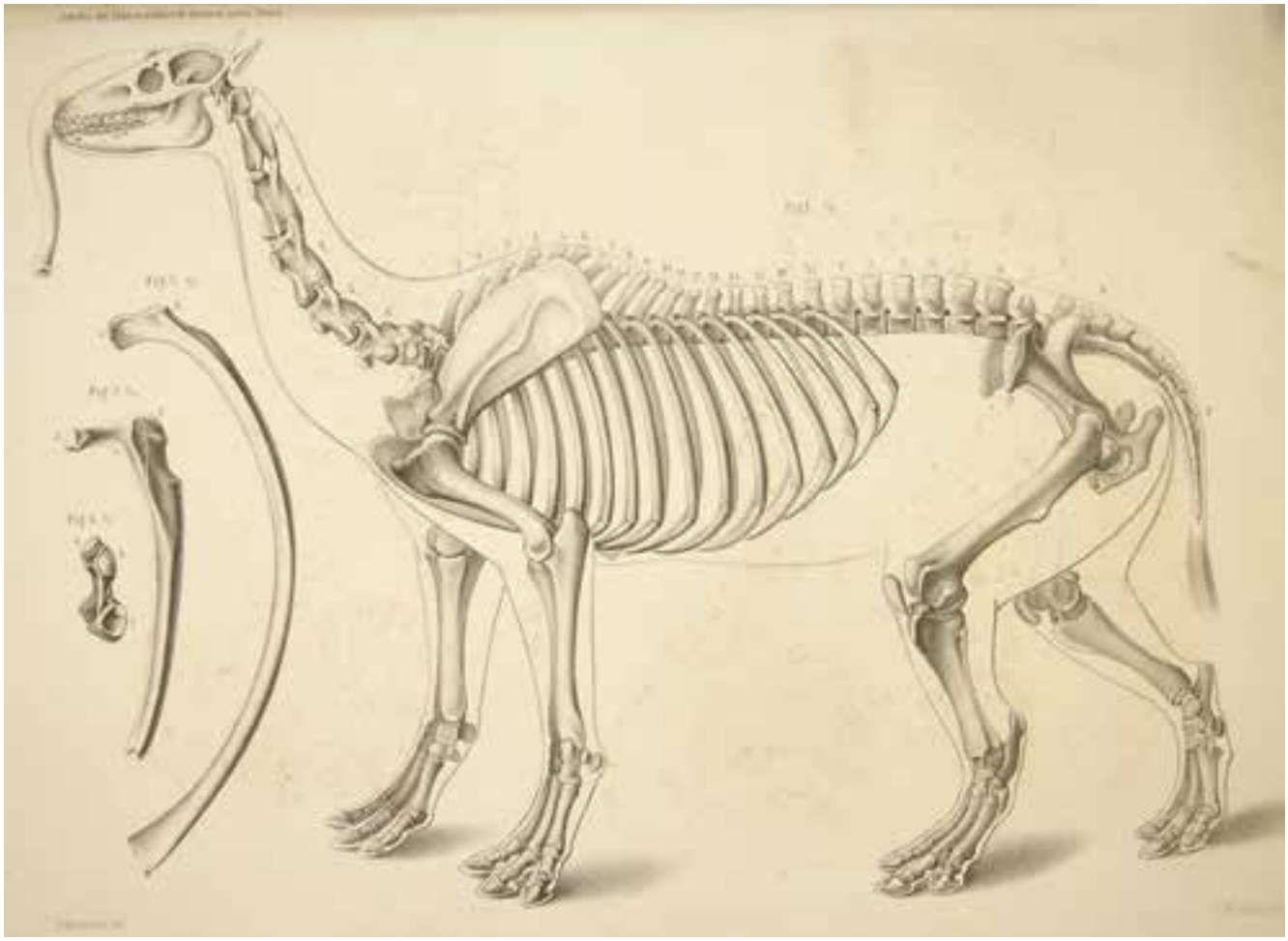
Macrauchenia, el mamífero enigmático del Pleistoceno sudamericano

Nuevas metodologías e interpretaciones

El 9 de enero de 1834 durante su viaje por América del Sur como miembro científico de la expedición del *Beagle*, Charles R Darwin (1809-1882) descubrió en las proximidades de Puerto San Julián, en la Patagonia, 'en el barro rojo que cubre la grava de la llanura de 90 pies', los huesos de un mamífero extinguido sumamente enigmático. Poco después, en marzo de ese mismo año, comunicó su hallazgo por carta al naturalista inglés John S Henslow (1796-1861): 'En Puerto San Julián encontré unos huesos muy bien preservados de un animal grande, imagino *Mastodon*'. El descubrimiento consistió en partes del esqueleto, incluyendo algunas vértebras y partes de los miembros, que fueron transportados a Inglaterra. Los fósiles fueron estudiados en detalle por el reconocido anatomista Richard Owen (1804-1892) del Royal College of Surgeons y finalmente resguardados en el Natural History Museum de Londres. Owen publicó la descripción de estos restos en 1838 en el libro *Zoology of the Voyage of H.M.S Beagle*. El animal fue nominado *Macrauchenia patachonica*, haciendo referencia a la longitud de las vértebras del cuello (μακρος, *largo*; αυχην, *cuello*) y a su procedencia geográfica, la región

¿DE QUÉ SE TRATA?

La paleontología, la anatomía comparada, las proteínas antiguas y el ADN antiguo: las controversias en la interpretación de las formas fósiles de morfologías particulares y los aportes de la biología molecular. El caso de *Macrauchenia patachonica*, un extraño mamífero del Pleistoceno de América del Sur.



Arriba. Lámina de la reconstrucción del esqueleto de *Macrauchenia patachonica* publicada por Hermann Burmeister en *Los caballos fósiles de la pampa argentina* de 1889.
Abajo. Cráneo y mandíbula de *Macrauchenia patachonica* (en vista lateral derecha y dorsal) encontrados en la ciudad de Salto por Auguste Bravard en 1856 que se encuentran en el acervo paleontológico del Museo Argentino de Ciencias Naturales Bernardino Rivadavia (MACN-Pv 2) de Buenos Aires.

sur de América del Sur. Las extrañas características de los restos encontrados dificultaron su clasificación y Owen se refirió a ellos como 'un gran animal mamífero, referible al orden Pachydermata, pero con afinidades de los Ruminantia, y especialmente de los Camelidae'. Esta primera apreciación, aunque un tanto confusa en el sentido de la sistemática actual, fue utilizada por Darwin para reafirmar su interpretación de que los animales actuales conservan un parentesco próximo con las formas extinguidas, relacionando guanacos y vicuñas (ambos camélidos) con la *Macrauchenia* extinguida. Actualmente se sabe que la relación filogenética entre ellos no es cercana, aunque de todos modos, a casi dos siglos del primer descubrimiento, *Macrauchenia* sigue despertando la curiosidad de los científicos del mundo entero.

En 1856 Auguste Bravard (1803-1861), un naturalista, geógrafo y geólogo francés radicado en la Argentina, recolectó cerca de la ciudad de Salto, provincia de Buenos Aires, un cráneo casi completo y gran parte del esqueleto de *Macrauchenia*. Lamentablemente, Bravard murió durante el fuerte terremoto ocurrido en 1861 que destruyó casi por completo el casco de la antigua ciudad de Mendoza, antes de que pudiera completar la descripción del nuevo material. Para ello había realizado algu-

nos excelentes dibujos que aún se siguen utilizando en la literatura científica. Bravard utilizó el nombre *Opistorhinus falconeri* en 1857 para referirse al fósil, aludiendo a la extraña posición de las aperturas nasales en la parte posterior del hocico, aunque este nombre quedó en desuso por tener prioridad el publicado por Owen algunos años antes.

En 1864, el reconocido paleontólogo alemán Hermann Burmeister (1807-1892), entonces director del Museo Público de Buenos Aires (actualmente MACN), describió en detalle el material descubierto por Bravard utilizando las planchas gráficas inéditas conservadas en el museo. En su artículo, Burmeister comparó reiteradamente la anatomía de *Macrauchenia* con los caballos y dio particular atención a la curiosa posición de las aperturas nasales, sugiriendo la posibilidad de que se vinculara a una trompa móvil. En 1889, Burmeister se ocupó nuevamente de *Macrauchenia* en su publicación *Los caballos fósiles de la pampa argentina* y realizó una primera reconstrucción, ilustrando una trompa.

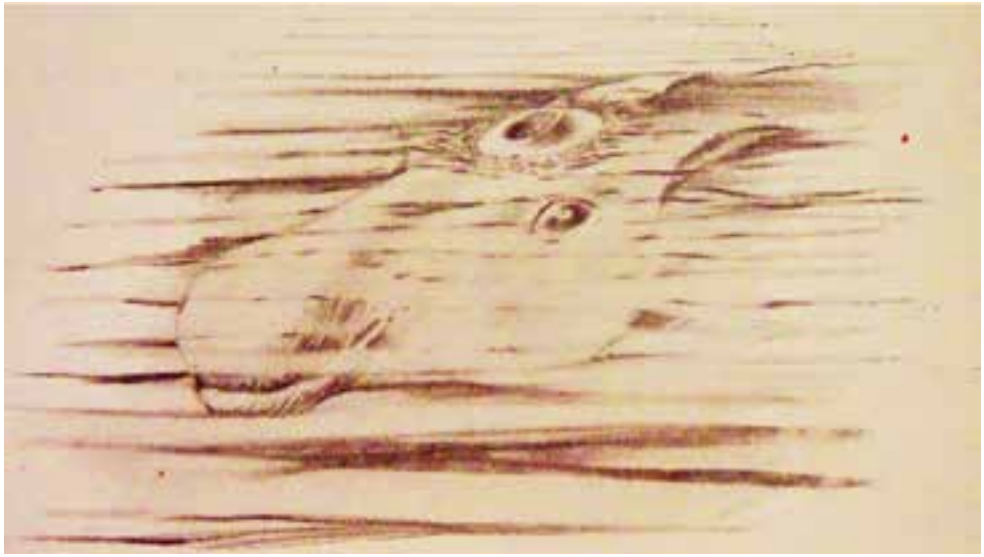
Con el paso del tiempo, otros restos de *Macrauchenia* fueron hallados en diferentes regiones de América del Sur. Asimismo, otros fósiles de aspecto muy similar, como *Macraucheniopsis* y *Xenorhinotherium*, fueron descubiertos, resultando en una amplia distribución a lo largo de toda América del Sur durante el Pleistoceno (de 2,6 millones de años hasta 11.700 años atrás) de estos animales (agrupados en la familia Macraucheniidae, del orden Litopterna). La historia de los macrauquénidos no se restringe al Pleistoceno, sino que también otras especies cercanamente relacionadas de los géneros *Promacrauchenia*, *Oxyodontherium*, *Huayqueriana* y otras fueron recuperadas de rocas más antiguas (es decir, del Mioceno tardío al Plioceno, entre 5 y 2,6 millones de años atrás). Este conjunto de especies fósiles permitió reconstruir algunos aspectos de la anatomía del grupo y proponer distintas hipótesis sobre las relaciones de parentesco con otros mamíferos, aunque resultaron controversiales en varios casos.

Tanto *Macrauchenia* como los otros macrauquénidos tienen un esqueleto ciertamente inusual, con las vértebras del cuello largas y robustas que recuerdan a las de un camello, los miembros locomotores con solo tres dedos como en un tapir y el cráneo robusto y alargado similar al de un caballo, aunque con las aperturas nasales ubicadas en la parte más dorsal del cráneo, vertical al paladar, similar a lo que ocurre en un delfín. La posición de las fosas nasales en la superficie dorsal (hacia arriba) del cráneo es sin duda una de las características más intrigantes de su anatomía craneana. Contrariamente, en la mayoría de los mamíferos terrestres las aperturas nasales se encuentran en el extremo del hocico y la cavidad nasal abre en ángulo recto a la cavidad nasofaríngea. En los macrauquénidos, además de la retracción de las aperturas nasales, el tamaño de las coanas es enorme. Asimismo, en la parte anterior e interna del hocico existe un saco ciego, el *meatus nasi ventralis*, que evidentemente representa una señal filogenética vinculada a la migración posterior de las coanas. Los avances tecnológicos, como la utilización de tomografías computadas de alta resolución, ha permitido efectuar nuevos estudios detallados sobre esta región del cráneo.

Mapa de distribución de los géneros de macrauquénidos del Cuaternario de América del Sur.

Macrauchenia: el arte y la ciencia

En 1925, el investigador sueco Ivar Sefve (1886-1953) realizó un trabajo sobre la estructura del cráneo de *Macrauchenia*, dando especial atención a la función de la respiración. Su hipótesis, por demás novedosa, implicaba la presencia de un opérculo en el techo craneano que el animal habría podido abrir o cerrar (como un delfín), implicando entonces hábitos semiacuáticos. Conforme a ello, el artista R Hellman ilustró una *Macrauchenia* sumer-



Reconstrucción de *Macrauchenia* por el artista R Hellman en la publicación de I Sefve de 1925, mostrando un animal con un opérculo dorsal para sumergirse en los cuerpos de agua.

gida, con sus fosas nasales cerca de la superficie del agua y otras fuera del agua.

Sin embargo, la reconstrucción de *Macrauchenia* con un apéndice nasal, similar a una trompa, es la hipótesis que más adeptos ha tenido. Algunas reconstrucciones muy utilizadas en la literatura fueron realizadas por el artista francés Paul Magne de la Croix (1875-1942), quien bajo la orientación de Carlos Rusconi (1898-1969), naturalista argentino y director del Museo de Ciencias Naturales y Antropológicas JC Moyano de la ciudad de Mendoza, ilustró no solo *Macrauchenia* sino gran parte de la fauna cenozoica argentina a principios del siglo XX. Magne de la Croix reconstruyó una trompa corta, aunque retráctil, en *Macrauchenia*. Por su parte Rusconi incursionó también en varios otros macrauquénidos emparentados. En sus dibujos *Macrauchenia* poseía una protuberancia proyectada del labio superior, siendo más reducida en los macrauquénidos más antiguos.

En el libro *A History of Land Mammals in the Western Hemisphere* (1913) del paleontólogo norteamericano William B Scott (1858-1947), el dibujante Robert B Horsfall ilustró una trompa larga y prensil, incluso aludiendo a que era usada para llegar a las hojas altas de la copa de los árboles. Sucesivamente, durante todo el siglo XX las reconstrucciones de *Macrauchenia* han tomado vida por numerosos artistas, comúnmente utilizando la estructura corporal de un camélido y una trompa en su cabeza. Reconstrucciones más recientes, como las del actual artista argentino Jorge L Blanco, ilustran una probóscide más similar a la de un tapir.

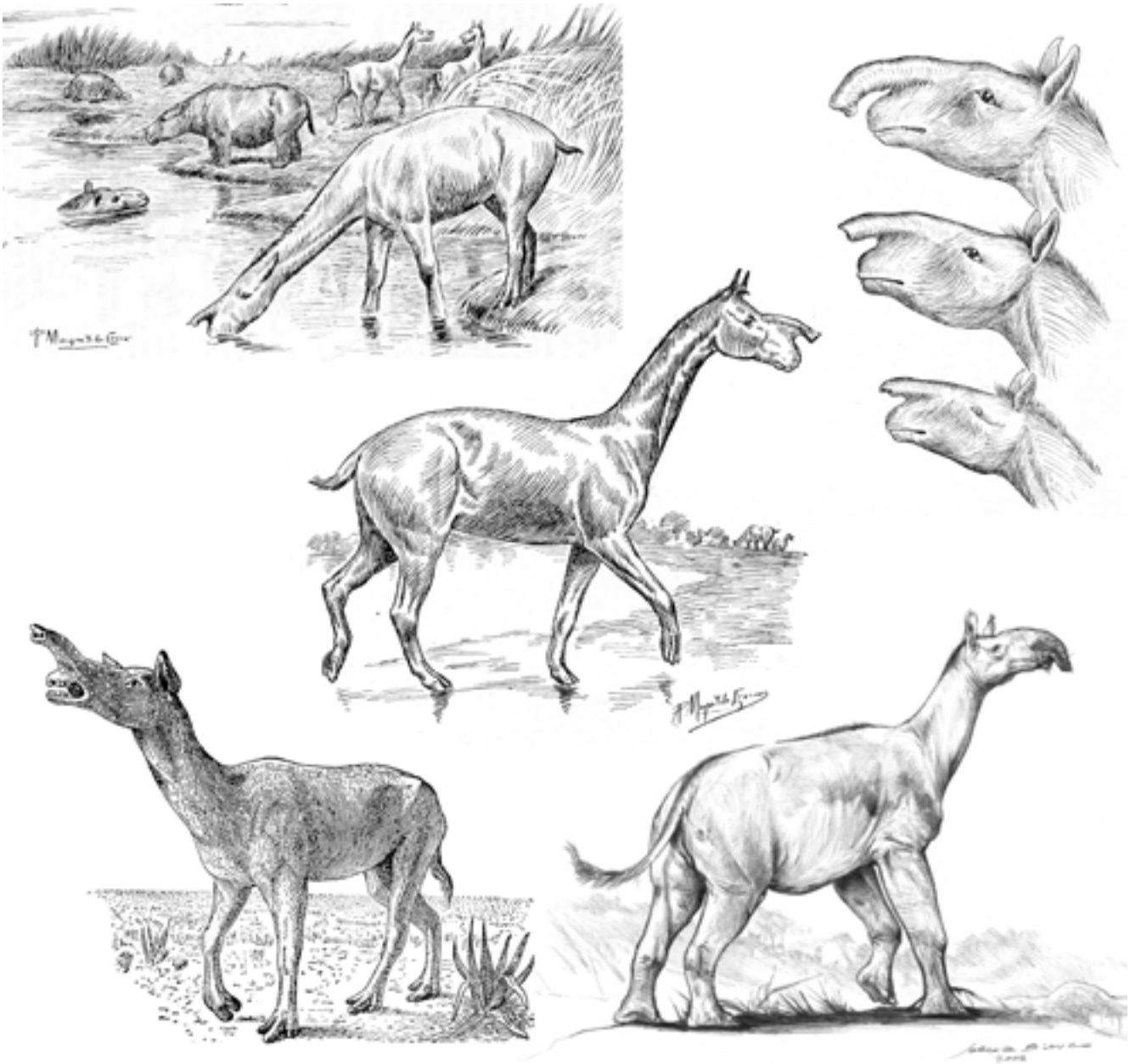
La probóscide es una extensión tubular y flexible de la musculatura tanto narial como del labio superior. En los elefantes, la trompa, conformada por una compleja musculatura intrínseca, es el análogo a una mano flexible y es manejada para asir los vegetales que consumen, transportar agua a la boca o limpiar el cuerpo. En los tapires, sin embargo, la estructura nasal es un hidrostato muscular y la función vinculada a tomar los alimentos es más limitada, si realmente existe.

Un reciente estudio que explora la función de la peculiar morfología craneana de los macrauquénidos, entre otros mamíferos, fue realizado en 2018 por los investigadores argentinos Silvana R Moyano y Norberto P Giannini a través del estudio de la anatomía comparada, utilizando como referencia el cráneo del tapir. El análisis de los caracteres seleccionados sugirió que los macrauquénidos se asemejan al alce, excepto por la presencia de grandes espacios neumáticos intracraneanos (senos paranasales), pequeños en el alce. Existe en la literatura el argumento de que los senos intracraneanos podrían favorecer la flotación de la cabeza al nadar. Sin embargo, mamíferos de grandes tallas corporales presentan casi universalmente estas cavidades, las que reducen la masa del cráneo, independientemente de la relación que tenga el animal con el medio acuático. Asimismo, resulta incierta la posibilidad

de que *Macrauchenia* haya sido semiacuático. Cabe destacar que los fósiles de esta especie fueron hallados en distintas partes del continente, incluso en regiones que fueron áridas durante el Pleistoceno. Además, los estudios de la paleohistología de los huesos largos, que brindan información sobre la paleoecología de las especies fósiles, no son conclusivos sobre la utilización del medio acuático en *Macrauchenia*. En síntesis, no hay mamífero viviente con una arquitectura craneana comparable a la de los macrauquénidos. Si bien pareciera que algún tipo de apéndice nasal habría estado presente en *Macrauchenia*, la función es aún tema de debate.

Macrauchenia en el árbol genealógico

Dada la particular combinación de caracteres morfológicos de *Macrauchenia* y de otros macrauquénidos, las interpretaciones sobre su relación de parentesco con los otros mamíferos no dejaron de ser controvertidas. El paleontólogo argentino Florentino Ameghino (1854-1911) incluso pensó a fines del siglo XIX que era un perisodáctilo (Perissodactyla), esto es, un ungulado con dígitos impares como los caballos, tapires y rinocerontes. Sin embargo,



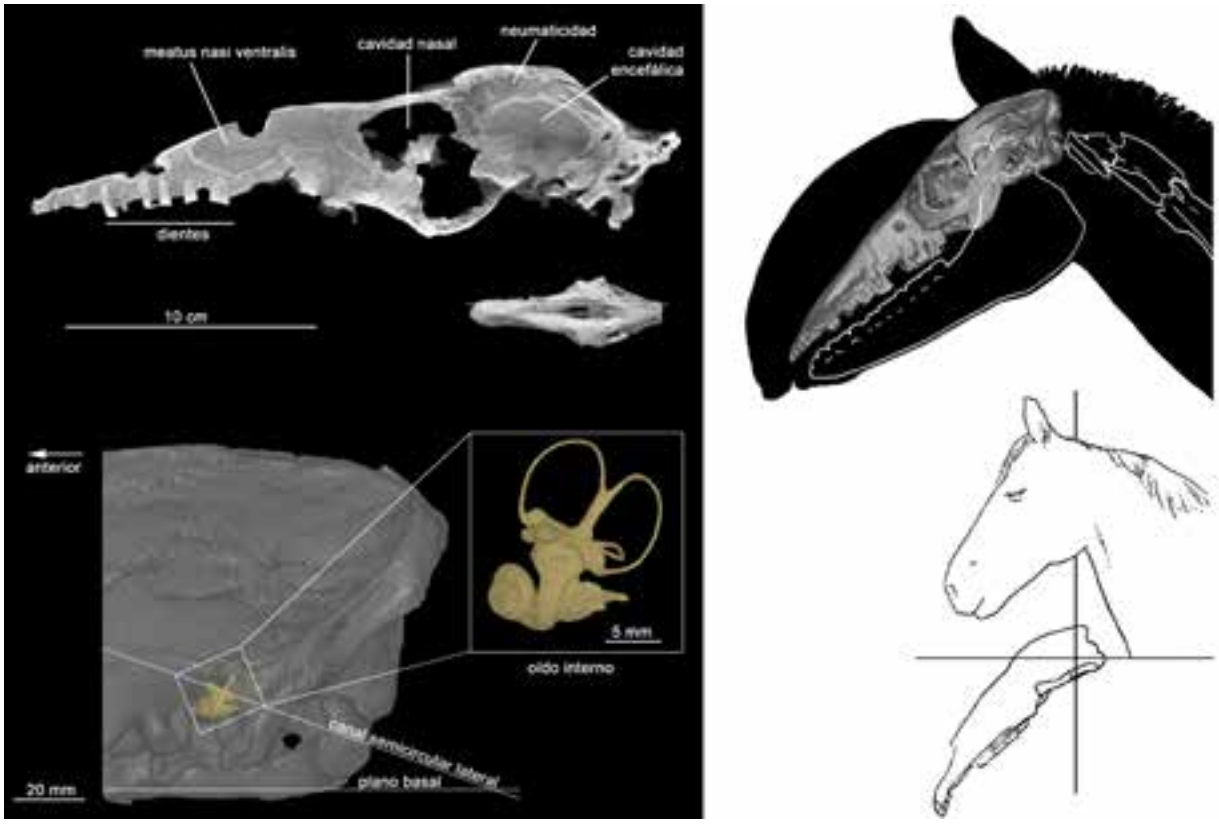
Reconstrucciones de *Macrauchenia* por varios autores, todos ellos mostrando un apéndice nasal. Obras de Paul Magne de la Croix (arriba a la izquierda y centro; 1933), Carlos Rusconi (arriba a la derecha, incluyendo la evolución de la trompa ejemplificada por varios litopternas: *Promacrauchenia, Windhausenia* y *Macrauchenia* de abajo hacia arriba; 1967), William J Holland (abajo a la izquierda; 1913) y Jorge L Blanco (abajo a la derecha; 2007).

incertidumbres sobre su posición filogenética han existido desde el primer hallazgo debido a la misteriosa arquitectura del esqueleto de la especie, hasta hace poco única evidencia sobre la cual basar las hipótesis de las relaciones de parentesco de las especies fósiles.

Las relaciones filogenéticas de *Macrauchenia* (y de otros ungulados fósiles de América del Sur, como *Toxodon*) recientemente fueron abarcadas, en 2015, por la biología molecular. El estudio de las proteínas fósiles, la *paleoproteómica*, aportó nuevas evidencias a favor de una hipótesis filogenética en particular: efectivamente, *Macrauchenia* y los otros miembros de su orden (Litopterna), junto con otros ungulados nativos de América del Sur, como los notoungulados, compartieron con los perisodáctilos una

LA TOMOGRAFÍA COMPUTADA

En la década de 1980, la tomografía computada de alta resolución (CT o μCT), utilizada en medicina e ingeniería, comenzó a aplicarse en estudios paleontológicos. En particular, el cráneo encierra y protege el cerebro, el cerebelo y el bulbo raquídeo, y posee diversas estructuras sensoriales como ojos, oídos, nariz y boca, por lo cual es una fuente de información formidable tanto para los estudios filogenéticos como para los paleobiológicos. Originalmente, algunos estudios intentaron acceder al interior del cráneo por medio de moldes naturales o moldes artificiales hechos en yeso o caucho, excepcionalmente representando reconstrucciones fieles. Al contrario, la tomografía computada es una técnica no destructiva y junto con la utilización de programas específicos de reconstrucción en 3D se logra acceder a las estructuras internas y generar modelos virtuales (por ejemplo, la reconstrucción de los huesos turbinales o del petroso) o el relleno de las cavidades (como por ejemplo de oído interno, cavidades neumáticas y cavidad encefálica) (ver Trotteyn MJ y Paulina-Carabajal A, 2018, 'Paleoneurologia', Ciencia Hoy, 27, 161: 60-64).



Tomografía computada del cráneo de *Huayqueriana* (Litopterna, Macraucheniidae) mostrando sus estructuras internas (por ejemplo, cavidad encefálica, *meatus nasi ventralis*, neumaticidad de los huesos craneanos; arriba a la izquierda). El corte de la tomografía se corresponde con aquel indicado sobre la reconstrucción del cráneo a la derecha. Los programas específicos de computación permiten realizar modelos tridimensionales de las cavidades internas, como el encéfalo o el oído interno (abajo a la izquierda). El oído interno incluye el órgano de la audición y del equilibrio. Posicionando los canales semicirculares como habrían estado en vida y con el canal semicircular en posición horizontal, se puede ajustar una posición estimada de la cabeza. Para *Huayqueriana*, la cabeza habría estado inclinada de manera similar a un caballo (derecha).

Reconstrucción de *Macrauchenia* por Robert B Horsfall, 1913.

misma rama del árbol filogenético. Este grupo en su conjunto se reconoció con el nombre de Panperissodactyla. Los litopternas y los notoungulados se habrían diferenciado de los perisodáctilos al comienzo del Cenozoico, hace más de 60 millones de años, convirtiéndose de este modo en uno de los linajes de mamíferos nativos más antiguos de América del Sur.

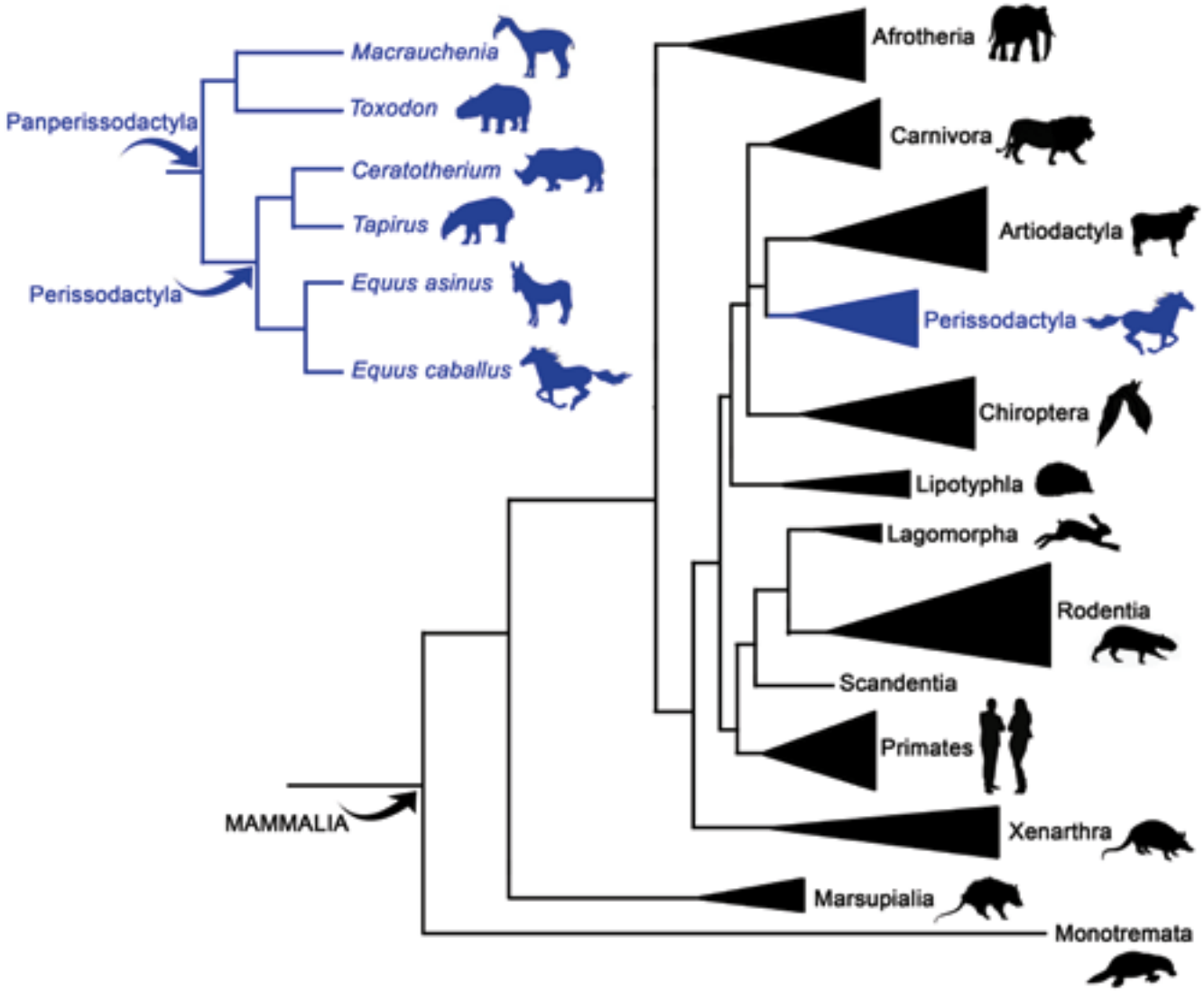
A pesar de que los resultados obtenidos a partir del estudio de las proteínas fósiles parecieran ser robustos, la ciencia siempre requiere la ratificación de las conclu-

LOS AVANCES EN LA BIOLOGÍA MOLECULAR Y LA PALEOPROTEÓMICA

La paleoproteómica es una disciplina molecular que estudia las proteínas antiguas. En años recientes nuevas tecnologías han permitido acceder a la información contenida en la materia orgánica preservada en los huesos fósiles. La proteína clave en la paleoproteómica es el colágeno. Este es la proteína más abundante de la piel y los huesos, por lo cual se convierte eventualmente en un recurso abundante en la paleontología. Forma fibras resistentes, por lo que tarda más tiempo en degradarse que el ADN. En condiciones excepcionales de preservación, como en el Ártico, el ADN sobrevive no más de 800.000 años. Sin embargo, el colágeno bajo circunstancias similares ha logrado recuperarse de los huesos de mamíferos del Plioceno (hace unos 3,8 millones de años). Por su parte, las proteínas pueden eventualmente preservarse en un espectro más amplio de ambientes que el ADN, si bien, al igual que este, la preservación de la molécula es mejor en condiciones ambientales frías o en suelos congelados. El colágeno es fácil de muestrear y la contaminación es más fácil de detectar que en los estudios de ADN. Con el estudio de las proteínas se puede obtener información genómica similar al ADN, aunque de alcance más limitado. Esto es porque el colágeno está formado por la actividad de algunos pocos genes, aunque la información es suficiente para establecer las relaciones de parentesco de grupos taxonómicos grandes, a diferencia del ADN, cuya resolución de trabajo es mayor: a nivel de género o especies o incluso poblacional o individual.

El procedimiento para extraer el colágeno del hueso involucra varios pasos. Primero se disuelve el material inorgánico del hueso. Luego se usa un espectrómetro de masas con un láser para fragmentar y clasificar los aminoácidos Y posteriormente se generan espectros que se comparan repetidas veces con el material de referencia de las especies vivientes.

La paleoproteómica es un campo nuevo de trabajo de utilidad en las disciplinas que estudian el pasado como la paleontología y la arqueología. En esta última ciencia se ha utilizado, por ejemplo, la técnica del colágeno para identificar los huesos de los animales que comían los hombres del pasado. La proteómica del colágeno y el esmalte tienen un potencial muy grande en la ciencia, más allá del área de la medicina de donde surgió.



Cladograma mostrando las relaciones de parentesco de distintos mamíferos de acuerdo con el estudio de las biomoléculas. Estos estudios recuperan el grupo de los Panperissodactyla constituido por los Perissodactyla (caballos, tapires y rinocerontes) y algunos de los ungulados fósiles de América del Sur (litopternas y notoungulados).

siones a través de otras líneas de evidencias. De este modo, un segundo estudio fue abordado en 2017, esta vez a través del estudio del ADN antiguo (ADNa). En este campo, el entomólogo George O Poinar (n. 1936) en la década de 1980 fue un pionero en intentar recuperar el ADNa de insectos fosilizados en ámbar. Aunque luego se comprobó que las secuencias obtenidas oportunamente eran el producto de contaminación, sin duda captó la atención del público general en esta disciplina, inmortalizándose en la novela *Parque Jurásico* de Michael Crichton. En este segundo estudio sobre *Macrauchenia* se logró recuperar el ADN mitocondrial (ADNmt) de un espécimen encontrado en la Patagonia chilena de hace aproximadamente 11.000 años. Es frecuente que los ambientes fríos, como las regiones con permafrost, sean las más apropiadas para la preservación del material orgánico. El ADNmt es el material genético encerrado en las organelas celulares llamadas mitocondrias, se hereda solo por vía materna y resulta de utilidad para evaluar las relaciones de parentesco de las especies. Los resultados del estudio fueron coincidentes con los esperados. El análisis del ADNa dio apoyo al grupo de los Panperissodactyla, el mismo grupo obtenido a partir de la evidencia proteínica. Es interesante destacar la coincidencia pues, a diferencia del ADNmt, las proteínas del colágeno son codificadas por el núcleo celular.

¿Qué otros problemas se podrían abordar con el estudio de las biomoléculas? Los estudios en *Macrauchenia* no están terminados. Además, existen otros grupos enigmáticos en la fauna extinguida de América del Sur

en los que resultaría de interés investigar o testear las hipótesis filogenéticas basadas en la morfología, como los perezosos extinguidos, recientemente estudiados con las mismas metodologías. El problema surge en que la mayoría de los grupos más controversiales se extinguieron antes del Pleistoceno y por lo tanto es muy difícil que contengan evidencia de ADNa o aun colágeno de calidad. Sin embargo, nuevas posibilidades de análisis están en progreso. Durante el desarrollo ontogenético y la formación del esmalte en los dientes, pequeñas cantidades de proteínas, llamadas proteínas del esmalte, quedan atrapadas en los minúsculos espacios interprismáticos. Estas podrían ser sujetas a análisis y la razón del interés es que se encuentran mejor protegidas de las influencias ambientales que el colágeno de los huesos. El esmalte es el tejido más duro y mineralizado del cuerpo, con el 97% de su estructura correspondiente al mineral hidroxiapatita. Por el contrario, el hueso es mucho más poroso y permite el ingreso del agua al interior de la estructura, lo que acelera el proceso de degradación del material orgánico. Los ensayos continúan, en conjunto con los perfeccionamientos en las técnicas y los programas de análisis, esperando el éxito en un futuro próximo.

En síntesis, los avances de la biología molecular aportan nuevas herramientas y metodologías de análisis con un enorme potencial para reconstruir las relaciones de parentesco de los distintos vertebrados, incluyendo las especies extinguidas, como la enigmática *Macrauchenia*, contrastar las hipótesis previas e intentar comprender de este modo la compleja historia evolutiva de los mamíferos fósiles de América del Sur. CH

LECTURAS SUGERIDAS

DELSUC F *et al.*, 2019, 'Ancient mitogenomes reveal the evolutionary history and biogeography of sloths', *Current Biology*, 29: P2031-2042.

FORASIEPI AM, MACPHEE RDE, HERNÁNDEZ DEL PINO S, SCHMIDT GI, AMSON E & GROHÉ C, 2016, 'Exceptional skull of *Huayqueriana* (Mammalia, Litopterna, Macraucheniidae) from the Late Miocene of Argentina: Anatomy, systematics, and paleobiological implications', *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 404: 1-76.

FORASIEPI AM, MARTINELLI AG Y BLANCO JL, 2007, *Bestiario fósil: mamíferos del Pleistoceno de la Argentina*, Albatros, Buenos Aires.

MOYANO SR y GIANNINI NP, 2017, 'Comparative cranial ontogeny of *Tapirus* (Mammalia: Perissodactyla: Tapiridae)', *Journal of Anatomy,* 231: 665-682.

PRESSLEE S *et al.*, 2019, 'Palaeoproteomics resolves sloth relationships', *Nature Ecology and Evolution*, 3: 1121-1130.

WESTBURY M *et al.*, 2017, 'A mitogenomic timetree for Darwin's enigmatic South American mammal *Macrauchenia patachonica*', *Nature Communications*, 8: 15951.

Analía M Forasiepi
Doctor (PhD) en ciencias, Universidad de Louisville, Estados Unidos.
Investigadora independiente en el IANIGLA, Conicet.
borhyaena@hotmail.com

Agustín G Martinelli
Doctor en ciencias, UFRGS, Brasil.
Investigador adjunto en el MACN-Conicet.
agustin_martinelli@yahoo.com.ar

Ross DE MacPhee
Doctor (PhD) en ciencias, Universidad de Alberta, Canadá.
Curador del Departamento de Mamíferos del Museo Americano de Historia Natural, Nueva York, Estados Unidos.
macphee@amnh.org

Mariana Koppmann
Bioquímica/Consultora independiente

Haciendo pan moderno a la antigua

Cualquiera de nosotros disfruta comiendo un poco de pan. Este alimento es una de las piedras fundamentales de nuestra civilización desde hace muchísimo tiempo. Hay evidencias que sugieren que, ya en el Neolítico, se producía un tipo particular de pan que ayudaba a la preparación de cerveza. Además, ya por el año 3000 a.C. en Egipto e Irak se producía y consumía pan (y cerveza) a gran escala. Una importante diferencia entre estos panes y los que podemos comprar en la actualidad en una panadería está en la utilización de levaduras obtenidas de manera industrial y en el tipo de trigo del que se obtiene la harina. Sin embargo, no serán así los panes que vamos a aprender a preparar hoy. Haremos panes modernos a la antigua, utilizando una levadura casera llamada masa madre (ver Koppmann M, 2020, 'Masa madre: de la antigüedad a la modernidad', Ciencia Hoy, 172: 29). En la elaboración de panes de masa madre (o panes con baja cantidad de levadura) y alta hidratación, los tiempos entre cada etapa son mucho más largos que en la elaboración de un pan tradicional. Así como el tiempo es un ingrediente importante en la preparación de la masa madre, también lo será en la preparación de panes utilizando esta levadura casera.

Un componente central en la preparación es la harina, que se logra como molienda de diferentes tipos de cereales. La harina de trigo es la que nos ocupa hoy. Si bien la asociamos siempre con la presencia de carbohidratos (mayoritariamente un polisacárido de glucosa, almidón), la harina también contiene proteínas, vitaminas, lípidos o grasas (si se muele el grano sin sacar la cáscara y el germen) y sales minerales. Aunque todos son importantes en marcar el sabor final, dos de esos componentes juegan un papel clave en la elaboración de pan: las proteínas y los carbohidratos. Es por eso que las harinas se clasifican en la Argentina con ceros, donde a más ceros, menos proteínas. Vamos a ver en cada paso de la preparación del pan qué papel juegan estas proteínas y por qué son tan relevantes.

¿DE QUÉ SE TRATA?

Una aproximación científica a la producción de pan, paso a paso, a partir de masa madre.

Hidratación

La cantidad de agua que se utiliza en la preparación de un pan es muy importante, ya que masas muy húmedas harán más difícil su manejo. En un pan tradicional (que se realiza con levadura industrial) la cantidad de agua que se usa por kilo de harina es aproximadamente entre 500 y 600ml. Sin embargo, en los panes de alta hidratación se utiliza generalmente al menos unos 700ml de agua por kilo de harina. Un punto importante aquí es que por lo general en las recetas de panadería se tiende a expresar todos los ingredientes en peso, aunque se trate de ingredientes líquidos como el agua. Esto se debe a que es más preciso utilizar una balanza casera para medir 700g de agua que 700ml en un vaso medidor. En ese sentido, y considerando que la densidad del agua es de aproximadamente 1g/ml, podemos fácilmente convertir entre el peso del agua (gramos) y su volumen (mililitros).

Porcentaje panadero

Aquellos que ya han empezado a incursionar en el mundo de los panes de masa madre habrán notado que las recetas se expresan como porcentaje, el famoso porcentaje panadero. Este sistema de medición es capaz de volver loco a cualquiera, ya que la suma de todos los componentes no da 100%. Esto, que parece completamente irracional, se debe a que el porcentaje panadero se calcula utilizando el peso total de harina a utilizar en la receta como el 100%, y el resto de los ingredientes se calculan en función del peso de harina total de la receta. Es importante mirar con detalle y entender cómo se calcula este porcentaje, ya que es una herramienta muy útil que permitirá elaborar diferentes panes, así como comparar múltiples recetas entre sí.

Ejemplo de porcentaje panadero para un pan clásico de masa madre:

Harina (todas las harinas a utilizar) 100%
Agua (hidratación) 70%
Masa madre 20%
Sal 2%

Utilizando esta fórmula base podremos escalar (aumentar o reducir) los ingredientes para realizar panes de distintos tamaños.

Para preparar una masa de un kilo (esto se refiere al peso final de la masa cuando se han mezclado todos los ingredientes) y con dos tipos de harinas diferentes utilizaremos el siguiente porcentaje panadero:

Fórmula para una masa de un kilo
85% harina 000 (442g)
15% harina integral de trigo (78g)
20% masa madre (104g)
2% sal (10g)
70% agua (364g)

Con la fórmula es sencillo comparar recetas. Así podremos evaluar calidades de harinas o cualquier cambio en la receta y evitaremos la confusión que se generaría al indicar los gramos de cada ingrediente.

Si quisiéramos hacer un pan de mayor tamaño (1kg de harina total representando nuestro 100%) utilizando la misma fórmula, obtendríamos los siguientes valores de los ingredientes:

85% harina 000 = 850g
15% harina integral = 150g

70% de agua serán 700g de agua
2% de sal serán 20g de sal
20% de masa madre serán 200g

Distintas etapas en la elaboración de un pan de masa madre

Como en toda receta, es importante seguir los pasos de manera sistemática. Esto nos permitirá, con la experiencia, lograr resolver diversos problemas para obtener panes a nuestro gusto. Al igual que con la preparación de nuestra masa madre, uno de los ingredientes más importantes para poder hornear panes es el tiempo. Para explicar más claramente los diferentes cambios fisicoquímicos que ocurren en la masa mientras preparamos nuestro pan hemos divido todo el proceso en las siguientes etapas:

Activación de la masa madre
Autólisis
Amasado
Fermentación en bloque y pliegues
Formado del pan
Fermentación final
Horneado

Lo primero que tendremos que hacer para empezar nuestro pan de masa madre es confirmar que tenemos suficiente masa madre bien activa para poder realizarlo (ver Koppmann M, 2013, 'La masa del pan', Ciencia Hoy, 131: 45). Una vez que tenemos suficiente masa madre para realizar nuestra receta, procedemos a pesar todos los ingredientes.

Autólisis

Lo primero que haremos es dispersar nuestra masa madre en agua. Después debemos incorporar completamente la harina a utilizar. Es importante lograr una masa bien homogénea, sin harina seca. Utilizar un recipiente de buen tamaño facilita la integración de los ingredientes. En esta primera etapa no se debe amasar. Luego de tener todo bien integrado, dejamos descansar el bollo tapado unos 45 a 60 minutos.

Uno de los principales objetivos al mezclar todos los ingredientes junto con el agua es, justamente, lograr una correcta hidratación de las proteínas presentes en la harina. Algunas de estas proteínas, como las gliadinas y gluteninas, al hidratarse forman el gluten, una red proteica que no se encuentra en la harina seca y será clave para darle forma y estructura al pan. Inicialmente, parece un engrudo que se va transformando, a medida que ocurre la autólisis, en una masa.

¿Pero qué sucede químicamente durante la autólisis? Además de formarse la red que proporciona el gluten, clave para la elasticidad de la masa, el agregado de agua también produce la hidratación de enzimas, proteínas con capacidad de acelerar los procesos bioquímicos. En este sentido, las estrellas de la autólisis son las amilasas y las proteasas. Mientras que estas últimas, como su nombre lo indica, cortan proteínas (y en especial el gluten formado, permitiendo que esta red pierda tensión y sea más extensible), las amilasas degradan (*lisis*: romper, cortar) el almidón presente en la harina. De este modo, el polisacárido es transformado en carbohidratos más simples (como maltosa y glucosa), que servirán de alimento a los microorganismos presentes en la masa, produciendo la fermentación.

Este paso en el cual no hace falta la intervención del panadero ahorra tiempo de amasado y pliegues. Esto se debe a que durante la autólisis se da tiempo para que la red de gluten se forme y reestructure por efecto de las enzimas sin nuestra intervención, es decir, sin amasar.

Amasado

Una vez terminada la autólisis, agregamos la sal (que inactiva las proteasas) y comenzamos el amasado durante unos 3-4 minutos a mano, dentro de un recipiente. En algunos casos tener la sal disuelta en un poco de agua puede ayudar a su integración. Para ello podemos 'guardar' una cucharada del agua pesada inicialmente para disolver la sal. Durante el amasado lo que queremos lograr es comenzar a desarrollar bien la red de gluten. Nos daremos cuenta de que lo estamos logrando porque la masa empieza a tensarse y oponer resistencia a nuestro amasado. Los movimientos que realizamos ponen en contacto zonas de la masa antes inconexas, causando que las proteínas se asocien entre sí ayudando a reformar la red de gluten. Esta red proteica es fundamental para retener los gases que son liberados como producto de la fermentación y permitir que la masa incremente su volumen, formando el pan.

Fermentación en bloque y pliegues

Después de amasar por unos pocos minutos, cubrimos nuestra masa y comienza la etapa llamada fermentación en bloque o primera fermentación. Es durante este proceso cuando las levaduras transforman la maltosa y glucosa generadas a partir del almidón en CO_2 y etanol, gases que se liberan aumentando el volumen y la esponjosidad de la masa. Además, y cuando utilizamos masa madre (y no levaduras industriales), la presencia de bacterias lácticas (como lactobacilos) aporta un segundo tipo de fermentación, denominada fermentación láctica, que genera una cierta acidez en la masa dando origen a aromas y sabores distintivos.

Se la llama fermentación en bloque ya que implica a toda nuestra masa y habitualmente demorará unas 3-4 horas, dependiendo de la temperatura ambiente. Al igual que con la masa madre, la temperatura es un factor importante ya que altera la velocidad de los procesos fermentativos que tienen lugar durante la preparación de nuestro pan. La temperatura ideal es 24-26ºC; a menor temperatura la fermentación tardará más y a mayor, será más rápida. Durante la fermentación es importante cubrir la masa para que no se seque y permanezca plástica.

Mientras ocurre todo esto, deberemos realizar, espaciados por 30 minutos, tres pliegues a la masa (en algunos casos puede ser necesario realizar más pliegues). Cada pliegue se realiza tomando con cuidado un lado del bollo y estirándolo hacia afuera y plegándolo sobre sí mismo, luego se gira la masa y se repite el procedimiento en cada uno de los lados. Una vez que realizamos esto en los 'cuatro' lados de nuestro bollo, hemos terminado lo que denominamos un pliegue. El proceso de plegado también tiene una razón química: permite poner en contacto zonas alejadas de la masa y seguir así desarrollando la trama de gluten, con la segunda ventaja de incorporar aire a la masa. Esto es importante ya que en estos microespacios aireados es donde fácilmente se producirá gas durante la fermentación y también vapor durante la cocción del pan, generando las burbujas en su interior, denominado 'alveolado' final.

Luego se deja reposar la masa tapada unas dos horas más, completando el tiempo de la fermentación en bloque que se inició luego del amasado. Al finalizar este período, la masa debe estar levada, es decir, debe haber aumentado su volumen. Si no lo está, debemos esperar a que lo haga. Es posible que los tiempos de todos estos procesos sean variables, de acuerdo con la temperatura de nuestro ambiente y la actividad inicial que tenga nuestra masa madre. Por lo tanto, es importante prestar mucha atención a cómo se comporta la masa para determinar si es momento de avanzar en las distintas etapas de nuestro pan.

Formado

Una vez terminada la fermentación en bloque, estamos en condiciones de formar nuestro pan. Para ello, pasamos a desmoldar el bollo y colocarlo sobre una mesada levemente enharinada para hacer el formado o bollado del pan. Es muy importante no desgasificar nuestra masa, por lo que todo este proceso de formado del pan debe ser realizado con mucho cuidado. Primero estiramos la masa y la vamos plegando sobre sí misma, formando un bollo. Damos vuelta el bollo y, con ayuda de nuestras manos, le iremos dando forma redonda. Cubrimos nuestro bollo formado con una capa de harina y lo pasamos a un recipiente con trapo de lino (o repasador de algodón) enharinados. Lo ideal para esta parte del proceso es usar harina de arroz, ya que evita que durante la fermentación final el pan se quede pegado a la tela. Durante todas estas etapas se sigue formando la trama de gluten. Por lo tanto, al no desgasificar nuestra masa podremos obtener alvéolos grandes en la miga final del pan, siempre y cuando la hidratación y el porcentaje de proteínas de la harina lo posibiliten. Cada vez que se realiza un pliegue o se da forma a la masa, se genera una nueva tensión en ella; por esta razón, los descansos entre cada una de las distintas etapas son importantes, ya que permiten un adecuado levado.

Fermentación final

Hemos llegado a la fermentación final. Esta última etapa antes del horneado puede llevar, a temperatura am-

biente, unas dos o tres horas. Lo que estamos buscando es que nuestro pan formado llegue al 75% del volumen final, ese es el momento ideal para hornearlo. Esta es una excelente ocasión para poner nuestro pan en la heladera para hacer que la fermentación final sea más lenta y lograr acomodar el horneado a nuestros horarios. Además de esta razón práctica, reducir la temperatura extendiendo la duración de este proceso tiene otras ventajas: el crecimiento microbiano es mucho más lento a la temperatura de una heladera (aproximadamente 4-6ºC). Esta baja temperatura causa que los microorganismos crezcan de manera menos eficiente, dando lugar a fermentaciones más largas e incompletas y generando sustancias de 'desecho' que le darán a nuestra masa un aroma característico.

Horneado

Una vez que nuestro pan está suficientemente fermentado, podemos hornearlo. Una forma simple para saber si está listo para ser horneado es probar cuan elástica esta nuestra masa: hundiendo un dedo levemente, veremos cuánto demora en volver a su estado original. Si la masa vuelve muy rápidamente y es todavía muy elástica, quiere decir que todavía le falta tiempo. Por otro lado, si demora más en volver a su estado original, podemos confirmar que está listo para ser horneado. Con práctica en la preparación de panes lograremos encontrar fácilmente el punto adecuado.

Una vez que nuestro pan está listo, debemos precalentar el horno fuerte (aproximadamente 250ºC) por 45 minutos. Para lograr que se genere la característica oreja en la corteza (costra que se abre por sobre la superficie del pan) debemos realizar un corte en la superficie del pan antes de meterlo en el horno. Este corte sirve para orientar la apertura y que el pan no se abra o reviente por el lugar donde la trama de gluten es más débil. Este corte de 1cm de profundidad aproximadamente orientado a 45° en la superficie del pan (greñado) puede ser realizado con una navaja de afeitar.

Para que el pan se abra bien durante el horneado, pero sobre todo para obtener una buena corteza, es necesario hornear con vapor durante los primeros minutos. En este sentido, y para lograr suficiente vapor, es necesario tener humedad en el horno, lo que se logra mediante el agregado de una pequeña bandeja u olla en la base del horno en la que vertemos una taza de agua hirviendo al momento de meter el pan. Esto generará una importante nube de vapor de manera instantánea. Otra forma es utilizar una olla (de hierro, de aluminio o inclusive de vidrio) con tapa, que calentamos previamente y en la que desmoldaremos nuestro pan; también se pueden usar bolsas de cocción en horno (tener en cuenta hasta qué temperatura soportan) o un envoltorio de papel aluminio. Al meter al horno esta olla tapada lograremos que el mismo vapor que libera la masa al hornearse nos ayude a hacerla crecer. Cuando utilizamos este método, debemos mantener la olla tapada durante los primeros 15 minutos, luego la destapamos y continuamos horneando nuestro pan por otros 15 minutos más.

Durante el horneado se debe lograr un equilibrio entre la duración y la temperatura del horno de manera de lograr una costra crocante pero no quemada, un levado adecuado y en el que la miga se haya cocinado completamente. Este sabroso equilibrio depende nuevamente de las reacciones en danza: durante una buena parte del tiempo que el pan se encuentra en el horno, la masa en su interior sigue creciendo. La temperatura aumenta, los microorganismos fermentan más rápido con la consecuente generación de gases y expansión del pan, hasta que se alcanza una temperatura tan alta que los microorganismos mueren. La presencia de vapor en los primeros minutos del horneado es clave para lograr una buena expansión, ya que el vapor de agua se expande en las miniceldas de aire y dióxido de carbono presentes en la masa del pan.

Una vez transcurridos los primeros 15 minutos con vapor, se continúa la cocción sin vapor. Además, durante todo este proceso, el almidón que no se degradó se hidrata, es decir, se gelatiniza perdiendo su estructura cristalina. Asimismo, las proteínas que forman el gluten también sufren cambios por el efecto de la temperatura, y junto con el gelatinizado y la posterior gelificación que sufre el almidón al enfriarse, serán los responsables de mantener la forma del pan luego de la cocción. La desecación de la superficie del pan en ausencia de vapor generará la costra crujiente que tanto gusta, y se coloreará debido a la reacción de Maillard (ver Rossi JP, 2015, 'Combinación de sabores', Ciencia Hoy, 142: 24). Esta reacción permite la generación de compuestos aromáticos y da el característico color dorado. Una vez que nuestro pan se encuentra completamente horneado debemos sacarlo y dejarlo enfriar para que la miga termine de estabilizarse. Y finalmente, ya frío, podremos cortarlo y escuchar ese sonido tan característico de una buena corteza, observar los hermosos alvéolos y disfrutar un delicioso pan. CH

LECTURA SUGERIDA

GARRIGA RAMÓN Y KOPPMANN MARIANA, 2019, *Masa madre: pan con sabor a pan*, Grijalbo, Buenos Aires.

Mariana Koppmann
Bioquímica, Facultad de Farmacia y Bioquímica, UBA.
Miembro del Board Science & Cooking World Congress.
Revisora del *International Journal of Gastronomy and Food Science.*
marianakoppmann@gmail.com

NOTICIAS INSTITUCIONALES

Matemática del CONICET: Premio Internacional L'Oréal-UNESCO "Por las Mujeres en la Ciencia"

Se trata de Alicia Dickenstein, reconocida por su contribución fundamental a la geometría algebraica y sus aplicaciones. Es la primera matemática argentina en ganar el Premio.

Alicia Dickenstein, Investigadora Superior del Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) en el Instituto de Investigaciones Matemáticas "Luis A. Santalo" (IMAS, CONICET-UBA), fue distinguida con el premio internacional L'Oréal-UNESCO "Por las Mujeres en la Ciencia" por su aporte fundamental a la geometría algebraica y aplicaciones. Teniendo en cuenta el certamen de este año, Argentina ha obtenido 9 científicas reconocidas en el premio internacional de ediciones anteriores: 7 laureadas y 2 en la categoría Rising Talent. De esta manera, Argentina se convierte en el país de Latinoamérica en tener la mayor cantidad de científicas ganadoras del Premio internacional L'Oréal-UNESCO.

"Cuando me enteré, me puse muy feliz y agradecida por tener este reconocimiento internacional, en particular porque es difícil apreciar el trabajo matemático para un público general. Espero que este Premio ayude a que las niñas y adolescentes se enteren de que esta carrera existe, que es muy creativa, que está cada vez más relacionada con otras ciencias y que por lo tanto, las estimule a estudiar matemática", expresa la doctora en Ciencias Matemáticas por la Universidad de Buenos Aires (UBA).

Dickenstein ha trabajado en distintas áreas de la geometría algebraica y sus aplicaciones. Uno de los temas que abordó desde distintos aspectos es el estudio de los llamados "discriminantes", que permiten detectar "singularidades", que son puntos donde una superficie o una trayectoria no son "suaves" sino que presentan ángulos, cúspides, etc. "Es importante detectar estas singularidades porque son fuente de nuevos comportamientos. En general, un brazo robótico debe evitarlas porque podría quebrarse. Una de las aplicaciones en las que me he concentrado en los últimos años es en el estudio de la estructura de redes bioquímicas de señalización celular, como las cascadas enzimáticas, con herramientas de álgebra y geometría. Por ejemplo, detectamos una estructura común en redes diversas, que denominamos redes MESSI, y sobre las cuales es posible demostrar teoremas generales acerca de su comportamiento", explica la investigadora.

Actualmente, Dickenstein también se desempeña como Profesora Titular plenaria en la Facultad de Cs. Exactas y Naturales de la UBA, es Académica en la Academia Nacional de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales de Argentina (ANCEFN), y desde 2020 de la Academia Nacional de Ciencias de Argentina (ANC).

Además de sus múltiples actividades que se dividen entre la docencia y la investigación en Argentina y diversos países del exterior, en 1996, Alicia se convirtió en la primera directora mujer del Departamento de Matemática de la Facultad de Ciencias Exactas y Naturales de la UBA, cargo que desempeñó hasta febrero de 1998. A lo largo de su carrera, su trayectoria fue reconocida con premios y distinciones, entre los que se destaca el cargo de Vicepresidenta de la Unión Matemática Internacional (IMU, por su sigla en inglés) desde 2015 hasta 2018, un organismo históricamente dominado por hombres.

Dentro de las diversas publicaciones -además de los artículos científicos en revistas de alto impacto- se destacan los libros "Matemax, English + Spanish Edition", "Pensar con Matemática 4, 5 y 6" y "Matemax, La Matemática en todas partes", destinados a la enseñanza de la matemática para niños de entre 9 y 14 años.

Alicia Dickenstein es Fellow de la Society for Industrial and Applied Mathematics, Fellow de la American Mathematical Society, Doctora Honoris Causa del Royal Institute of Technology de Suecia y de la Universidad Nacional del Sur (UNS), Argentina, obtuvo el Premio Consagración en Matemática de la ANCEFN en 2017 y el Premio Internacional de la Academia Mundial de Ciencias (TWAS, por la sigla en inglés de The World Academy of Science) 2015 en Matemática.

Alicia Dickenstein. Foto gentileza: Premio Internacional L'Oréal-UNESCO "Por las Mujeres en la Ciencia".

Desde 1998, el programa L'Oréal-UNESCO "Por las Mujeres en la Ciencia" ha reconocido y celebrado a eminentes mujeres en la ciencia en todo el mundo. El Premio Internacional L'Oréal-UNESCO "Por las Mujeres en la Ciencia" se entrega a cinco científicas sobresalientes de todo el mundo, y se otorgan en años alternos a mujeres investigadoras en el área de Ciencias de la Vida y en Ciencias físicas, Matemáticas e Informática. Las cinco ganadoras de la 23ª Edición son: Alicia Dickenstein por América Latina; Catherine Ngila por África y Estados Árabes; Kyoko Nozaki por Asia – Pacífico; Shafi Goldwasser por América del Norte y Françoise Combes por Europa.

En Argentina, la edición nacional del Premio L'Oreal –UNESCO "Por las Mujeres en la Ciencia" se lleva a cabo desde hace 15 años en colaboración con el CONICET y ya ha reconocido a 42 mujeres científicas de provincias y ciudades de todo el país. ■

DIVULGACIÓN CIENTÍFICA

Hallan el megaterio más antiguo de Argentina

El fósil fue encontrado en la orilla de San Eduardo del Mar, cerca de Miramar, localidad a cuyo Museo fue trasladado el cráneo.

Por **Lautaro Massa**. CONICET Santa Fe.

Reconstrucción realizada por Sebastián Rozadilla.

El trabajo de investigación lo desarrolló un equipo en el que participa Diego Brandoni, investigador del CONICET con sede en el Laboratorio de Paleontología de Vertebrados del Centro de Investigación Científica y de Transferencia Tecnológica a la Producción (CICYTTP), en la localidad de Diamante, provincia de Entre Ríos. El estudio fue publicado en la revista científica *Journal of South American Earth Sciences*.

El megaterio fue un enorme perezoso terrestre que alcanzó los 5 metros de longitud y las 6 toneladas de peso. De hocico estrecho, se considera que tenía una larga lengua con la que podía arrancar las ramas vegetales que constituían su alimento, aunque por lo enorme de sus garras, algunos especialistas creen que podría haber sido carnívoro, valiéndose de estas para apuñalar a sus presas.

Sus grandes garras, sumado a su particular fisonomía y su tamaño descomunal, hacen del megaterio un animal misterioso que ha despertado especial interés en el mundo científico. Algunos especialistas sostienen que pudo haber sido enteramente pelado, como los elefantes y los rinocerontes, y no con pelo como sus descendientes actuales, los conocidos perezosos.

Según explica Brandoni, "resultó sumamente asombroso que el cráneo de megaterio hallado, en muy buen estado de conservación y perteneciente a un ejemplar juvenil, tenga una antigüedad cercana a los tres millones y medio de años, lo que cual lo sitúa en el Plioceno de nuestra Región Pampeana. Los fósiles de Megatherium son comunes en casi todo el territorio argentino pero esta es la primera vez que se encuentran restos tan antiguos, sólo comparables a los de un hallazgo realizado en Bolivia hace algunos años".

El *Megatherium*, género extinto de mamíferos, fue descubierto por primera vez a fines del siglo XVIII. A partir de allí, hubo muchos hallazgos que permiten considerar que este enorme perezoso terrestre habitó América del Sur hasta hace unos 10.000 años, época en que la que quedó definitivamente extinguido, especialmente por la acción de los cazadores.

En el contexto de los conocimientos disponibles, según Brandoni, "este descubrimiento de un megaterio tan antiguo en las planicies pampeanas nos revela que la historia de estos enormes perezosos es poco conocida y, muy probablemente, sea mucho más compleja de lo que se cree. Este hallazgo abre otra perspectiva sobre los megaterios en nuestro suelo".

Mientras el cráneo de *Megatherium* encontrado descansa entre las colecciones del Museo de Miramar, los científicos del grupo siguen investigando a la luz de este nuevo hallazgo, entre ellos Brandoni, que realiza sus actividades científicas junto a otros investigadores y becarios del Laboratorio de Paleontología de Vertebrados del CICYTTP. Principalmente, estudian la distribución geográfica y cronológica de distintos grupos de vertebrados -especialmente las faunas de Neógeno y del Cuaternario del área Mesopotámica argentina-, y su vinculación con otras asociaciones faunísticas de Argentina y América del Sur. ■

El estudio fue resultado del esfuerzo interdisciplinario entre investigadores pertenecientes a diversas instituciones: Fundación Azara, Museo de Ciencias Naturales de Miramar, laboratorio LACEV del Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia", Centro de Geología de Costas y Cuaternario de la UNMDP y Centro de Investigación Científica y de Transferencia Tecnológica a la Producción (CICYTTP).

Referencia bibliográfica

Chimento, N. R., Agnolin, F. L., Brandoni, D., Boh, D., Magnussen, M., De Cianni, F. e Isla, F. A new record of Megatherium (Folivora, Megatheriidae) in the late Pliocene of the Pampean region (Argentina). *Journal of South American Earth Sciences*, 102950.

CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES

El hallazgo de un nuevo dinosaurio herbívoro de Patagonia allana el camino sobre el origen de los titanosaurios

El estudio fue liderado por el investigador del CONICET Pablo Gallina y se publicó en la revista de paleontología Ameghiniana.

Los dinosaurios saurópodos fueron grandes herbívoros de cuello y cola larga que habitaron todos los continentes durante más de 145 millones años, en la era Mesozoica (desde finales del Triásico, hace 210 millones de años atrás, hasta fines del Cretácico, unos 65 millones de años atrás). Particularmente, un grupo de saurópodos conocidos como los titanosaurios, está bien representado por numerosos hallazgos realizados en nuestro país desde fines del siglo XIX, e incluye a las especies de mayor tamaño que hayan pisado la Tierra. Ejemplos de este tipo de dinsaurios son el Argentinosaurus, hallado en Neuquén, el Patagotitan de la provincia de Chubut, o el Notocolossus proveniente de Mendoza.

Si bien se sabe bastante sobre la diversidad del grupo en cuanto a formas y tamaños, riqueza de especies (que año tras año se va incrementando con nuevos hallazgos) y distribución geográfica de acuerdo al lugar de los hallazgos y las ubicación de los continentes para su época, poco se sabía hasta ahora de su origen. Es decir: dónde y cuándo los titanosaurios se separaron de otros grupos de saurópodos y pasaron a ser un linaje independiente. El hallazgo de Ninjatitan zapatai, que son los restos más antiguos del grupo de los titanosaurios, permite por primera vez dar sustento a las ideas que se tenían de un origen sudamericano para este grupo particular de dinosaurios saurópodos a comienzos del Cretácico. El trabajo fue publicado en el último número de la revista científica de paleontología Ameghiniana; la revista científica mejor rankeada de nuestro país y segunda de paleontología en toda Latinoamérica.

El hallazgo fue posible por el apoyo de instituciones como la Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica, la Fundación Azara, la Municipalidad de Villa El Chocón y National Geographic Society.

"Este hallazgo nos permite reforzar la idea de que los titanosaurios aparecieron en Sudamerica. Se pensaba que podrían haber apareci-

Reconstrucción en vida por Jorge A. González/ Fotos: gentileza Fundación Azara.

do por primera vez ahí, pero no había evidencia real, con fósiles, para demostrarlo. Este hallazgo le da mayor sustento a esta teoría", señala Pablo Gallina, paleontólogo del CONICET del Área de Paleontología de la Fundación Azara y la Universidad Maimónides y primer autor del paper. "Al mismo tiempo –agrega- abre el panorama para el reestudio y reanálisis de la biogeografía del grupo de los titanosaurios. Nos permite abordar desde otra perspectiva el origen y las relaciones con sus parientes mas cercanos. Y cómo, luego, estos titanosaurios llegaron a otros continentes y partes del mundo".

Hasta el momento, todo el registro fósil que se tenía sobre los titanosaurios provenía de rocas cretácicas de diversos lugares del mundo, y principalmente de lo que se conoce como el Cretácico Superior (entre los 100 y los 65 millones de años antes del presente). Sólo unos pocos titanosaurios son más antiguos y están registrados en la última parte del Cretácico inferior (hace unos 110 millones de años atrás aproximadamente). Si bien existían algunos fósiles que muestran posibles afinidades con los titanosaurios aún más antiguos, o sea de la parte baja del Cretácico inferior, la información es bastante escasa y también discutida.

En los últimos años, distintos estudios han postulados que el origen de este grupo particular de saurópodos habría sido en los comienzos del Cretácico (aproximadamente hace 140 millones de años) y en algún lugar de Sudamérica. Sin embargo, hasta ahora, estas hipótesis no contaban con un sustento evidente en base a evidencia fósil, sino que eran resultados de estudios teóricos con modelos estadísticos.

Pues bien: sobre el valle medio del río Limay, en la Patagonia Norte, entre las localidades Picún Leufú y Piedra del Águila, se encuentran vastos afloramientos de la Formación geológica conocida como Bajada Colorada. Allí, desde el año 2010, Gallina y Juan Canale, investigador del CONICET en el Laboratorio de Investigación del Museo Municipal "Ernesto Bachmann", de Villa El Chocón, Neuquén, vienen trabajando, junto a sus equipos de trabajo, en diversos hallazgos que incluyen tanto dinosaurios herbívoros de cuello largo como carnívoros de diversos tamaños, que datan de principios del Cretácico, hace alrededor de 140 millones de años atrás.

En el año 2014, Jonatan Aroca, técnico del Museo Municipal "Ernesto Bachmann" encontró los primeros restos de un nuevo dinosaurio al pie de una barda rocosa. Allí se reconoció la escápula como primer hueso evidente, la cual se extrajo. Una vez extraídos los materiales y luego de ser preparados y limpiados técnicamente en el laboratorio del Museo choconense, pudo determinarse que se trataba de una nueva especie de saurópodo titanosaurio.

Los resultados del estudio de los restos indican que, efectivamente, se trata de una nueva especie, que fue nombrada como Ninjatitan zapatai. El nombre propuesto hace alusión a dos personas relacionadas al trabajo: el paleontólogo del CONICET Sebastián Apesteguía, cuyo sobrenombre es "ninja", y el técnico Rogelio Zapata, del Museo "Ernesto Bachmann" de Villa El Chocón.

"Este hallazgo tiene algo especial porque fue dedicado a dos personas muy especiales para mí –indica Gallina-. A Sebastián Apesteguía, porque fue quien pensó en ir a buscar a Bajada Colorada restos de vertebrados, en una edad del Cretácito Inferior del cual se desconocía mucho. Él siempre quería enfocarse en ese tiempo para analizar la evolución de los grupos que vivían allí, en el Cretácito inferior. Lideró las primeras campañas y luego siguió trabajando en otras localidades, pero gentilmente nos cedió el liderazgo de las investigaciones allí desde 2014. Y tambien, el caso de dedicárselo a Rogelio Zapata, surgió por su labor como técnico del Museo del Chocón, en donde se preparó este dinosaurio. Rogelio trabaja desde que se fundó ese museo, a mediados de los 90. A lo largo de estos años también estuvo en otros descubrimientos junto al equipo de paleontólogos, permanentemente trabaja en los trabajos de campo, en limpieza de los fósiles, y tiene amplia trayectoria en el trabajo como técnico".

El material analizado de este nuevo dinosaurio incluye tres vértebras (dos del lomo y una del comienzo de la cola), una escápula (omóplato), un fragmento del fémur y una fíbula (peroné).

En adelante, el trabajo de Gallina y su equipo continuará no solo en la línea de estudio de los titanosaurios: "En esta localidad hay una fauna muy interesante de dinosaurios saurópodos y terópodos, de distintos grupos. En el Cretácito Inferior había una fauna de dinosaurios que recién estamos empezando a conocer, y que poco se sabe acá y en otras partes del mundo. Esta localidad es muy importante en este sentido, y seguiremos trabajando para conocer más sobre esa fauna tan diversa", concluyó Gallina. ■

Referencia bibliográfica

Gallina, P. A., Canale, J. I., & Carballido, J. L. (2021). 'The earliest known titanosaur sauropod dinosaur'. *Ameghiniana*, 58(1), 35–51.

Daniel Lauretta
Museo Argentino de Ciencias Naturales
Bernardino Rivadavia-Conicet

Nadia Cerino
Prefectura Naval Argentina,
motovelero oceanográfico
Dr. Bernardo Houssay-IUSM

Carolina Bernal
Laboratorio de Limnología,
DEGE, FCEN-UBA

Jessica Risaro
Museo Argentino de Ciencias Naturales
Bernardino Rivadavia-Conicet

Corales de aguas frías en el Mar Argentino

Una gran parte de nuestro país se encuentra cubierta por las aguas del océano Atlántico Sur. Gracias a la ampliación de la Plataforma Continental Argentina aprobada por la ONU en 2016, la superficie sumergida alcanza hoy más de 6.500.000km^2, casi el doble de la superficie emergida. En esta Argentina oculta bajo el mar vive una gran diversidad de especies asociadas al fondo (especies bentónicas), formas de vida típicas de aguas profundas y prácticamente ausentes en las zonas costeras.

En el mar, la luz solar penetra la capa superficial del agua y la oscuridad es absoluta por debajo de los 1000m. Asimismo, la presión aumenta una atmósfera cada 10m de profundidad por lo que, a 1000m de profundidad, la presión a la que están expuestos los organismos es de 101 atmósferas (a nivel del mar la presión es de una atmósfera). Además, las aguas profundas se caracterizan por tener temperaturas muy bajas, de 4°C o incluso menores. En consecuencia, el ambiente que habitan las especies marinas de profundidad es de completa oscuridad, alta presión y frío, completamente diferente del que habitan las especies de aguas poco profundas en regiones cálidas, donde se destacan las especies de corales que suelen formar los arrecifes coralinos en la región intertropical del planeta.

Contrariamente a lo que habitualmente se piensa, en nuestro mar existen muchas especies de corales. Si bien los primeros registros en nuestro país datan de hace casi 150 años, cuando la corbeta oceanográfica inglesa *H.S.M. Challenger* recolectó los primeros ejemplares entre 1873 y 1876, estudios recientes demuestran que los corales no solo habitan nuestras aguas de la plataforma, sino que además son abundantes y diversos. Las pocas especies de corales que se conocen para la zona costera de la Argentina son difíciles de hallar y su tamaño es relativamente pequeño. De hecho, a la latitud de la ciudad de Mar del Plata no se encuentran comúnmente corales a menos de los 100m de profundidad, lo que los ubica mucho más allá de las profundidades en las que se realiza el buceo deportivo y la pesca comercial costera. Para observar a estos animales en su ambiente natural es necesario descender cámaras y luces en contenedores especiales que

¿DE QUÉ SE TRATA?

En el Mar Argentino viven más de cien especies de corales y la mayor parte de ellas habita a más de 50 metros de profundidad, por lo que su existencia pasa inadvertida para la mayoría de las personas.

soporten la presión que ejerce el agua. Es principalmente por este motivo que se han realizado pocos estudios científicos sobre los corales de profundidad y sobre el ambiente en general.

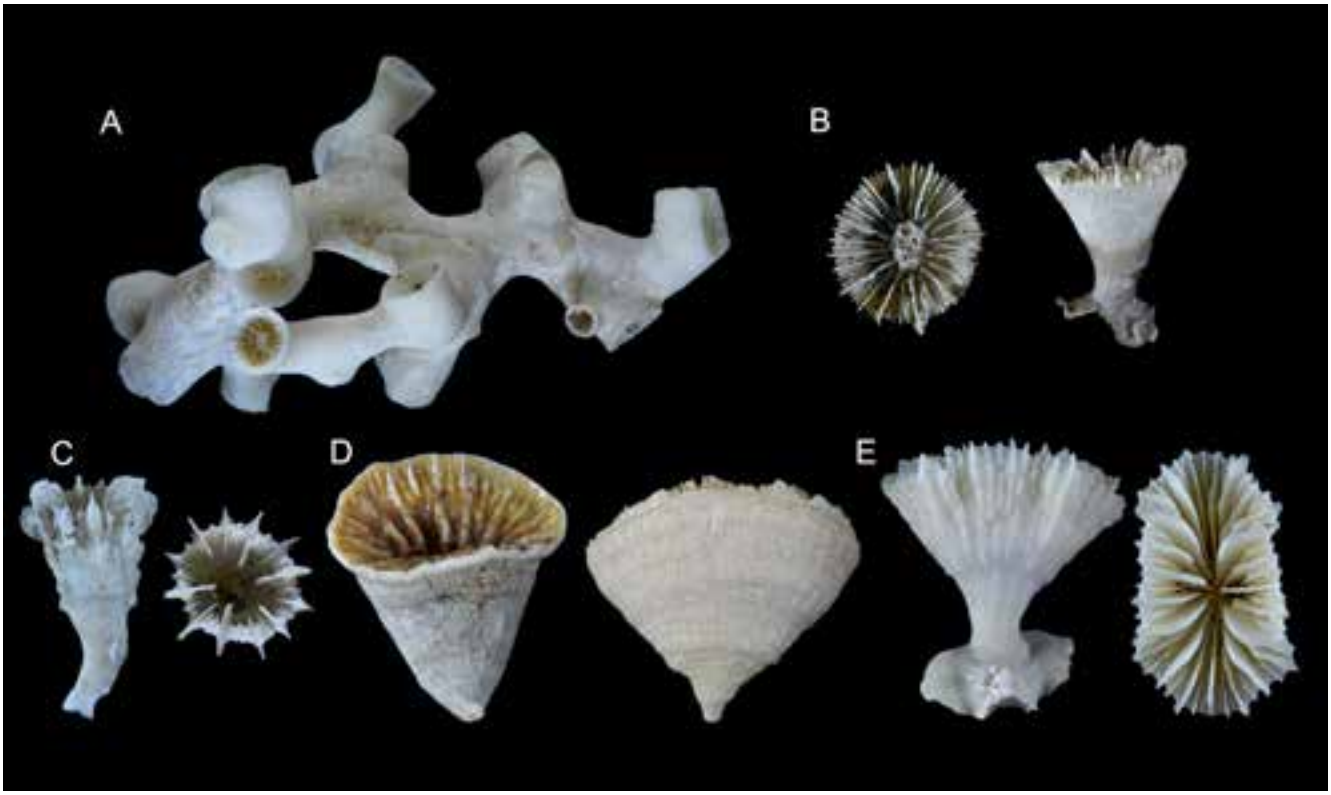
Recolectar estos animales no es sencillo. Es necesario utilizar rastras o redes de pesca a varios cientos o miles de metros de profundidad, con las dificultades que esto conlleva (ver Pastorino R *et al.*, 2015, 'Vida en los fondos profundos del mar', Ciencia Hoy, 24, 143: 49-55). Este tipo de muestreo requiere equipo especializado y costoso. Además, dadas las características de nuestra plataforma marina, llegar a aguas profundas puede significar alejarse cientos de kilómetros de la costa. En consecuencia, los muestreos en los que se recolectan corales son escasos, limitando significativamente el conocimiento sobre este grupo.

¿Qué son los corales?

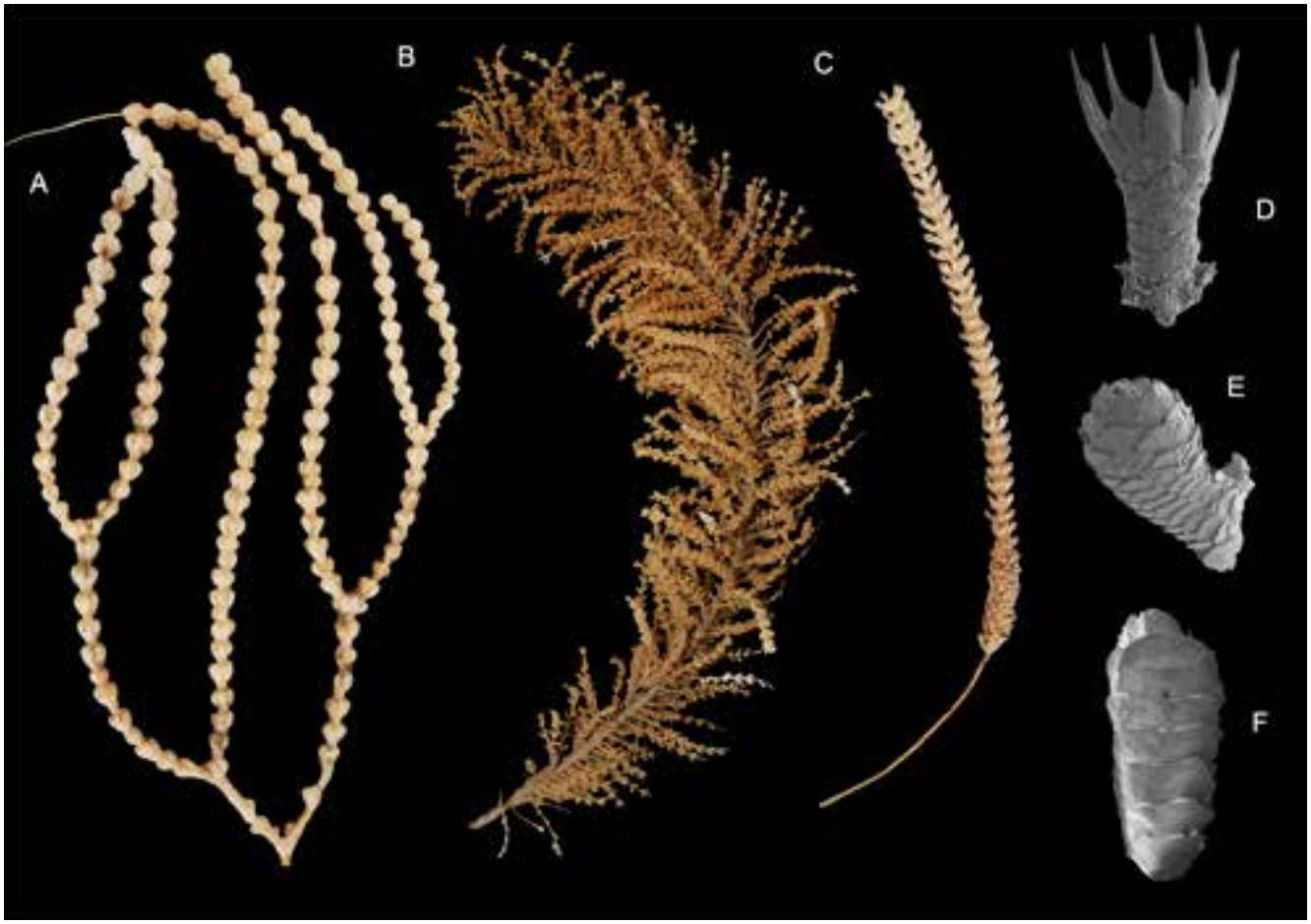
El vocablo *coral* hace referencia a varios grupos de animales marinos más o menos relacionados. Los corales son un conjunto artificial debido a que incluye formas no emparentadas directamente entre sí. Todos están incluidos en el *phylum* de los cnidarios, al igual que las medusas, hidras y anémonas de mar y, dentro de este *phylum*, los corales pertenecen a los antozoos e hidrozoos. Los cnidarios tienen dos formas corporales: pólipos y medusas, pero los corales están formados solo por pólipos. Un individuo puede estar constituido por un único pólipo (es decir, es solitario) o por dos o más pólipos (forma una colonia). El pólipo es básicamente un cilindro mayormente hueco, con un extremo unido al sustrato o a la colonia y el otro extremo libre, donde se ubican la boca y los tentáculos (si es que los tiene). Las especies coloniales pueden tener todos sus pólipos semejantes entre sí (colonias monomórficas) o pueden tener pólipos de diferentes morfologías (colonias polimórficas). En este último caso, las diferentes morfologías se asocian comúnmente a diferentes funciones, por ejemplo, algunos pólipos están especializados para la alimentación, otros para la defensa o reproducción. Una característica muy importante de los corales es que pueden producir un esqueleto de carbonato de calcio (aragonita o calcita) –sea una pieza única o numerosos fragmentos pequeños, usualmente microscópicos–, o de proteínas en forma de eje.

¿Cuántas especies de corales existen?

En 2007 Stephen Cairns (National Museum of Natural History, Smithsonian Institution, Washington DC), uno de los especialistas en diversidad de corales más re-



Diversidad de corales duros del Mar Argentino. A: *Bathelia candida*, 10cm de largo. B: *Crispatotrochus* sp., 2cm de ancho. C: *Javania cristata*, 2,5cm de ancho. D: *Flabellum* spp., 2-2,5cm de ancho. E: *Javania* sp., 3cm de ancho.



Primnoideos del Mar Argentino. A: *Heptaprimnoa patagonica*, fragmento de colonia de 15cm de alto. B: *Digitogorgia brochi*, fragmento de colonia de 25cm de alto. C: *Convexella magelhaenica*, fragmento de colonia de 12cm de alto. D: detalle de un pólipo de 1,5cm de *Plumarella castellviae*. E: detalle de un pólipo de 1,25cm de *Thouarella* sp. F: detalle de un pólipo de 3cm de *Heptaprimnoa patagonica*.

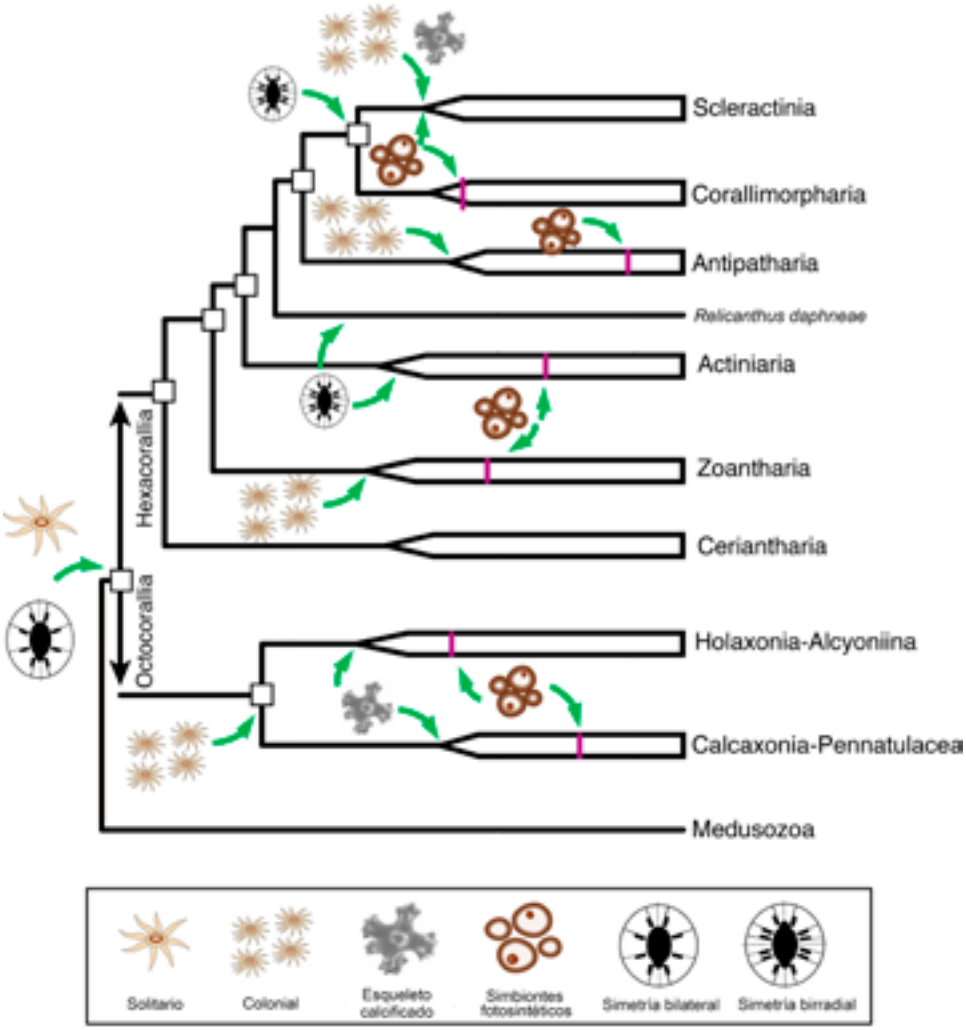
nombrados, indicó que, hasta ese momento, se conocían 5080 especies de corales actuales (es decir, sin contar los corales fósiles conocidos). Lo más sorprendente es que más de la mitad de ellos habitan las aguas profundas de los océanos del mundo. En nuestro mar existen al menos 100 especies de corales, número que probablemente seguirá aumentando con el avance de las investigaciones marinas.

Los corales son amenazados por diferentes factores. A nivel global sufren efectos adversos por el aumento de la temperatura del mar y la acidificación del agua, consecuencia del cambio climático, y, a nivel regional, la contaminación por explotación de hidrocarburos o minerales. Además, muchas especies de corales con esqueleto han sido y son utilizadas en joyería. Algunos grupos son muy vistosos, como las especies del coral rojo o algunas especies de corales negros. El coral rojo o *Corallium rubrum* del Mediterráneo es una de las especies más utilizadas en joyería debido al color intenso de su esqueleto. Las joyas realizadas con corales poseen alto valor y demanda global, por lo que su sobreexplotación ha sido común. El crecimiento lento y la alta longevidad de muchos corales, además del uso de métodos de recolección destructivos de la comunidad que habitan, provocan que se encuentren entre las especies vulnerables a la explotación.

Se pueden distinguir cuatro grupos principales de corales, todos presentes en nuestro mar: los corales duros (Scleractinia), las gorgonias y corales blandos (Octocorallia), los corales negros (Antipatharia) y los hidrocorales (algunos Hydrozoa).

Los corales duros

Los corales duros (orden Scleractinia), también llamados corales verdaderos, son probablemente los más conocidos a nivel general. Habitan desde los polos hasta el ecuador y desde las aguas someras hasta los fondos abisales; son comunes en aguas poco profundas de zonas tropicales y subtropicales. Todos los corales duros secretan un exoesqueleto calcáreo rígido que les permite formar, sea una sola o varias especies, arrecifes coralinos



Relaciones de parentesco y principales características de los grandes grupos de antozoos. Adaptado de McFadden *et al.* (2021).

(una gran acumulación de carbonato de calcio de origen biológico). Los arrecifes otorgan sustrato y refugio a otros organismos marinos, por lo que tienen un rol ecológico muy importante. En nuestras aguas, la mayoría de los corales duros son solitarios; solo se conocen dos especies coloniales. Actualmente se conocen alrededor de veinte especies de corales duros en nuestras aguas. Entre ellas se destacan *Bathelia candida* por ser colonial, muy abundante y posiblemente forma arrecifes, y las especies del género *Flabellum*, solitarias y muy abundantes.

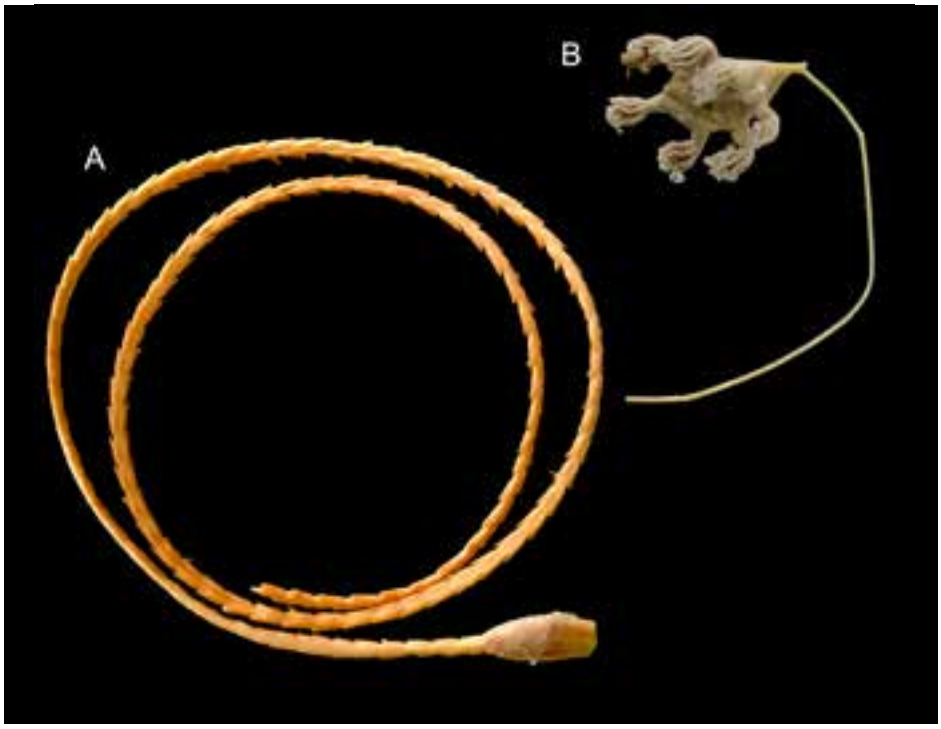
Los corales negros

Los corales negros (orden Antipatharia) son un grupo relativamente pequeño, con unas 250 especies conocidas en todo el mundo. El nombre del grupo proviene de su eje proteico de color negro. En las aguas de nuestro país se ha encontrado una sola especie, *Dendrobathypathes grandis*, que posee características biológicas únicas. Durante el estudio de su biología reproductiva, se reconocieron oocitos de diámetro tres veces mayor que el más grande conocido para el grupo. Además, es la única especie que presenta en el citoplasma de sus oocitos una estructura que facilita el ingreso de sustancias de reserva, lo que posiblemente esté relacionado con su gran tamaño. Por lo tanto, se trata de la especie con mayor cantidad de recursos energéticos para el embrión que se conoce.

Los octocorales

Son animales coloniales que constituyen un grupo bien diferenciado. Las colonias están formadas por pólipos con ocho tentáculos con proyecciones laterales, llamadas *pínnulas*. Son muy diversos; en la actualidad se reconocen unas 3000 especies distribuidas en todos los océanos, desde el intermareal hasta las profundidades abisales. Si bien en nuestras aguas habitan varios grupos de octocorales, dos grupos son particularmente abundantes y diversos: los pennatuláceos y los primnoideos.

Los pennatuláceos o plumas de mar (orden Pennatulacea) están presentes en todos los océanos del mundo y en un amplio rango batimétrico y de temperaturas. Si bien se conocen alrededor de doscientas especies, son más conspicuos y diversos en arrecifes de aguas tropicales, tanto someras como profundas. Cada colonia está formada por diferentes tipos de pólipos, un pólipo inicial o primario que se fija al sedimento por un pedúnculo y forma el raquis, sobre el cual crecen lateralmente los pólipos secundarios. Estos últimos tienen una marcada diversidad morfológica y llevan a cabo funciones respiratorias, circulatorias, alimentarias, digestivas y reproductivas. En algunas especies, el pedúnculo presenta la capacidad de realizar algunos movimientos que les permiten desplazarse por el fondo marino. Algunos retiran el pedúnculo del sustrato blando en que se encuentran y lo insertan nuevamente, impulsando a la colonia hacia una nueva ubicación; en otros las colonias se mueven hacia arriba y abajo en el sustrato y, en algunos casos, se



Diversidad de pennatuláceos. A: *Distichoptilum* sp., ejemplar de aproximadamente 20cm de alto. B: *Umbellula* sp., ejemplar de 10cm de alto.

Cheiloporidion sp., estilastérido común del Mar Argentino. Ejemplar de aproximadamente 10cm de largo.

desprenden y son impulsadas por las mareas para luego anclarse nuevamente en el sedimento. En consecuencia, al menos algunas de las especies son capaces de desplazarse por el fondo marino, lo que las diferencia del resto de las especies que son sésiles, es decir, viven adheridas o apoyadas al fondo y no se desplazan.

Los primnoideos (orden Alcyonacea) pertenecen a una de las familias de octocorales más diversas y típicas de aguas profundas, con 41 géneros y 247 especies a nivel mundial. Las especies son coloniales, con un eje calcificado de color dorado gracias a la proteína que lo constituye y están adheridas al sustrato duro por un disco calcáreo. Algunas especies poseen un crecimiento lineal, pero otras pueden estar ramificadas en uno o varios planos, con aspecto de abanico o arbusto. Sobre este eje se ubican los pólipos, generalmente de manera ordenada y típica para cada especie. Cada uno de los pólipos está recubierto por piezas o escamas de carbonato de calcio en número y forma variables. Los representantes de esta familia habitan todos los océanos y son frecuentes en la Antártida, tapizando los fondos marinos y otorgando gran diversidad de colores (rojo, rosado, naranja, verde) al entorno. Al igual que los pennatuláceos y otros corales, los primnoideos son un importante

Arriba. Jardín de coral a 60m de profundidad en el arrecife de Yellowtail, golfo de México. Fotografía cortesía de National Oceanic and Atmospheric Administration y Deep Sea Systems International.

Abajo. Arrecife Robert's formado por un coral duro colonial similar a *Bathelia candida*, a 500m de profundidad, golfo de México. Fotografía cortesía de Lophelia II, National Oceanic and Atmospheric Administration.

componente estructural de las comunidades, dado que diversos grupos de peces e invertebrados marinos utilizan este hábitat como refugio, para alimentarse o como zona de reproducción, por lo que son considerados ingenieros ecosistémicos. Además, en estas complejas comunidades diversos grupos de invertebrados establecen interacciones con los corales, sean de comensalismo, depredación o protección. Hasta el presente se han registrado alrededor de veinte especies de primnoideos en la Argentina.

Los hidrocorales

El término *hidrocoral* refiere a los falsos corales e incluye a varios grupos que pertenecen a la clase Hydrozoa. Todos ellos son coloniales y tienen un esqueleto continuo de carbonato de calcio. En particular, los estilastéri-

dos (familia Stylasteridae) presentan forma de árbol o de abanico. Su esqueleto puede ser naranja, rojo, violeta, rosado, marrón, amarillo sulfuroso, verde o incluso totalmente blanco. Esta coloración se debe a componentes minerales y no a la presencia de algas simbiontes, como ocurre en los corales verdaderos o duros en zonas tropicales. Como carecen de algas simbiontes, obtienen su energía exclusivamente al alimentarse de organismos y partículas pequeñas que llegan a ellos con las corrientes marinas. En el Mar Argentino, los estilastéridos solo se encuentran en profundidad. Por ejemplo, a la latitud de Mar del Plata se los encuentra a partir de los 600m de profundidad y hacia el extremo sur de la Argentina se los puede hallar desde los 200m hasta aproximadamente 2000m. Son animales longevos, de crecimiento lento, y por ello se encuentran protegidos por las diferentes autoridades nacionales e internacionales

¿Corales en aguas frías y sin luz?

Los típicos arrecifes coralinos, como la gran barrera de Australia, requieren condiciones ambientales muy particulares. Ellos viven en simbiosis con algas de las que obtienen parte del alimento y que son generalmente responsables de la coloración del coral. Por su parte, dentro del coral las algas están protegidas de potenciales depredadores, entre otros beneficios. Para que esta simbiosis sea posible, la temperatura del agua debe estar comprendida entre ciertos valores (usualmente entre 20° y 29°C) y la intensidad lumínica debe ser alta. La combinación de ambos factores determina las áreas donde los corales verdaderos pueden crecer y formar arrecifes, es decir, aguas cálidas y cristalinas debido a que las algas necesitan luz solar para el proceso de la fotosíntesis. Dado que los corales de aguas profundas no poseen algas simbiontes, la disponibilidad de luz no es limitante para su desarrollo y, en consecuencia, habitan zonas donde la luz es prácticamente inexistente, como la gran extensión del fondo marino cubierto por el Mar Argentino.

Los jardines de corales

Los corales suelen ser gregarios y en algunas zonas conviven varias especies. Se da el nombre *jardines de corales* a agrupaciones densas de corales, generalmente blandos (como las plumas de mar y los primnoideos), dominados por una o varias especies. Estos jardines, que semejan la vegetación de praderas con arbustos bajos y retoños de árboles de tierra firme, generan un ecosistema distinguible y diferente del que los rodea, brindando soporte y refugio para muchas especies de invertebrados y peces. Son particularmente importantes por su gran diversidad y muchas veces son también utilizados como zona de puesta o cría de juveniles por diferentes especies de peces. Además, estos corales son muy longevos y de crecimiento lento (estudios han estimado la edad de las colonias de algunas especies en varios miles de años), lo que indica que se conforman ecosistemas particularmente vulnerables a la pesca por arrastre, la extracción de minerales o la explotación petrolera entre otros, por lo que su protección es fundamental para preservar las comunidades bentónicas de nuestro mar. CH

LECTURAS SUGERIDAS

CIENCIAS DEL MAR, 2015, volumen temático, Ciencia Hoy, Buenos Aires.

McFADDEN CS *et al.*, 2021, 'Phylogenomics, origin, and diversification of Anthozoans (Phylum Cnidaria)', *Systematic Biology*, syaa103, *DOI org/10.1093/sysbio/syaa103*

Daniel Lauretta
Doctor en ciencias biológicas, UBA.
Investigador adjunto, Conicet.
dlauretta@gmail.com

Nadia Cerino
Licenciada en ciencias biológicas, Universidad CAECE.
Prefectura Naval Argentina.
nadiacerino@gmail.com

Carolina Bernal
Licenciada en ciencias biológicas, UBA.
Becaria doctoral, Conicet.
cbernal@ege.fcen.uba.ar

Jessica Risaro
Licenciada en ciencias biológicas, UBA.
jessicarisaro@gmail.com

Adrián Jauregui y Luciano Noel Segura
Facultad de Ciencias Naturales y Museo, UNLP

Sabrina Rodríguez
Universidad Católica de La Plata

Bosques maduros de talas y pájaros carpinteros

Talares y carpinteros

El tala (*Celtis tala*) es un árbol de porte reducido o medio, nativo de América, de madera dura y con abundantes espinas. Su área de distribución se extiende desde el sur de los Estados Unidos hasta el Gran Chaco y la llanura pampeana. En la provincia de Buenos Aires, con otras especies nativas como el coronillo (*Scutia buxifolia*), el sombra de toro (*Jodina rhombifolia*) y el ombú (*Phytolacca dioica*), forma bosques llamados *talares* en tramos de la costa del Paraná, del estuario del Plata, de la bahía de Samborombón y del Atlántico, desde San Pedro al norte hasta Mar Chiquita al sur. Constituyen la principal comunidad bonaerense de bosque nativo y albergan gran variedad de plantas y animales, incluidas más de trescientas especies de aves, que los utilizan como sitio de nidificación y de alimentación. Esto los convierte en un importante foco de biodiversidad y, a la vez, en sitios prioritarios para la conservación de las aves.

Sin embargo, la superficie ocupada por los talares fue disminuyendo, principalmente debido al crecimiento de la población y de actividades productivas, en particular las agropecuarias, hechos que condujeron al desmonte de amplios sectores, tanto para usar la madera como para agricultura y ganadería. La extracción masiva de conchilla, principal material del suelo en el cual crecen los talares, fue otro factor de la reducción de estos.

Entre las aves presentes en talares se encuentran cuatro especies de la familia de los pícidos (*Picidae*) o pájaros carpinteros: el carpintero real (*Colaptes melanochloros*), el carpintero campestre (*Colaptes campestris*), el carpintero bataraz chico (*Veniliornis mixtus*) y el carpintero blanco (*Melanerpes candidus*), de las cuales las dos primeras son

¿DE QUÉ SE TRATA?

Los pájaros carpinteros de la bahía de Samborombón horadan troncos de talas maduros y nidifican en las cavidades que crean. De ahí la importancia de conservar esos árboles.

Arriba. Un talar en el que se alternan zonas arboladas con manchones de pastizal. Obsérvese el ejemplar aislado de tala (*Celtis tala*), que es un árbol de porte intermedio y de altura variable que en ejemplares bien desarrollados en promedio puede rondar los 6m.
Abajo. Un ejemplar de tala a la vera de una ruta en Alta Gracia, Córdoba.

considerablemente más abundantes, además de mayor tamaño. En términos generales, los carpinteros horadan cavidades en los árboles con sus picos, en las que ponen sus huevos y crían a sus pichones. En algunos casos, reacondicionan cavidades horadadas en años anteriores y solo picotean el fondo, con lo que forman sobre él una base de astillas sobre la que ponen los huevos. Otras aves, como loros y lechuzas, lo mismo que pequeños mamíferos, por ejemplo, comadrejas, utilizan esas cavidades para reproducirse o para dormir, pero no tienen la capacidad de excavarlas, por lo cual los carpinteros cumplen una tarea destacada en el funcionamiento del ecosistema.

Según los principales estudios sobre carpinteros, realizados en su mayoría en Europa y América del Norte, estos pájaros seleccionan ambientes de determinadas características para construir cavidades, entre ellas, que tengan mucha vegetación, lo que significa abundante alimento y menor riesgo de ataque por ciertos predadores. Lo último se debería a que la espesura obstaculizaría la visión de depredadores aéreos como gavilanes, que atrapan pichones de vuelo torpe y movilidad reducida ni bien salen del nido, y desfavorecen la acción de otros depredadores como hurones. Los carpinteros prefieren árboles de gran porte, cuyas cavidades quedan mejor aisladas de los cambios de la temperatura externa, y árboles de madera blanda o con cierto grado de degradación, características que facilitan excavar sus troncos. Allí donde los árboles son mayormente de madera dura, como los talas, necesitan más tiempo para horadar los nidos: tardan algunos meses e, incluso, más de un año, y son más propensos a reutilizar cavidades anteriores.

Izquierda. Un carpintero real (*Colaptes melanocholros*). Ana Figari, *Wikimedia Commons*. **Derecha.** Un carpintero campestre (*Colaptes campestris*). Bernard Dupont, *Wikimedia Commons*.

Una investigación sobre carpinteros de Punta Indio

En los talares de Punta Indio, en el extremo norte de la bahía de Samborombón, los carpinteros real y campestre nidifican entre mediados de septiembre y mediados de enero. Pueden utilizar una nueva cavidad en cada temporada o reacondicionar una de años precedentes, y ponen entre tres y seis huevos, que incuban por doce días. Los pichones de carpintero real permanecen en el nido por unos veintiocho días, y por treinta días los del campestre. Los carpinteros de ambas especies son de tamaño mediano (para la familia de los pícidos) y su musculatura es relativamente débil, con lo que su eficiencia para excavar troncos es menor que la de otros carpinteros, como el gigante o magallánico (*Campephilus magellanicus*).

Hay pocas investigaciones sobre carpinteros nativos de la Argentina, en particular sobre las poblaciones que viven en talares. Durante tres años, de 2015 a 2018, los autores realizamos un estudio sobre las preferencias para nidificar de los carpinteros real y campestre en talares de una estancia de Punta Indio, ubicados a unos 100km de la ciudad de La Plata, que exhiben alta biodiversidad pero también enfrentan serios problemas de conservación, principalmente por extracción de madera y de conchilla.

En el bosque que estudiamos, el 69% de los árboles eran talas y el 15% coronillos, ambos nativos. El 16% restante estaba constituido por otras especies autóctonas, como el molle o aguaribay (*Schinus molle*), el ombú y el ceibo (*Erythrina crista galli*), y por especies exóticas como la acacia negra (*Gleditsia triacanthos*), el paraíso (*Melia azedarach*), álamos (*Populus* sp.), eucaliptos (*Eucalyptus* sp.), etcétera. El tala, el coronillo y la acacia negra son árboles con madera relativamente densa, es decir, dura; el ceibo y el álamo son de madera más blanda, mientras el paraíso y el eucalipto ocupan una posición intermedia.

En nuestro estudio relevamos los árboles con cavidades en las que los carpinteros pusieron sus huevos, la presencia de grupos de hongos en los árboles como un indicio de la degradación de su madera, medimos el diámetro del tronco y la altura de cada árbol, registramos la ubicación de las cavidades (tronco principal, rama primaria, rama secundaria) y estimamos el volumen de estas. Clasificamos las cavidades en nuevas o reutilizadas, y tomamos una muestra de la madera para establecer su densidad, que determina su dureza. Consideramos que una cavidad era nueva cuando había abundantes trozos de madera en el suelo inmediatamente debajo de ella, o cuando se tenía seguridad de que no estaba el año anterior. En todos los casos determinamos la superficie del suelo cubierta por la copa del árbol con cavidad nido, y de otros cercanos para fines de comparación.

No hallamos nidos de carpintero blanco, si bien advertimos la presencia de un grupo de adultos reproductores al inicio del segundo año de muestreo, y del carpintero bataraz chico solo encontramos tres nidos, pero la altura a la que estos estaban y el pequeño diámetro del hueco de entrada no nos permitieron el monitoreo de los nidos.

Relevamos 120 cavidades de carpinteros de las dos especies más abundantes mencionadas, el real (76) y el campestre (44). El 61% de esas cavidades eran nuevas, y el 80% de todas las halladas estaban en talas; en otras palabras, el 50% de las cavidades talladas en talas eran nuevas. El 20% restante se encontró en álamos (8%), ceibos (3%), paraísos (2%), eucaliptus (2%), fresnos (2%), ombúes (1%) y acacias (1%). Dichas dos especies, sin embargo, mostraron diferentes preferencias en materia de ubicación

Izquierda. Tronco de tala en proceso de degradación con la entrada de una cavidad de carpintero. **Derecha.** Interior de una cavidad de carpintero con pequeños trozos de madera sobre los que los pájaros ponen e incuban sus huevos.

y de tamaño de las cavidades. El campestre utilizó en mayor proporción el tronco principal de los árboles y realizó cavidades más grandes, lo cual es coherente con el tamaño de esas aves, ya que el carpintero campestre mide en promedio unos 28cm, mientras que el real ronda los 23cm.

También advertimos en los carpinteros de ambas especies una preferencia por anidar en árboles con madera menos densa y por ende más blanda, y de tamaño intermedio comparado con los árboles del entorno. Por otra parte, para construir sus nidos los carpinteros no seleccionaron solo sitios en los que el suelo estuviera más cubierto por árboles, sino que utilizaron indistintamente diferentes sectores de bosque. Los talas forman bosques en los que grupos de árboles alternan con manchones de pastizal, y tanto el carpintero campestre como el real se alimentan principalmente de hormigas y acostumbran hacerlo en el suelo, por lo cual se puede concluir que la estructura natural de los talares les provee sitios adecuados donde nidificar y encontrar comida.

Ambas especies de carpinteros evitaron por completo los coronillos, la segunda en abundancia de las especies arbóreas encontradas en el sitio estudiado. Son árboles de madera muy dura, en los que pocas veces encontramos hongos que indicasen troncos en proceso de degradación. En los talas, en cambio, en los que los carpinteros horadaron cavidades nuevas a pesar de la dureza de la madera y quedar muchas de ellas de años anteriores sin usar, la presencia de hongos era común y, por ende, lo eran los procesos de degradación de la madera de los troncos. Esto último indica que la descomposición natural de la madera por hongos u otros agentes cumple una función en el ciclo reproductivo de las aves que estamos tratando. Los dos factores mencionados –dureza de la madera y degradación del tronco– podrían explicar la preferencia de los carpinteros por los talas por sobre los coronillos. Dado, sin embargo, que ambas especies arbóreas difieren también en varios otros atributos, entre ellos la forma de la copa y la cantidad de ramas y hojas, no se pueden descartar razones adicionales que expliquen por qué los pájaros eligen ejemplares de una y evitan los de la otra.

A lo largo de los tres años de trabajo registramos once especies, aparte de los carpinteros, que nidifican en las cavidades de estos. Constatamos entre las aves al jilguero común o dorado (*Sicalis flaveola*), chinchero chico (*Lepidocolaptes angustirostris*), tordo músico (*Agelaioides badius*), lechucita o alicuco común (*Megascops choliba*), ratona (*Troglodytes aedon*), golondrina ceja blanca (*Tachycineta leucorrhoa*), golondrina pardas (*Phaeprogne tapera*), benteveo rayado (*Myodynastes maculatus*) y estornino pinto (*Sturnus vulgaris*), siendo esta última no nativa. Además, registramos dos mamíferos, la zarigüeya o comadreja overa (*Didelphis albiventris*), un marsupial que a su vez es frecuente predador de nidos de carpinteros y de otras aves, y un ratón cuya especie no logramos determinar.

A modo de conclusión

En los talares de la provincia de Buenos Aires son escasos los sectores de bosque maduro, debido al deterioro que vienen sufriendo a lo largo del tiempo y a la tala selectiva

Izquierda. Un carpintero real en su nido. Los autores constataron que la cavidad de la imagen fue usada como nido en tres años consecutivos.
Derecha. Los autores extraen una muestra de madera para medir su densidad, la que determina su dureza.

de árboles de gran porte que sufrieron estos bosques en el siglo pasado. Ello hace aconsejable como regla general, y especialmente en áreas protegidas, realizar esfuerzos por conservar árboles maduros o senescentes (que empiezan a envejecer), pues son parte natural de bosques libres de perturbaciones o con bajo número de ellas. Hacerlo permitiría salvaguardar los procesos naturales esenciales de los ecosistemas, lo que significa, en el caso que nos ocupa, la nidificación las poblaciones de carpinteros y de las otras especies que utilizan sus cavidades. Esta situación, al mismo tiempo, nos pone ante la necesidad de conocer mejor el funcionamiento de la naturaleza, para lo cual necesitamos seguir investigando sus distintos componentes, con el debido apoyo institucional y financiero. CH

LECTURAS SUGERIDAS

ARTURI MF Y GOYA JF, 2004, 'Estructura, dinámica y manejo de los talares del NE de Buenos Aires', en Arturi MF, Frangi L y Goya JF (eds.), *Ecología y manejo de los bosques de la Argentina*, Editorial de la Universidad Nacional de La Plata.

ATHOR J, 2009, *Parque Costero del Sur: naturaleza, conservación y patrimonio cultural,* Fundación de Historia Natural Félix de Azara, Buenos Aires.

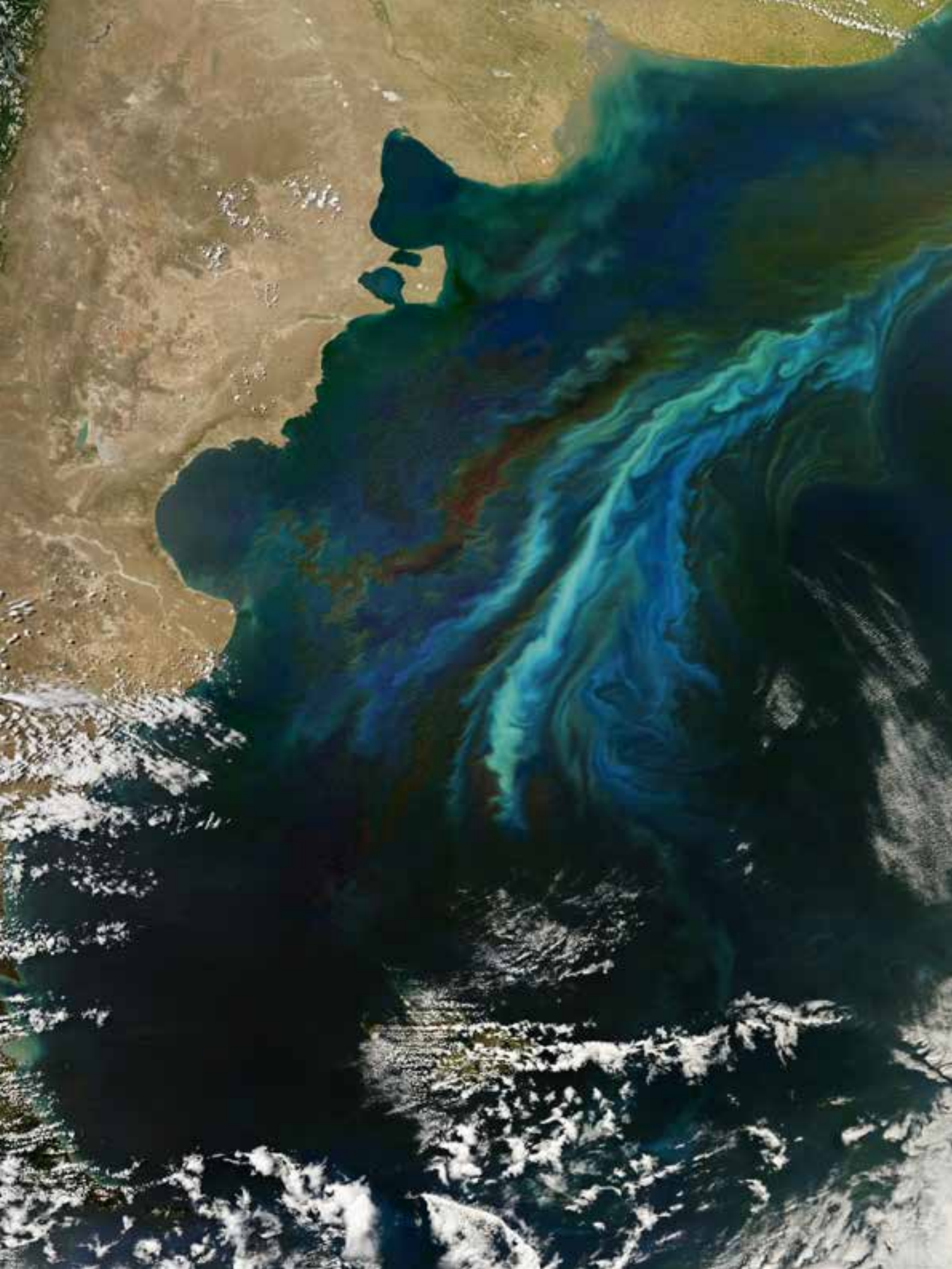
DE LA PEÑA MR, 2015, *Aves argentinas*, Eudeba, Buenos Aires.

STUPINO SA, ARTURI MF y FRANGI JL, 2004, 'Estructura del paisaje y conservación de los bosques de *Celtis tala* del NE de la provincia de Buenos Aires', *Revista de la Facultad de Agronomía* (UNLP), 105: 37-45.

Adrián Jauregui
Doctor en ciencias naturales, UNLP.
Becario posdoctoral del Conicet en el Museo de La Plata.
adrijaureguic@gmail.com

Sabrina Rodríguez
Doctora en ciencias biológicas, UBA.
Profesora adjunta, Universidad Católica de La Plata.
sabrinarodriguez78@yahoo.com.ar

Luciano Noel Segura
Doctor en ciencias naturales, UNLP.
Investigador adjunto del Conicet en el Museo de La Plata.
lsegura@conicet.gov.ar



Proliferación o *florecimiento* de microalgas frente a las costas patagónicas argentinas, en el que posiblemente dominen los *cocolitóforos* (microalgas con estructuras de carbonato de calcio) y las *diatomeas* (microalgas con sílice). Fotografía tomada desde el satélite Aqua de la NASA el 21 de diciembre de 2010.

Pedro Flombaum y Federico Ibarbalz
Centro de Investigaciones del Mar y la Atmósfera (CIMA)
Sergio Velasco Ayuso

El futuro de un mundo invisible de microorganismos

El cambio climático plantea el interrogante de cómo responderán los seres vivos a climas futuros. Se espera que los aumentos de temperatura tengan, por lo menos, tres consecuencias: (i) desplazamiento de especies de sitios cálidos a sitios fríos; (ii) modificaciones del tamaño de las poblaciones tanto de especies abundantes como raras, y (iii) cambios en la actividad de dichas especies, con la consiguiente modificación del papel que desempeñan en los procesos ecológicos.

Los microorganismos constituyen un grupo de especial interés en este contexto, ya que son particularmente sensibles a la temperatura, extraordinariamente abundantes y diversos, están distribuidos por todo el planeta y su actividad regula los ciclos de nutrientes, así como la concentración de oxígeno en los mares. Esta combinación de abundancia, diversidad, distribución y actividad plantea un desafío serio a la hora de comprender qué efectos tendrá el cambio climático sobre ellos.

Hay dos caminos complementarios para estimar qué efectos tendrá el cambio climático sobre los microorganismos. Por un lado, existen modelos matemáticos basados en premisas teóricas que calculan su respuesta a características ambientales como temperatura, disponibilidad de nutrientes o precipitaciones, los que por lo general simplifican mucho la alta diversidad de especies y las interacciones biológicas propias del mundo real. Como alternativa, existen modelos estadísticos que se apoyan en observaciones de campo y tienen en cuenta tanto la diversidad de especies como las interacciones entre ellas, además de las condiciones ambientales; la creciente disponibilidad de datos y las nuevas herramientas de análisis son la base sobre la que se apoya esta aproximación. Ambos tipos de modelos se combinan con simulaciones

¿DE QUÉ SE TRATA?

Microorganismos de mar y tierra en el contexto del cambio climático

de climas futuros realizadas a partir de distintas hipótesis de emisión de gases de efecto invernadero. Así, se han calculado futuras abundancias y distribuciones de microorganismos en el océano y en el medio terrestre.

Cambios en la diversidad del plancton marino

Las proyecciones climáticas para finales del siglo XXI sugieren que habrá aumentos en la diversidad del plancton marino en zonas que suelen estar dominadas por unas pocas especies. El plancton (del griego *planktos*, errante) es una compleja comunidad de microorganismos que varía en tamaño, funcionamiento y forma de vida. Una gota de agua marina puede contener microorganismos cuyo tamaño varía nueve órdenes de magnitud (mil millones de veces), es decir, la misma diferencia que hay entre una bolita de juegos infantiles o canica y un estadio internacional de fútbol. Al mismo tiempo, ese tamaño está relacionado con la concentración de individuos: en un litro de agua de mar puede haber (enumerados en orden creciente de tamaño) billones de virus y bacterias, millones de células de protozoarios y cientos de animales milimétricos. Los microorganismos marinos son capaces de hacer fotosíntesis, fijar nitrógeno atmosférico y hasta liberar al medio moléculas de azufre que influyen en la formación de nubes. Por diferentes mecanismos, una fracción de su materia orgánica presente en los cuerpos de agua se hunde hasta alcanzar grandes profundidades, donde queda por largos períodos de tiempo. Le cabe desempeñar, por lo tanto, un papel central en el ciclo global del carbono.

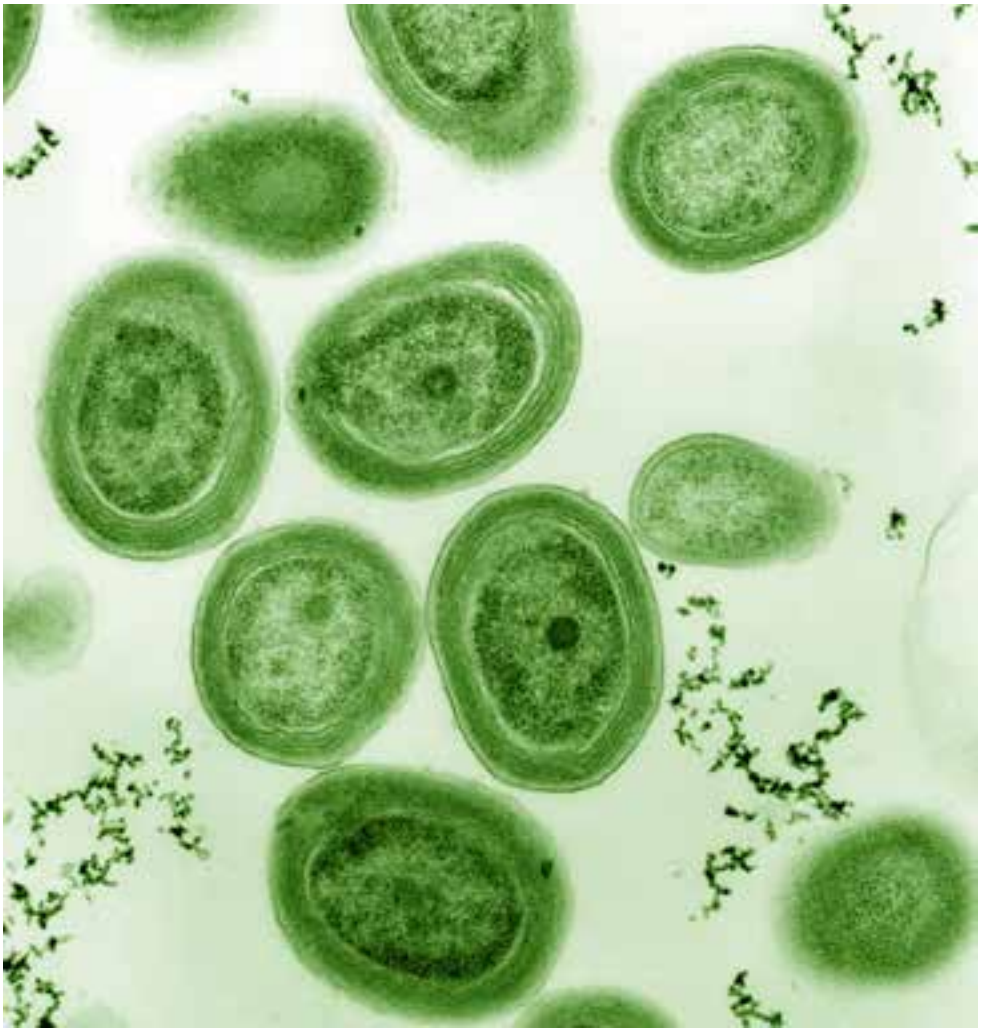
Si bien se traslada pasivamente con las corrientes, el plancton presenta patrones globales de diversidad similares a los que se observan en comunidades terrestres, con un alto número de especies en las cercanías del ecuador, el cual disminuye gradualmente hacia los polos. Se trata de uno de los más conocidos patrones ecológicos de escala global, llamado *gradiente latitudinal de diversidad*. A pesar de que fueron planteadas numerosas hipótesis para explicarlo, no se cuenta en estos momentos con una teoría general que lo describa en su totalidad y permita hacer predicciones. Sin embargo, la temperatura media anual es una de las variables ambientales que mejor lo dilucida.

Las proyecciones climáticas para fin de siglo realizadas por múltiples laboratorios y unificadas en los informes del Panel Intergubernamental sobre Cambio Climático de las Naciones Unidas muestran un aumento de la temperatura de la superficie del océano y, como consecuencia, una mayor estratificación de la columna de agua. Esa estratificación es sinónimo de menor mezcla vertical, lo que trae aparejado un menor transporte de nutrientes desde capas profundas a la superficie. Tales condiciones se asemejan a las de las aguas tropicales, en las que prospera una gran diversidad de microorganismos, aunque en muy bajas densidades. En consecuencia, se espera que los microorganismos del plancton adaptados a condiciones más frías y estacionales se vean reemplazados por otros que provengan de regiones más cálidas, o bien por grupos muy minoritarios preexistentes que podrían verse en un medio que les resulta ventajoso.

Las mencionadas proyecciones fueron realizadas con datos de secuenciación de ADN de toda la comunidad planctónica, más una extensa caracterización del hábitat del cual fueron tomadas las muestras mediante información sobre temperatura, producción primaria, concentración de nutrientes, etcétera. Recuperar de una muestra de agua de océano ADN que represente a toda la comunidad requiere filtrar varios litros de agua de forma tal que queden retenidas suficientes células o individuos de tamaño micrométrico (milésimas de milímetro). Luego es necesario extraer el ADN de todas las células y prepararlo para la secuenciación. Los procedimientos actuales de secuenciación generan billones o *gigabytes* de datos, que debidamente procesados y organizados permiten clasificar a los microorganismos y conocer su potencial metabólico. En particular, el muestreo al que estamos refiriendo cubrió una escala espacial sin precedentes, pues incluyó todas las cuencas oceánicas del mundo. Ello permitió obtener una visión de cambios anticipados en la composición de la comunidad del plancton y en sus patrones de diversidad global.

Cambios en la abundancia del fitoplancton marino

El fitoplancton es aquel grupo de organismos del plancton que tiene la capacidad de realizar fotosíntesis, el mismo proceso que realizan las plantas, que está íntimamente ligado al ciclo global del carbono. Si nos enfocamos en regiones tropicales del océano, los grupos actualmente dominantes del fitoplancton serán más abundantes hacia finales del presente siglo. Las aguas tropicales están dominadas por el picofitoplancton, la fracción del fitoplancton compuesta por algas unicelulares y cianobacterias cuyos individuos tienen el menor tamaño celular, pues sus medidas oscilan por debajo de los dos micrómetros. Desde finales de la década de 1980 se han realizado numerosas expediciones oceanográficas para conocer la distribución de este grupo, un dato clave, ya que da una idea de cómo las condiciones del ambiente



Prochlorococcus marinus, un organismo del picofitoplancton que mide alrededor de 0,6 micrómetros (milésimas de milímetro). Imagen coloreada de microscopía electrónica tomada por Luke Thompson y Nikki Watson, Instituto de Tecnología de Massachusetts, Wikimedia Commons.

regulan sus poblaciones, o de cuán productivos pueden ser los ecosistemas marinos.

Para obtener este dato se recurrió a un ingenioso método de conteo, creado para fines biomédicos, la *citometría de flujo* (*flow cytometry*). Consiste en pasar células suspendidas en el agua por un tubo capilar transparente que es iluminado por un láser, lo que revela el tamaño de las células, si tienen capacidad de hacer fotosíntesis y el número de ellas por unidad de volumen. Se han acumulado numerosas observaciones obtenidas por embarcaciones de investigación que recorren los océanos equipados con un citómetro de flujo.

Pero pasar de muestreos individuales a análisis globales requiere un paso adicional. Usando más de 30.000 conteos celulares por citómetro de flujo provenientes de todos los océanos del mundo se desarrollaron *modelos de nicho* –nombre de un tipo de modelo estadístico– con los que se buscó predecir la abundancia mundial del picofitoplancton. Entre todas las variables ambientales, la temperatura resultó aquella que mejor explica la concentración de este en el agua. En otras palabras, el conjunto de las observaciones reveló una correlación directa muy fuerte entre la abundancia de picofitoplancton y la temperatura. También puso de manifiesto diferencias entre los principales componentes del picofitoplancton. Así, *Prochlorococcus*, la cianobacteria más pequeña, resultó la más sensible a la temperatura y la más abundante numéricamente en aguas cálidas, mientras que *Synechococcus*, otra cianobacteria, y el *fitoplancton picoeucariota* –integrado por las más pequeñas algas con núcleo celular– aumentaron su abundancia a partir de los 20°C, pero en menor medida que *Prochlorococcus*. Es decir, lo que parece un grupo homogéneo en tamaño y función, reacciona en realidad de manera diferente ante cambios de variables ambientales como la temperatura.

Para obtener las proyecciones del fitoplancton para el año 2100, se combinaron los modelos de nicho con los modelos climáticos y se supuso la continuidad de la alta emisión actual de gases de efecto invernadero. El análisis sugirió que, con respecto a la situación actual, podría haber un aumento de hasta 60% en la abundancia del picofitoplancton, aunque los distintos componentes de

Trozo de costra biológica del suelo recogida en el desierto de Sonora, en el estado norteamericano de Arizona. Se aprecian en color negruzco las cianobacterias, y en blanco un liquen.

este grupo diferirían en su respuesta. *Prochlorococcus* experimentaría mayores aumentos, seguido por *Synechococcus*. En cambio, las algas picoeucariotas mostrarían cambios en su distribución, pues se desplazarían hacia los polos, pero no tendrían un aumento significativo de abundancia. Por lo tanto, a pesar de que se proyectan cambios en todos los grupos, la respuesta dentro del picofitoplancton no se daría de forma homogénea, lo que resalta la complejidad ecológica de este grupo microbiano.

Cambios en costras biológicas terrestres

En los ecosistemas terrestres, los microorganismos del suelo representan una de las entidades biológicas más abundantes y diversas del planeta. En un gramo de suelo podemos encontrar de miles a decenas de miles de especies diferentes. En zonas áridas, las *cianobacterias* y las bacterias no fotosintéticas, en asociación con líquenes, musgos, algas unicelulares y hongos, entre otros, pueden formar un mantillo conocido como *costra biológica del suelo*, algo así como una piel biológica, que podemos encontrar tanto en desiertos fríos como en zonas más húmedas y cálidas. Siempre que la vegetación no impida el paso de la luz, la costra biológica se extiende sobre la capa más superficial del suelo como una alfombra. Una red pegajosa, producto de la actividad biológica, une a las partículas del suelo entre ellas, que quedan atrapadas en las costras biológicas. De esta forma, esta comunidad de microorganismos y organismos asociados estabiliza y protege el suelo de la erosión por viento y agua. Tiene además un cometido crucial en el control del ciclo hidrológico, algo muy importante en zonas áridas y semiáridas. Pero seguramente la función ecológica central de las costras biológicas del suelo es la de agente fertilizador, que cumplen gracias a la actividad de bacterias fijadoras de nitrógeno atmosférico.

Mientras la producción primaria neta de las costras biológicas a partir del CO_2 atmosférico, representa el 15% del total de la extracción de ese gas del aire por los ecosistemas terrestres, su contribución a la fijación del nitrógeno supera el 50% y, probablemente, se acerque al 80%, algo logrado cubriendo una superficie de solo 12% del total de la de los ecosistemas terrestres. Estas estimaciones recientes –de las que informa un artículo publicado en *Nature Geoscience* incluido entre las lecturas sugeridas– fueron el fruto de recopilar datos de más de 900 puntos de muestreo distribuidos en todo el mundo, producto de unos 550 trabajos de investigación. En combinación con un abanico de variables ambientales relacionadas con la temperatura, la precipitación, los minerales y el uso del suelo, tal conjunto de datos resultó en un modelo estadístico que permitió, además, estimar la cobertura por costras biológicas en áreas que no habían sido estudiadas antes.

Las funciones de las costras biológicas en la fijación de carbono y nitrógeno son fundamentales en zonas áridas, donde la cantidad de agua que cae en forma de lluvia o nieve es menor que la perdida por evapotranspiración. En esos territorios, que cubren casi la mitad de la superficie del planeta, vive un tercio de la población humana y se han establecido muchas civilizaciones. Las proyecciones de cambio climático llevan a anticipar que allí el suelo estará un 30% menos cubierto que hoy por las costras biológicas, y que consecuentemente mermará la incorporación a él de carbono y de nitrógeno (el 40% para el nitrógeno y menos para el carbono). Ello tendría un efecto directo sobre la vegetación, ya que las costras biológicas aportan al suelo buena parte de las formas inorgánicas de nitrógeno, que sustentan el establecimiento y el desarrollo de las plantas vasculares. Y la falta de un buen desarrollo del forraje afectaría al ganado, principal motor económico de las poblaciones humanas de esos territorios áridos y semiáridos.

Conclusiones

El aumento de la temperatura tendrá consecuencias sobre los microorganismos y esto, potencialmente, puede afectar a los seres humanos de dos maneras. La reducción de la fertilidad de los suelos en zonas áridas podría perjudicar la producción agropecuaria; la expansión de aguas oceánicas de baja productividad deterioraría las pesquerías. Ambos aspectos son relevantes para la Argentina.

El 60% de los ecosistemas terrestres argentinos está en zonas áridas o semiáridas, en las cuales las costras biológicas desempeñan un papel ecológico central en mantener la estabilidad y la fertilidad del suelo. En las regiones no áridas del país, como la pampeana, o en aquellas de bosques y selvas, los microorganismos del suelo tienen asimismo una función importante, principalmente en cuanto a la fertilidad y la emisión de gases de efecto invernadero. Las consecuencias que el cambio climático provoque sobre todas estas comunidades microbianas requieren ser estudiadas para generar planes que permitan adaptarnos a situaciones futuras.

Algo similar ocurre con los ecosistemas marinos. El mar territorial argentino es muy extenso, variado, de alta actividad biológica y de gran importancia económica. Cuál será el efecto del cambio climático sobre los microorganismos de este ecosistema constituye una importante pregunta que se procura contestar, y para hacerlo las campañas oceanográficas pueden constituir un instrumento decisivo. En conjunto, las herramientas moleculares y el modelado permitirán identificar la vulnerabilidad y la resiliencia del sistema, región por región.

La estimación de las consecuencias del cambio climático permite reducir las incertidumbres acerca del futuro. Estas incluyen, entre otras, la magnitud de las emisiones asociadas con actividades humanas, la respuesta del sistema climático a ellas, la respuesta de la comunidad de seres vivos o biota y las interacciones entre todos estos componentes. Las investigaciones comentadas en este artículo apuntan a reducir una parte de la incertidumbre asociada con la respuesta de la biota. Comprender mejor los efectos del cambio climático sobre los ecosistemas ayudará a tomar decisiones para adaptarse y para mejorar nuestra actual organización socioeconómica. CH

LECTURAS SUGERIDAS

CAMILLONI I, 2008, 'Cambio climático', Ciencia Hoy, 18, 103: 43-49.

FLOMBAUM P *et al*., 2020, 'Global picophytoplankton niche partitioning predicts overall positive response to ocean warming', *Nature Geoscience*, 13: 116-120.

IBARBALZ FM *et al.*, 2019, 'Global trends in marine plankton diversity across kingdoms of life', *Cell,* 179, 5: 1084-1097.

RODRÍGUEZ-CABALLERO E *et al*., 2018, 'Dryland photoautotrophic soil surface communities endangered by global change', *Nature Geoscience*, 11: 185-189.

VELASCO AYUSO S *et al.*, 2020, 'Grazing pressure interacts with aridity to determine the development and diversity of biological soil crusts in Patagonian rangelands', *Land Degradation and Development.* DOI *10.1002/ldr.3465*

Pedro Flombaum
Doctor (PhD) en ciencias biológicas, Brown University, Providence RI.
Investigador adjunto en el CIMA, UBA-Conicet.
Profesor adjunto, FCEN, UBA.
pflombaum@cima.fcen.uba.ar

Federico Ibarbalz
Doctor en ciencias biológicas, UBA.
Becario posdoctoral en el CIMA, UBA-Conicet.
federico.ibarbalz@cima.fcen.uba.ar

Sergio Velasco Ayuso
Doctor en ciencias biológicas, Universidad Autónoma de Madrid.
Gerente de laboratorio de la empresa biotecnológica Kernel Mycofood.
sergio.sva@gmail.com

Mariano Fressoli y Valeria Arza
CENIT-Escuela de Economía y Negocios, UNSAM

Abrir la ciencia para potenciar su impacto

El 10 de enero de 2020, solo diez días después de los primeros casos reportados de coronavirus, científicos de China y Australia ya habían descifrado y depositado la secuencia genética del genoma del virus causante de la COVID-19 en GenBank, un repositorio abierto de datos genómicos. La posibilidad de acceder al genoma de forma abierta y gratuita permitió que científicos de todo el mundo pudieran comenzar a estudiar el virus y, en consecuencia, a diseñar vacunas. El 22 de enero, científicos estadounidenses utilizaron la información del genoma para demostrar que este virus guardaba similitudes con el que había causado la epidemia que afectó a más de 26 países entre 2002 y 2003, el SARS-CoV-1 (siglas que obedecen a *Severe Acute Respiratory Syndrome*, síndrome respiratorio agudo severo), y en consecuencia, se lo denominó SARS-CoV-2. Estos resultados fueron publicados en BioRxiv, un repositorio de manuscritos científicos que los publica con acceso abierto y previamente a su evaluación por pares. Al mismo tiempo, el Centro de Sistemas de Ciencia e Ingeniería de la Johns Hopkins University utilizó bases de datos abiertas para construir un mapa online que rastrea la dispersión diaria del virus. Pronto, grupos de científicos empezaron a compartir en plataformas como Slack y Twitter información sobre nuevas publicaciones y datos sobre el Sars-CoV-2. Y, al mismo tiempo, la fundación Wellcome Trust (una de las más importantes organizaciones dedicada a financiar la investigación) y otras asociaciones científicas hicieron llamados a disponer en acceso abierto las publicaciones científicas centradas en COVID-19 y acelerar el proceso de revisión de pares, para prevenir la diseminación de la enfermedad y acelerar la búsqueda de soluciones. Muchas de las revistas científicas, incluyendo las más prestigiosas como *Nature*, hicieron lo propio.

En esta situación de pandemia, que está sacudiendo a las instituciones políticas y económicas a escala global, la producción y gobernanza de la ciencia también vive su momento de cambio. La ciencia abierta paulatinamente deja de ser vista como un nicho –limitado a unas pocas disciplinas y/o especialistas– y comienza a considerarse a nivel personal e institucional como el conjunto de las

¿DE QUÉ SE TRATA?

Las tecnologías digitales y la disponibilidad de información han modificado la comunicación de la ciencia y el proceso de creación de conocimiento.

herramientas y prácticas imprescindibles para diseñar el futuro de la sociedad. La urgencia por responder rápido y bien acelera la adopción de prácticas de apertura, que ya habían sido planteadas con anterioridad, pero que en la coyuntura de hoy se vuelven imprescindibles.

Obviamente, como todo proceso de cambio, la apertura de la ciencia todavía provoca temores e incertidumbre sobre la evaluación del desempeño de los investigadores, el reconocimiento de autorías y las formas de apropiación social del conocimiento científico. Todas estas dudas son relevantes y atendibles, pero se parecen mucho al árbol que tapa el bosque. En el fondo, lejos de representar una ruptura con las prácticas tradicionales, la ciencia abierta profundiza el *ethos* (carácter) comunitario y universal de la ciencia que proponía Robert Merton.

Para comprender cómo funciona la ciencia abierta es necesario revisar cómo cambian tres características clave de la investigación: el carácter público, el carácter participativo y el carácter productivo o eficiente. Vayamos por partes en orden de importancia.

¿Como se da a conocer una investigación?

Si hay algo que caracteriza a la ciencia moderna es el carácter público del conocimiento que produce. Como dice la frase, 'la ciencia que no se comunica no existe'. La publicación de resultados experimentales durante la Ilustración permitió distinguir a los 'filósofos naturales' (todavía no se los llamaba científicos) de los alquimistas, los que trabajaban en secreto. En la modernidad, las publicaciones cumplen un doble papel. Por un lado, una vez que el conocimiento está publicado pasa a formar parte del acervo de conocimiento común sobre el que otros podrán apoyarse para seguir avanzando. Por el otro, la publicación motoriza la carrera y competencia entre científicos, ya que el sistema favorece la creación de conocimiento mediante la obtención de resultados 'originales'.

Hasta fines del siglo XX, la imprenta gráfica era prácticamente la única tecnología disponible para hacer publicaciones y el formato dominante eran las revistas. Las revistas podían publicar el texto de los artículos científicos y eventualmente algunos gráficos e imágenes. Pero toda una panoplia de información, incluyendo los datos, los cuadernos de laboratorio, los proyectos y las evaluaciones de pares, no se publicaban y con suerte quedaban archivados en alguna biblioteca. Poco de ese conocimiento se compartía y por lo tanto no se podía reutilizar.

La era digital permitió bajar los costos de publicación, distribución y reproducción de libros, revistas, música y video; la información científica no resultó ajena a este proceso. Desde entonces florecieron toda una serie de formatos de publicación que exceden a las revistas científicas. Tomemos por ejemplo a los *pre-prints* (manuscritos publicados previo a la revisión por pares) que cumplen un papel destacado en la crisis por COVID-19. Su origen se remonta a 1991 cuando se creó el repositorio de manuscritos del Laboratorio Nacional de Los Álamos (Estados Unidos), una iniciativa propia de este laboratorio para ayudar a diseminar el conocimiento generado en él y financiado por fondos federales. Al principio estaba orientado a investigadores en física, pero pronto se incluyeron también borradores de otras disciplinas como matemática, astronomía y ciencias de la computación. En 1999 el sitio adoptó el nombre de Arxiv y en 2001 pasó a ser alojado por la Universidad Cornell. Arxiv ahora dispone de más de 1.800.000 trabajos.

El objetivo de los *pre-prints* es evitar el largo proceso de revisión y publicación del sistema tradicional de revistas. En cierta forma, los *pre-prints* son artículos *in the making*: aceleran la difusión del conocimiento antes de la revisión por pares y la publicación formal. Mientras que en una revista convencional el proceso de evaluación y edición puede demorar entre cuatro meses y un año, la publicación de *pre-prints* es autogestionada y casi inmediata. Además, en ciertos sistemas los *pre-prints* están abiertos a comentarios y a compartir por redes sociales, e incluso se pueden modificar, creando nuevas versiones mientras que las originales permanecen disponibles. Esto permite seguir la evolución de los trabajos y por lo tanto aprender de sus modificaciones. Por último, son de acceso libre, no hay que pagar para obtenerlos y le ofrecen a los autores un DOI (del inglés *Digital Object Identifier*), con el que pueden certificar la existencia de ese manuscrito. Esto representa un fuerte contraste con las revistas científicas tradicionales que pueden llegar a cobrar sumas considerables por la publicación de un artículo al autor, y a su vez, también exigen un pago al lector interesado (ver recuadro).

A pesar de su dinamismo, los *pre-prints* no reemplazan a las publicaciones tradicionales: la evaluación por pares que se realiza como paso previo a la publicación formal estima la solidez y calidad del trabajo, y muchas veces resulta en una mejora de él, con sugerencias de ampliación o profundización. Este proceso le da a la publicación tradicional un valor fundamental, no solo de prestigio sino también frente a entes financiadores o para la carrera de los investigadores. Sin embargo, como muestra la pandemia, la información que proveen los *pre-prints* es una fuente invalorable de conocimiento para contrastar hipótesis y conocer las líneas de trabajo de otros laboratorios sin esperar los tiempos, a veces cansinos, de las revistas.

El uso de *pre-prints* y otras herramientas que no describimos aquí –como datos abiertos, cuadernos abiertos de laboratorio, software abierto y evaluación de pares abier-

ta– permite avizorar un futuro diferente para las publicaciones científicas. De un medio exclusivo para dar cuenta de los resultados de investigación –constreñido por las reglas editoriales y el límite de la extensión en palabras– la publicación podría comenzar a establecerse como un espacio dinámico, que puede ser enriquecido por la evaluación, las citaciones, las correcciones y los aportes que otros científicos y actores sociales puedan realizar. En cierto sentido, los *pre-prints* se parecen –en su dinamismo– más a Wikipedia o a la producción de software que a las publicaciones tradicionales. Con el acceso abierto a los elementos de evaluación y reporte de la investigación, los científicos muestran el avance de la investigación, lo que contribuye a transparentar y democratizar el proceso de producción de conocimiento científico. También, al compartir datos y herramientas de análisis, como los códigos fuente de software utilizado, se crea un capital instrumental colectivo que acelera la producción de nuevo conocimiento. A mayor acceso, mayor es la posibilidad de que otros actores reutilicen todos los resultados intermedios y finales de la investigación de alguna forma. La apertura de las publicaciones significa también una invitación a ser parte de la ciencia. Esto nos lleva al segundo punto clave de la ciencia abierta: la participación.

'No tienes que ser científico para hacer ciencia'

Si la primera ola de internet permitió experimentar con nuevas formas de acceso abierto, las redes sociales

REVISTAS CIENTÍFICAS: UN NEGOCIO EN TRANSFORMACIÓN

En junio de 2020, el MIT anunció la ruptura de las negociaciones que venía manteniendo para renovar las suscripciones a revistas de Elsevier, el mayor grupo editorial científico del mundo. La universidad señaló que rompía las negociaciones porque las propuestas de Elsevier no se ajustaban a los lineamientos adoptados por la institución para la contratación con editoriales. La decisión del MIT se suma a otros casos resonantes, como las rupturas de los acuerdos con Elsevier por parte de la Universidad de California y de la Universidad del Estado de Nueva York, o la firma de acuerdos de publicación y lectura de Springer con Projekt Deal –el consorcio de las bibliotecas de las instituciones científicas alemanas– y con la Universidad de California.

Desde el lanzamiento en octubre de 2018 del Plan S por parte de una coalición de agencias de financiamiento europeas y de dos grandes organizaciones filantrópicas –Gates Foundation y Wellcome Trust– y de los nuevos criterios adoptados por consorcios de bibliotecas para negociar contratos con las editoriales, el panorama del sistema de revistas científicas ha comenzado a cambiar. Es todavía temprano para estimar el alcance de los cambios, pero no hay duda de que las relaciones entre editoriales, bibliotecas y agencias de financiamiento de la investigación ya han sufrido modificaciones sustanciales.

¿Qué es lo que se está discutiendo? Básicamente, lo que está en cuestión en estas iniciativas es el modo de financiamiento de las revistas científicas e, indirectamente, su precio o, más precisamente, la capacidad de las editoriales científicas de fijar el precio. Hasta ahora, hay tres modos principales para financiar las revistas científicas. El predominante es el financiamiento por los propios lectores, por suscripción de revistas o de paquetes de revistas. Bajo este modo de financiamiento se concentra el mayor porcentaje del mercado de publicaciones (alrededor de 10.000 millones de dólares). Cuatro grandes conglomerados editoriales –Elsevier, Springer Nature, Taylor & Francis y Wiley– se llevan la mayor parte, representando poco más de la mitad de las revistas indexadas en la Web of Science y más del 70% de la facturación. Las suscripciones son contratadas por bibliotecas universitarias o, en algunos casos, por organismos gubernamentales como MINCYT en la Argentina.

Un segundo modo –que creció mucho en la última década– se basa en el pago de cargos por procesamiento de artículos (*article processing charges*, APC), lo que debe ser abonado por el autor. Hay revistas de acceso abierto y gratuito para su lectura –lo que se denomina acceso dorado–, pero también existen las llamadas revistas híbridas, que son revistas de suscripción que tienen artículos en acceso abierto financiados por el autor mediante APC. Esto significa que la revista híbrida cobra, por un lado, la suscripción, y por otro, al autor por APC para el acceso gratuito a su artículo. Los montos de los APC varían mucho, aun dentro de la misma editorial, y muchas veces correlaciona con el impacto y prestigio de la revista: Elsevier tiene algunas revistas de acceso abierto que cobran menos de 1000 dólares de APC, pero el APC de un artículo en *Cell* –una revista híbrida– alcanza los 5900 dólares.

Una gran parte de las revistas no se financia por ninguno de estos dos modelos, sino que es sostenida por una institución universitaria o científica que se hace cargo de los costos editoriales. La mayor parte de las revistas que se publican en América Latina entra dentro de esta modalidad.

Las iniciativas de reforma del sistema de revistas científicas tienen una justificación general en la promoción del acceso abierto –básicamente la disponibilidad en línea gratuita y sin restricciones de la producción científica–. Para ello, pueden identificarse dos estrategias diferentes, pero con algunos elementos en común. De manera sintética, el Plan S antes mencionado dispone que las publicaciones que se originen en proyectos financiados por las agencias que forman parte de la Coalición S tienen que estar disponibles en acceso abierto y de manera inmediata

digitales han permitido la construcción de prácticas de recolección de datos y análisis que potencian el carácter participativo de la ciencia abierta. Es posible mencionar variados ejemplos y metodologías de participación de ciudadanos y comunidades en la producción de conocimiento científico. Una de las prácticas más extendidas es la ciencia ciudadana, que utiliza la colaboración voluntaria de cientos de personas para recolectar, clasificar y en algunos casos analizar datos e información de interés científico en disciplinas como astronomía, biología y ecología. Se dice que el mismo Charles Darwin, que enviaba aproximadamente cuatrocientas cartas por año solicitando información a personas de todo el Imperio Británico, hacía una suerte de ciencia ciudadana *avant la lettre*.

Del mismo modo que con las publicaciones, en el caso de la ciencia ciudadana los científicos también dependían de las cartas, los cuadernos de notas y alguna tecnología analógica para recolectar datos y compartirlos. Hoy en día, personas voluntarias de proyectos de ciencia ciudadana pueden participar utilizando herramientas digitales desde su computadora o incluso desde el celular. Así, la ciencia ciudadana puede contribuir a identificar nuevas especies y patrones de migración de aves, clasificar el canto de ballenas y también ayudar a combatir la pandemia de COVID-19. Esto es precisamente lo que intenta hacer el juego online Foldit, un reconocido caso de ciencia ciudadana creado en 2008 por un equipo de investigadores y diseñadores computacionales de la Universidad de Washington.

Foldit es una suerte de Lego biológico que presenta una serie de acertijos para reconstruir estructuras de proteínas, utilizando algunas herramientas de software y

(sin los habituales embargos de doce meses), preferiblemente en revistas de acceso dorado —aunque hace lugar temporariamente a las revistas híbridas—, y a un precio razonable y con el copyright en manos de los autores. No se puede publicar en revistas de suscripción y no se pueden pagar precios excesivos de APC.

La otra estrategia es la de las coaliciones de bibliotecas universitarias y científicas. Uno de los factores que explica el ascenso en las últimas dos décadas de los grandes conglomerados editoriales y de sus ganancias ha sido su poder de negociación frente a las bibliotecas. Cualquier biblioteca universitaria aislada negocia en condiciones adversas con cualquiera de los grandes conglomerados. La unificación de criterios y estrategias de negociación entre conjuntos de bibliotecas —como lo muestran los casos de Alemania y de California— ha contribuido a equilibrar el terreno.

El instrumento utilizado por las coaliciones de bibliotecas son los acuerdos de transformación, un nombre que agrupa diferentes tipos de contratos orientados a modificar el modelo de negocios predominante, pasando de las suscripciones al pago por artículo. Entre esos acuerdos, resultan de interés los de 'publicación y lectura', que parten de la premisa de que las bibliotecas representan tanto a los lectores como a los autores de sus instituciones. Lo que hacen es unificar en un solo contrato el acceso a todas las publicaciones de la editorial con la que se firma el acuerdo y la publicación en acceso abierto de todos los artículos de los autores afiliados a la institución en las revistas de la editorial. Por ejemplo, en el acuerdo Projekt Deal-Springer, el consorcio paga los APC de todos los artículos de investigadores de las instituciones pertenecientes al consorcio y que han sido aceptados en revistas de Springer. Al mismo tiempo, todos los lectores de esas instituciones tienen acceso a todos los artículos de las revistas de Springer. Las editoriales no miran con simpatía este modelo, que les quita capacidad de negociación y, por consiguiente, de fijar precios. Sin embargo, ya hay más de 110 acuerdos de transformación firmados.

No sabemos aún cuál será la nueva configuración del negocio editorial, en qué medida las líneas de reforma progresarán o se estancarán, cuáles pueden ser sus impactos de mediano plazo sobre la producción científica o cómo afectarán los cambios a los países en desarrollo. Pero lo que resulta claro es que el modo de organización del sistema de revistas científicas, que venía siendo objeto de justificadas críticas desde hace casi dos décadas, está hoy en tensión, y que el horizonte de un acceso más amplio a la producción científica parece más cercano.

LECTURAS SUGERIDAS

news.mit.edu/2020/guided-by-open-access-principles-mit-ends-elsevier-negotiations-0611
esac-initiative.org/about/transformative-agreements/agreement-registry/

Lucas Luchilo
Magíster en política y gestión de la ciencia y la tecnología, UBA. Investigador y coordinador del área de Educación Superior de Redes (Centro de Estudios de la Ciencia, el Desarrollo y la Educación Superior).

sobre la base de proteínas reales bien conocidas. El juego aprovecha la capacidad del cerebro humano para razonar espacialmente y encontrar patrones tridimensionales que simulan la estructura de proteínas. Las personas que logran plegar las proteínas correctamente reciben puntajes y compiten entre sí o en grupos. Los científicos analizan cómo las personas con mayor puntaje resuelven intuitivamente esos acertijos y así pueden mejorar los algoritmos con los que se estudia científicamente la estructura de las proteínas. Uno de los lemas de Foldit es precisamente: 'No tienes que ser científico para hacer ciencia'. Simplemente, hay que descargar el juego de forma gratuita y seguir las instrucciones. Según Wikipedia, el sitio cuenta con más de 240.000 usuarios registrados.

Como respuesta a la pandemia, Foldit ha lanzado un desafío para identificar proteínas que se peguen a una de las proteínas del SARS-CoV-2 denominada *spike* (espiga), la que juega un papel clave en el proceso de infección. En ese sentido, estos estudios permiten buscar inhibidores de la acción del virus mediante la interacción con esta proteína. Frente al desafío, los jugadores de Foldit presentaron miles de proteínas potenciales, de las cuales se seleccionaron cien candidatas que serán sintetizadas y testeadas en el Instituto de Desarrollo de Proteínas de la Universidad de Washington.

Todavía no sabemos si los aportes voluntarios de Foldit podrán efectivamente contribuir o no con el diseño de un tratamiento para la COVID-19. Pero, si tomamos en cuenta la experiencia previa de la iniciativa, las posibilidades no son menores.

En 2010, los investigadores de Foldit lanzaron un desafío similar a la comunidad de jugadores, que consistía en resolver una proteína clave en la estructura del virus causante de HIV en monos M-PMV (del inglés *Mason-Pfizer monkey virus*), un enigma que los científicos estuvieron quince años sin poder resolver. Motivados por este desafío, un grupo de aficionados, denominado The Contenders, logró descifrar su estructura en solo quince días. Su hallazgo fue publicado en coautoría por jugadores y científicos en la revista científica *Nature Structural & Molecular Biology*.

La utilización de herramientas digitales ha permitido masificar la colaboración ciudadana en proyectos de producción de conocimiento científico. Uno de los casos más masivos de ciencia ciudadana es iNaturalist (una iniciativa de la Academia de Ciencias de California y la National Geographic Society). Esta aplicación es un esfuerzo comunitario donde los usuarios pueden compartir sus observaciones sobre plantas y animales a su alrededor, que ya supera el millón de participantes. La escala de participación en estos proyectos da cuenta del gigantesco interés que existe en el público por contribuir activamente con la producción de conocimiento científico. Al mismo tiempo, a mayor participación del público más datos se pueden recolectar y/o analizar: iNaturist ha llegado a reunir 30 millones de observaciones de más de 245.000 especies diferentes, muchas más que cualquier proyecto de ciencia tradicional. Y esto nos lleva al tercer punto: la eficiencia.

Hacia una ciencia de crecimiento exponencial

Se dice que la ciencia abierta es más eficiente que la ciencia tradicional. Casos como Foldit, iNaturalist y otros ejemplos de ciencia abierta y ciudadana permiten entrever que, con los mismos recursos y más colaboración, los científicos logran resolver los problemas de forma más rápida. Lo interesante es por qué se produce este fenómeno. El punto central es el aumento en la escala y diversidad de la colaboración. La ciencia convencional está diseñada para comunicarse y producirse en espacios limitados –el laboratorio, la universidad, la empresa innovadora– a los que prácticamente solo acceden los científicos. Frente al avance de las tecnologías digitales, el modo de archivar y acceder al conocimiento en la ciencia tradicional se revela como un mundo compartimentalizado: ¿por qué es necesario ir a una biblioteca cuando puedo acceder a las publicaciones online? ¿Por qué solo pueden acceder a los datos los investigadores de un proyecto y no todos los interesados en aportar a la solución del problema?

Por el contrario, el horizonte de la ciencia abierta incluye en principio a toda persona interesada en el conocimiento que disponga de una computadora o teléfono celular y conexión a internet. En el primer modelo, la cantidad de expertos con suerte puede crecer en forma lineal, mientras que en la segunda instancia se abre la posibilidad de generar conocimiento científico de forma exponencial: se pueden escalar por cientos y miles la cantidad de colaboradores. Esa posibilidad pone en acción diferentes mecanismos que aceleran la producción de conocimiento y, por lo tanto, permiten reforzar la búsqueda de eficiencia.

Por un lado, cuando a un grupo amplio de investigadores se les permite la posibilidad de interactuar de forma fluida se amplifica la inteligencia colectiva por la propia oportunidad de poder compartir, validar y descartar ideas, supuestos e hipótesis de investigación de manera inmediata. Un ejemplo de esto es el Proyecto Genoma Humano, para el cual en 1990 veinte organizaciones de todo el mundo se propusieron el objetivo de descifrar el mapa genético humano para compartirlo abiertamente en quince años, y lo lograron en trece.

Por otro lado, la oportunidad de ampliar la diversidad de actores que participan en ciencia genera otros mecanismos, como la posibilidad de que un grupo con habilidades diferentes pueda resolver problemas que ningún actor de ese grupo podría resolver de forma individual, lo que se ha dado a conocer como la sabiduría de las masas.

La apertura suma más decididamente la mirada de actores no científicos que poseen conocimientos técnicos o experienciales y pueden contribuir con nuevas ideas o datos. Los proyectos de ciencia ciudadana demuestran que miles de personas están interesadas en participar en la producción de conocimiento científico. Pero estos proyectos son una gota de agua en el océano de los miles de millones de personas que participan a diario de las redes sociales digitales. Se trata de un gigantesco potencial de colaboración que permanece inexplorado y que podría ser cultivado en beneficio de la humanidad.

El potencial de la ciencia abierta llega justo a tiempo frente a otros desafíos globales que la ciencia viene anunciando desde hace décadas: la crisis climática, la pérdida de biodiversidad y el agotamiento de los recursos naturales. A medida que la investigación científica enfrenta problemas cada vez más complejos y multifacéticos, el aporte de otras disciplinas y saberes se vuelve cada vez más necesario. Por supuesto, estos desafíos no se pueden encarar sin un aumento significativo de la inversión en ciencia y tecnología. ¿Pero tiene sentido realizar estos esfuerzos sin revisar los marcos actuales de gestión del conocimiento? ¿Tiene sentido producir ciencia siguiendo los modelos institucionales del siglo XIX y XX en un mundo de tecnologías digitales y acceso global a la información?

La irrupción de las prácticas de ciencia abierta en el contexto de COVID-19 es una oportunidad única para cambiar los esquemas de incentivos y transformar la forma de producir conocimiento. Se trata de un momento especial en que los intereses de distintos actores confluyen: se necesita lograr soluciones rápidas, confiables y accesibles, y abrir la ciencia parece ser la mejor manera de lograrlo. CH

LECTURAS SUGERIDAS

CATLIN-GROVES CL, 2012, 'The citizen science landscape: From volunteers to citizen sensors and beyond', *International Journal of Zoology*, 12. DOI *10.1155/2012/349630*

FRESSOLI JM y ARZA V, 2018, 'Los desafíos que enfrentan las prácticas de ciencia abierta', *Teknokultura*, 15, 2: 429–448. DOI *10.5209/tekn.60616*

KUPFERSCHMIDT K, 2020, 'A completely new culture of doing research: Coronavirus outbreak changes how scientists communicate', *ScienceMag*. DOI *10.1126/science.abb4761*

MCKIERNAN EC, BOURNE PE, BROWN CT, BUCK S, KENALL A, MCDOUGALL D, NOSEK BA, RAM K & SODERBERG CK, 2016, 'How open science helps researchers succeed', *ELIFE*, 1-26. *dx.doi.org/10.7554/eLife.16800*

WEINBERGER D, 2012, *Too Big to Know: Rethinking knowledge now that the facts aren't the facts, experts are everywhere, and the smartest person in the room Is the room*, Nueva York, Basic Books.

Mariano Fressoli

Doctor en ciencias sociales, UBA. Investigador adjunto del Conicet en el Centro de Investigaciones para la Transformación (CENIT), Escuela de Economía y Negocios, UNSAM.
mfressoli@unsam.edu.ar

Valeria Arza

Doctora en política científica y tecnológica, SPRU, Universidad de Sussex, Reino Unido. Investigadora independiente del Conicet en el Centro de Investigaciones para la Transformación (CENIT), Escuela de Economía y Negocios, UNSAM.
varza@unsam.edu.ar

Jeremías Dutto, Lucía Boffelli, Gerardo Gatti y Mariana Maccioni
Departamento de Bioquímica Clínica, Facultad de Ciencias Químicas,
Universidad Nacional de Córdoba, CIBICI-Conicet

Luces y sombras del sistema inmunológico en COVID-19

La enfermedad COVID-19 (siglas del inglés *CoronaVirus Disease 2019*) causada por el nuevo coronavirus SARS-CoV-2 (del inglés, *Severe Acute Respiratory Syndrome CoronaVirus 2*) ha afectado a millones de personas en todo el mundo, promoviendo un esfuerzo sin precedentes de la comunidad científica para comprender esta enfermedad. Las presentaciones clínicas de la COVID-19 son muy variables, con aproximadamente 80% de los infectados sin síntomas o con solo síntomas leves, mientras que alrededor de 20% sufren las formas más graves asociadas a neumonía, insuficiencia respiratoria y en algunos casos la muerte.

La función del sistema inmunológico es defendernos contra los agentes extraños y, al mismo tiempo, mantener bajo control cualquier proceso donde la respuesta inmune se dispara, manteniendo así la *homeostasis*, es decir, la armonía del organismo.

Hoy sabemos que el virus SARS-CoV-2 infecta a las células del sistema respiratorio, en un proceso infeccioso que puede provocar síntomas similares a una gripe, aunque, como este virus es hábil para alterar la respuesta inmunológica que él mismo gatilla, esta puede, si se descontrola, desencadenar daño en el tejido pulmonar. Esto último ocurre en un pequeño porcentaje de pacientes, en quienes esta reacción de su propio sistema inmunológico es exagerada.

En esta revisión exploraremos los mecanismos inmunológicos descriptos hasta hoy que están involucrados en la defensa contra SARS-CoV-2 y que, en la gran mayoría de las personas infectadas lleva a su recuperación y cura, pero que en otras puede contribuir a su muerte.

SARS-CoV-2: el virus que nos cambió la vida

Los virus son agentes infecciosos incapaces de sobrevivir y reproducirse por sí mismos; necesitan ingresar al

¿DE QUÉ SE TRATA?

¿Cuál es el papel del sistema inmunológico en COVID-19? ¿Cuáles son los mecanismos inmunológicos que nos defienden de SARS-CoV-2? ¿Por qué algunas personas llegan a una COVID-19 severa?

Hisopado nasal para la detección del SARS-CoV-2

interior de una célula anfitriona para ejecutar sus funciones. Una vez que ingresan o infectan a esta célula, se multiplican en su interior, hasta que la célula eclosiona expulsando las nuevas partículas virales al exterior, listas para infectar nuevas células.

El SARS-CoV-2 está compuesto por una molécula de ácido ribonucleico (ARN, la molécula que contiene la información genética del virus) en una envoltura lipoproteica de aproximadamente 100nm de diámetro, esto es, veinte veces más pequeño que una bacteria promedio. Su superficie está cubierta de proteínas llamadas *spike* (en castellano, espiga) o simplemente proteínas S, que forman una corona que le da al virus su nombre. SARS-CoV-2, como tantos otros virus respiratorios, ingresa a nuestro cuerpo principalmente a través de las mucosas que tapizan nuestra boca y nariz. Una vez en el interior del cuerpo el virus presenta una tasa de replicación altísima; se ha llegado a encontrar más de un millón de moléculas de ARN en un solo hisopado nasofaríngeo. Dado este contexto, no es difícil para el virus llegar a lo más profundo de las vías aéreas, los sacos alveolares del pulmón, donde infecta a los neumocitos (las células del epitelio respiratorio).

El ingreso de SARS-CoV-2 a los neumocitos está mediado por uniones muy específicas entre la proteína S y proteínas de la membrana plasmática de la célula hospedadora: la enzima convertidora de angiotensina II (ACE II). Esta interacción, si bien clave, requiere la acción de otras proteínas, como la proteasa TMPRSS2, que activa a la proteína S, facilitando la entrada del virus al interior de la célula. ACE II es una molécula presente en muchos tipos celulares, cumpliendo funciones fisiológicas, y el virus la aprovecha como puerta de ingreso a la célula.

Es en ese momento, en el interior de la célula, cuando se activan las primeras herramientas del sistema inmunológico: el *sistema inmune innato*.

Se encienden las alertas contra el virus: el sistema inmune innato entra en acción

La primera rama del sistema inmune que responde frente a la entrada de un agente extraño o agresor son las células y mediadores del denominado sistema inmune innato. Este sistema es la primera línea de defensa contra las infecciones y es filogenéticamente la parte más antigua del sistema inmune. Se cree que coevolucionó con los microbios para proteger a todos los organismos multicelulares de las infecciones, y que apareció hace 750 millones de años. Esta rama de la respuesta inmune incluye células y moléculas que preexisten a la infección y que están pre-

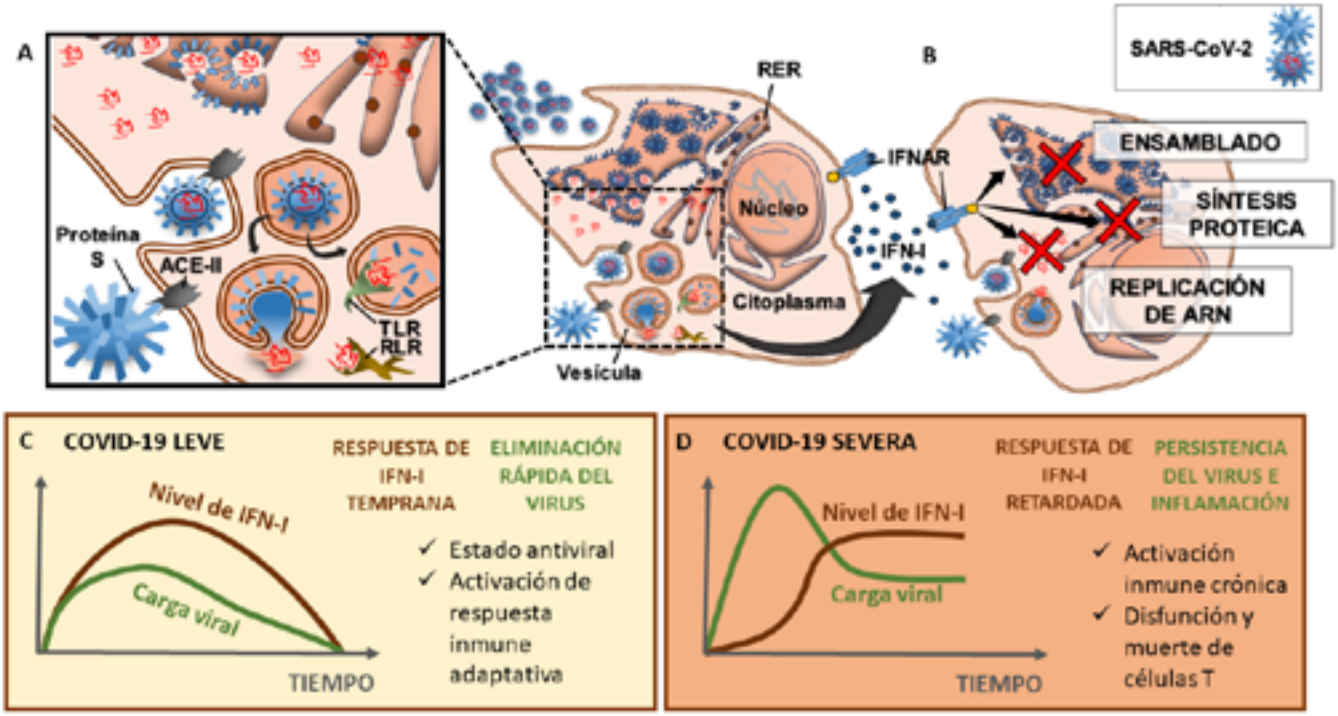


Figura 1. Reconocimiento del SARS-CoV-2 por receptores del neumocito y el papel de interferones tipo-I suprimiendo la replicación viral. **A:** el SARS-CoV-2 ingresa al neumocito (célula rosa). Este proceso requiere de la interacción de la proteína S en su envoltura (espigas azules) con la enzima convertidora de angiotensina II (ACE II, gris) en la membrana plasmática de la célula. Otras moléculas intervinientes en esta interacción inicial se omiten para simplificar el proceso. Una vez en el interior de la célula, el virus es detectado por los receptores tipo RIG (RLR) en el caso de que el material genético del virus (líneas rojas) se libere en el citoplasma o por los receptores tipo Toll (TLR) cuando se encuentra en el interior de vesículas. Este reconocimiento activa la liberación de IFN-I que se unirán a sus receptores (IFNAR, del inglés *IFN-I receptor*) presentes en el mismo neumocito y en neumocitos vecinos, promoviendo la expresión de genes que bloquean la replicación viral por distintos mecanismos. **B:** la interacción de INF-I con los receptores inhibe la replicación del material genético del virus, la síntesis de las proteínas en el retículo endoplásmico rugoso (RER) y el ensamblado del virus para su posterior liberación. **C y D:** correlación entre la gravedad de la enfermedad y los niveles de INF-I (adaptado de Park e Iwasaki, 2020). **C:** una respuesta de IFN-I temprana llevaría a la rápida eliminación del virus, por lo que resulta en una enfermedad leve. **D:** la respuesta de IFN-I retardada llevaría a la persistencia del virus y de la inflamación, y a un estado inmunológico alterado que resulta en una enfermedad severa.

paradas para responder a las pocas horas. Además, esencialmente responde de la misma manera a exposiciones repetidas, sin cambiar en calidad o en magnitud.

Está constituido por células tales como macrófagos, neutrófilos, monocitos, células citotóxicas naturales (*natural killer* o NK), entre otras, algunas circulando en sangre, otras presentes en los distintos tejidos. Además, incluye a muchas *citoquinas*, proteínas solubles que actúan como mensajeros entre células, encargadas de regular y coordinar muchas actividades fundamentales.

Los neumocitos infectados por el SARS-CoV-2 son células vitales porque intervienen en la respiración, pero no son células especializadas del sistema inmune innato. Sin embargo, comparten algunas características con ellas, ya que son capaces de activarse y ejecutar un programa de defensa al reconocer el ARN viral en su interior. Dado que muchos otros virus también poseen ARN, una estructura molecular que se ha conservado en la historia evolutiva de los virus, estos sistemas de defensa lo reconocen independientemente de las diferencias entre sus secuencias, identificando estructuras moleculares comunes a determinados grupos de agentes infecciosos. Así, el ARN viral es rápidamente reconocido como peligroso por estos receptores expertos en detectar su presencia: los receptores tipo Toll (TLR, del inglés *Toll-like receptors*) y tipo RIG (RLR, del inglés *Retinoic acid inducible genes like receptors*) (figura 1). Este encuentro inicia la respuesta inmune antiviral y la generación de los *interferones tipo I* (IFN-I), citoquinas especializadas en 'interferir' con la replicación viral (y de ahí su nombre). Así, se evita que las células vecinas sean invadidas y convertidas en fábricas de virus, incapaces de cumplir con sus funciones vitales. La calidad y rapidez con la que se desata esa primera ola de IFN-I es crucial para el control de la reproducción viral y por ende en el devenir de la enfermedad (figura 1). No se sabe exactamente qué receptores están involucrados en el reconocimiento inicial de SARS-CoV-2, pero la magnitud y el momento en el que se gatilla esta respuesta de IFN-I están en el foco de numerosas investigaciones.

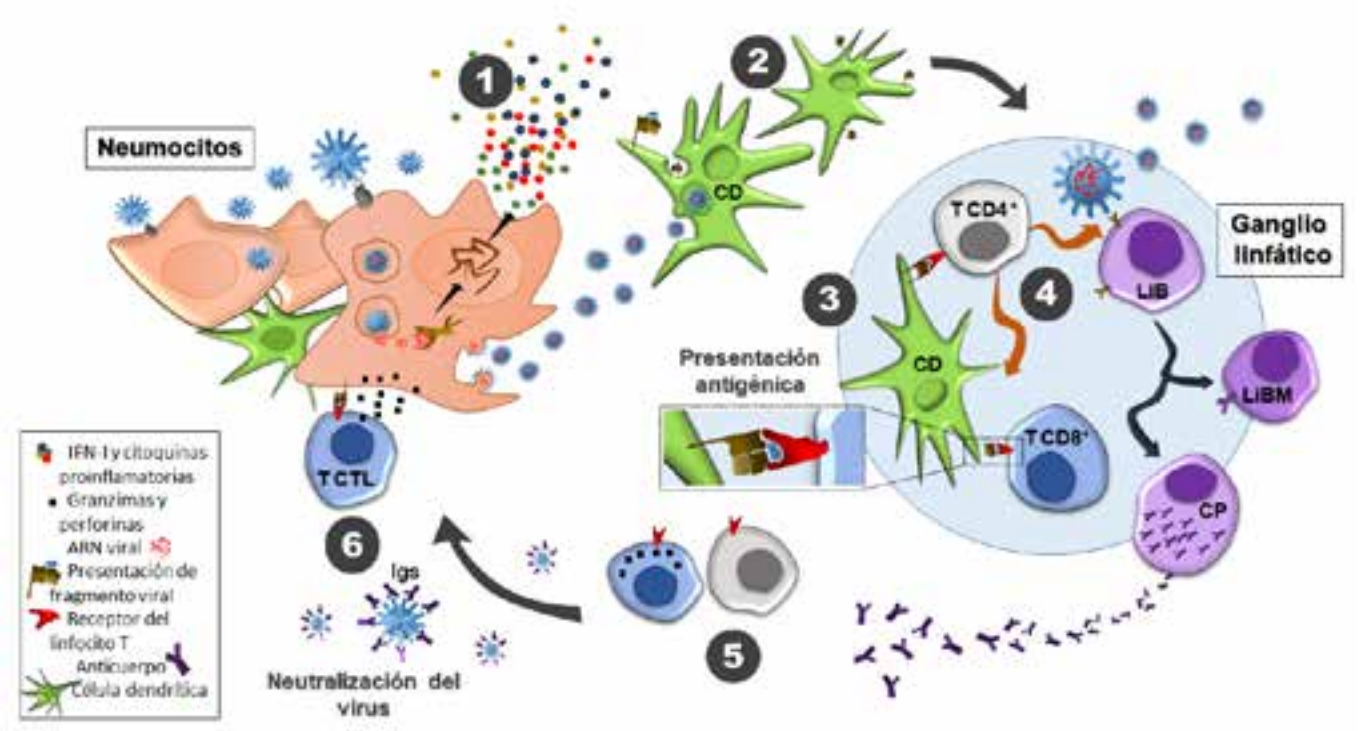


Figura 2. Respuesta inmune adaptativa frente a la infección por SARS-CoV-2. El virus ingresa a los neumocitos (ver figura 1, representados nuevamente como células rosas en esta figura), provocando la liberación de citoquinas proinflamatorias e IFN-I (circulos coloreados) **(1)** por otro lado, las células dendríticas (*CD,* verdes) captan antígenos provenientes del virus **(2)** y migran hacia el ganglio linfático más cercano (simbolizado por el círculo celeste) donde presentarán fragmentos del virus en su superficie (marcados como 'banderas'). En un proceso conocido como presentación antigénica **(3)**, los linfocitos T CD4 y CD8 específicos los reconocen y se activan. Al mismo tiempo, también habrá linfocitos B que podrán reconocer al virus directamente. Los linfocitos T CD4$^+$ cooperarán con la activación de los linfocitos T CD8$^+$ y los linfocitos B (flechas naranjas) **(4).** Los linfocitos B (*LiB*) se diferenciarán a células plasmáticas (CP) capaces de liberar grandes cantidades de anticuerpos (Inmunoglobulinas, ejemplificados con IgG y representados como letras Y violetas, por su estructura) que neutralizarán las partículas virales en el sitio de la infección. También se diferenciarán a linfocitos B de memoria (*LiBM*) capaces de responder rápidamente contra el virus ante una infección posterior. Los linfocitos T activados migrarán al foco de infección **(5)** donde los linfocitos T CD8$^+$ citotóxicos (*CTL*) **(6)** reconocerán fragmentos del virus presentado por los neumocitos infectados, y lo eliminarán mediante la liberación de granzimas y perforinas (cuadrados negros), entre otros mecanismos.

Las células infectadas no están solas en su lucha: las acompañan los macrófagos alveolares, células especializadas de la inmunidad innata que residen en el pulmón y que rápidamente detectan la agresión, activándose y liberando citoquinas 'proinflamatorias', que alertan al organismo de la existencia del peligro. Entre ellas, están TNF, IL-1β e IL-6 que activan la generación de fiebre y atraen al pulmón otras células del sistema inmunológico como neutrófilos y linfocitos. Comienzan a reclutarse células de la sangre al pulmón, como monocitos y neutrófilos, quienes liberarán sustancias muy agresivas, tales como especies reactivas de oxígeno, leucotrienos y enzimas proteolíticas que forman parte de la respuesta inflamatoria orientada a controlar la agresión viral. Si esta reacción inflamatoria inicial no elimina al virus lo suficientemente rápido o no es controlada por mecanismos regulatorios, las células sanas pueden sufrir catastróficos daños colaterales.

Entre las células de la inmunidad innata, están las *células dendríticas* (CD, figura 2), que (al igual que los macrófagos antes mencionados) residen en los diferentes órganos y tejidos y funcionan como centinelas, capturando partículas virales que digieren en pequeños fragmentos. Así, estas células dendríticas se cargan de estos pequeños fragmentos virales y los transportan al ganglio más cercano para mostrárselos expuestos en su superficie a los *linfocitos T* y así activarlos, en un proceso conocido como *presentación antigénica* (figura 2). Las células dendríticas son claves como nexo entre la respuesta inmune innata y la segunda línea de defensa contra la infección: el sistema inmune adaptativo.

La respuesta antiviral se perfecciona: se activa el sistema inmune adaptativo

La respuesta inmune adaptativa lleva más tiempo en orquestarse debido a que las células que la componen, los linfocitos, detectan detalles finos de la estructura molecular de, por ejemplo, un patógeno, lo cual les permi-

te distinguir sutiles diferencias entre microorganismos muy parecidos. En ese sentido, y considerando que los requerimientos para su 'encendido' son más complejos, es una respuesta más lenta pero que permite el desarrollo de una respuesta inmunológica mucho más exitosa. Además, el sistema adaptativo, conformado por los linfocitos T y B, posee memoria: es capaz de ir creciendo en magnitud y en capacidad de defensa con cada reexposición a la agresión. Si bien los linfocitos tienen la capacidad de reconocer detalles finos de la estructura de un virus en particular, puede suceder que si, por ejemplo, un paciente se ha infectado con un virus A y al cabo de un tiempo se encuentra con un virus B muy similar, el sistema adaptativo se 'confunda' y reaccione como si fuera el segundo encuentro con A, respondiendo con la magnitud característica de un segundo encuentro. Esto se conoce como reactividad cruzada. En el caso del SARS-CoV-2, se ha descripto que linfocitos que se han activado frente a otros coronavirus causantes de resfríos comunes pueden reactivarse frente a SARS-CoV-2 (al menos *in vitro*), aunque el impacto de este hecho en el desarrollo de la enfermedad no se conoce con certeza.

Entre los linfocitos T, la subpoblación de *células T CD8*$^+$ (figura 2) cumple un rol primordial en la defensa antiviral porque, ante una célula infectada, la detecta e induce su muerte, sin dañar a las células vecinas sanas. Para que esto ocurra eficientemente estas *células T CD8*$^+$ *citotóxicas* (CTL, del inglés *cytotoxic T lymphocytes*, figura 2) tienen que haber visto fragmentos virales presentados por una célula dendrítica en el ganglio más cercano y haber recibido la ayuda de otra población de células T: las *células T CD4*$^+$ *cooperadoras*. Una vez activadas en el ganglio linfático, migran al sitio de infección, donde las células T CD8$^+$ CTL reconocen a la célula infectada, generando poros en su membrana e induciéndole su muerte (figura 2).

Otros grandes actores de la inmunidad adaptativa son los *linfocitos B* (LiB, figura 2), que inmediatamente después de la identificación del agente agresor comienzan un proceso de transformación o *diferenciación* a *células plasmáticas* (CP, figura 2), verdaderas fábricas productoras de anticuerpos o inmunoglobulinas (*Igs*, figura 2). Así, las células plasmáticas liberan los anticuerpos a los líquidos biológicos. Las Ig se adhieren a las partículas virales neutralizándolas e impidiendo su ingreso a las células del organismo. En el ser humano, estas Ig pueden ser de cinco tipos diferentes, cada uno con funciones y ubicaciones características: *IgM*, *IgG*, *IgA*, *IgE* e *IgD*. El primer tipo de anticuerpo que aparece en sangre a la semana aproximadamente de la infección con cualquier organismo es la *IgM*, seguida por la *IgG* que aparece un poco más tardíamente. La *IgA* también se encuentra en sangre, pero es más abundante en saliva y en otras secreciones mucosas. El SARS-CoV-2 provoca una respuesta rápida de linfocitos B, como lo demuestra la detección de anticuerpos de tipo IgM, IgG e IgA, aunque se ha descripto que IgM e IgG pueden aparecer simultáneamente, o en algunos casos el proceso de respuesta directamente produce IgG.

La respuesta de los linfocitos T y B a un virus sirve no solo para proteger del desafío inicial, sino también para ofrecer inmunidad extendida contra la reinfección. En efecto, cuando los linfocitos reconocen a un determinado patógeno, se gatillan una serie de eventos moleculares que promueven la *memoria inmunológica*: generación de poblaciones de linfocitos con mayor vida media, una ubicación particular en los distintos tejidos y una capacidad de acción más rápida y eficiente. Por ejemplo, después de la resolución de una infección, las células plasmáticas formadas al inicio de la infección y durante el período convaleciente continúan secretando anticuerpos por un período extendido de tiempo. Además de las células plasmáticas especializadas en la producción de anticuerpos, existen células B de memoria, de larga vida media, que también se forman durante la infección primaria y que constituyen el segundo brazo de la memoria humoral (LiBM, figura 2). Estas células B de memoria pueden responder rápidamente a una reinfección generando nuevas células plasmáticas. A largo plazo, la protección contra una reinfección se logra mediante la inducción de células plasmáticas de larga duración y células B y T de memoria. En el caso de la infección con SARS-CoV-2 queda el interrogante si este puede gatillar estos procesos y, por ende, por cuánto tiempo una persona recuperada estará protegida frente a esta misma infección en el caso de un nuevo brote. Del mismo modo, todavía no se puede determinar con certeza el tipo y la duración de la memoria inmunológica que se induciría con las vacunas que actualmente se están testeando.

Estos mecanismos inmunológicos funcionan adecuadamente y en forma concertada en la gran mayoría de los pacientes con COVID-19 leve, eliminando el virus que los asedia (figura 1C). A medida que se controla la infección, normalmente hay un punto de inflexión asociado con la entrada en una fase de resolución y reparación del tejido dañado y lentamente se vuelve a la homeostasis.

El problema en la COVID-19 severa: el descontrol del sistema inmunológico

En más del 80% de los pacientes de COVID-19 la respuesta inmune antiviral, principalmente la respuesta mediada por IFN-I y células T CD8$^+$, es muy efectiva, y la enfermedad transcurre con síntomas leves o

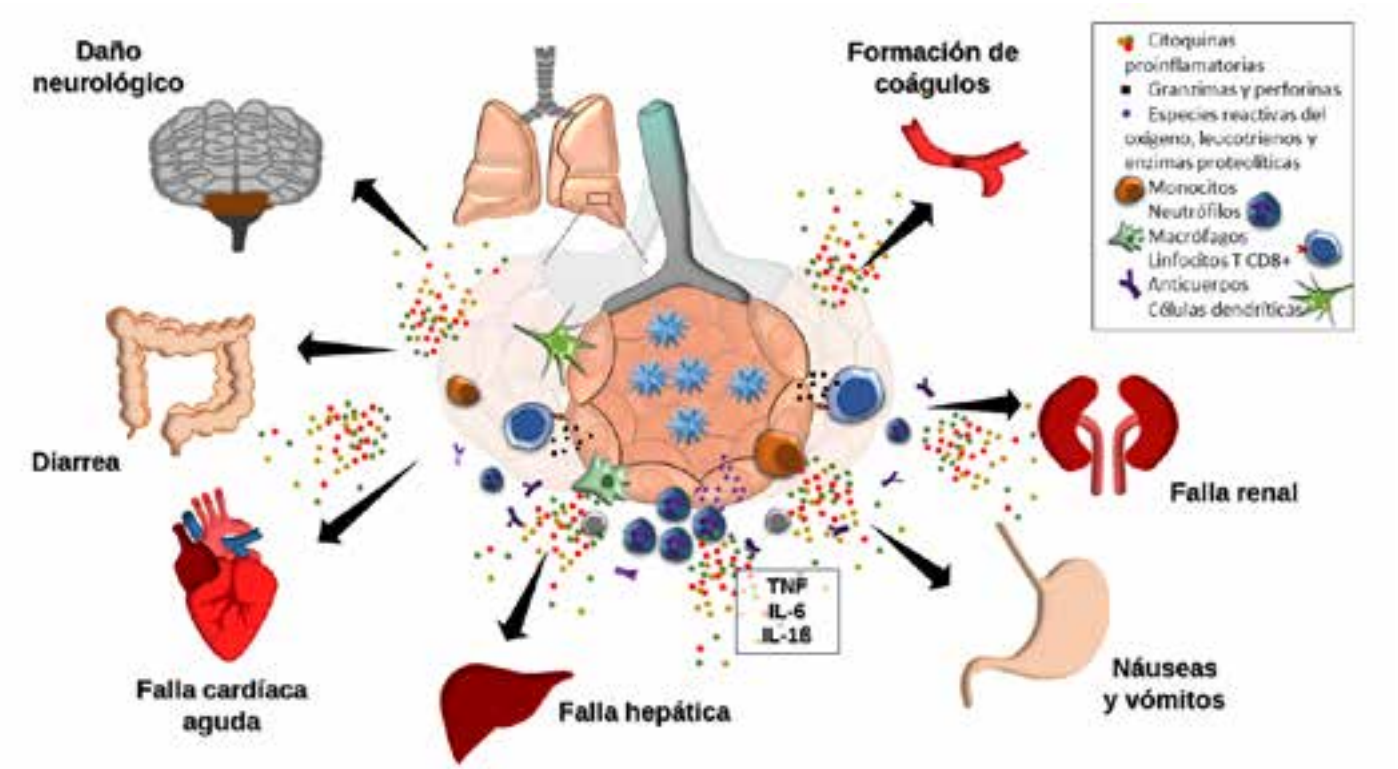


Figura 3. Efecto de la 'tormenta de citoquinas' en múltiples órganos. En los alvéolos pulmonares, que son estructuras dentro del pulmón en donde se encuentran los neumocitos (representados en el centro de la figura), la presencia del SARS-CoV-2 será detectada como se detalló en la figura 1. Esto llevará a la liberación de grandes cantidades de citoquinas proinflamatorias tales como interleuquina 6 (*IL-6*), interleuquina 1 beta (*IL-1β*) y factor de necrosis tumoral (*TNF*), simbolizados por los círculos coloreados. El fenómeno de este modo va dejando de ser local y, al circular estas citoquinas, se reclutarán células del sistema inmune desde la sangre tales como monocitos o neutrófilos, que intentarán eliminar al virus, y los linfocitos T $CD4^+$ y $CD8^+$ citotóxicos. Si la infección no se controla a tiempo, la gran cantidad de mediadores inflamatorios desencadenarán falla respiratoria y un daño más allá del pulmón, que provocará la falla de diversos órganos, como el corazón, los riñones, el hígado, etcétera. Además, podría producirse daño neurológico, la formación de coágulos e importantes afecciones gastrointestinales.

de manera asintomática. Sin embargo, en la población de riesgo (mayores de sesenta y cinco años y pacientes inmunocomprometidos o con comorbilidades –patologías preexistentes que pueden agravar la enfermedad, como diabetes, obesidad severa, enfermedades cardiovasculares o hipertensión–) todo parece indicar que la respuesta inicial de IFN-I es débil o se inicia demasiado tarde, cuando el virus se replicó demasiado. Además, se sabe que los coronavirus han desarrollado muchos mecanismos para evadir la acción de los IFN-I, que sumados al deterioro inmunológico de estos pacientes pueden agudizar la severidad de la enfermedad (figura 1D).

Se ha visto que pacientes con COVID-19 severa, al igual que con otras infecciones respiratorias, cursan con un número disminuido de linfocitos T en sangre, lo que se denomina *linfopenia*. No se conocen exactamente las causas de esta linfopenia, ya que no hay evidencias ciertas de que los linfocitos T sean infectados con el virus, pero sí se ha observado presencia de marcadores indicativos de muerte celular en ganglios y en bazo, órganos donde residen muchas poblaciones inmunológicas. Otras hipótesis sugieren que el bajo número de linfocitos en sangre se debe a un reclutamiento masivo de estas células al sitio primario de infección. Lo cierto es que la causa de esta marcada linfopenia es controvertida. Por otro lado, dicha linfopenia es más severa cuanto más elevados sean los niveles de IL-6 y de otros marcadores inflamatorios que se pueden medir fácilmente en un laboratorio de análisis clínico. Los niveles de estos parámetros en sangre son marcadores de la severidad de la enfermedad, ya que se asocian a un mal pronóstico.

En la primera fase de la infección, denominada *fase viral*, se puede detectar la presencia del ARN viral en los hisopados nasofaríngeos, a través de la técnica de PCR. Algunos pacientes que no pueden controlar la infección exitosamente van a entrar en lo que se denomina la *fase pulmonar*, cursando con neumonía, que se puede complicar con infecciones bacterianas. Pero el problema más grave se suscita en la población de riesgo.

Además de esta linfopenia marcada, los estudios recientes sugieren que los casos fatales asociados a SARS-Cov-2 se deben a la activación descontrolada principal-

mente del sistema inmune innato y no al daño ocasionado por el virus. Los niveles de citoquinas proinflamatorias en sangre tales como IL-6, TNF, IL-1β están sumamente elevados, lo que se conoce como *síndrome de liberación de citoquinas* o *tormenta de citoquinas*, que se caracteriza por fiebre persistente e inflamación generalizada y progresiva. En este contexto, la insuficiencia respiratoria es lo más prominente, pero también el corazón, el sistema nervioso central y los riñones se verán afectados, lo que se denomina *síndrome de dificultad respiratoria aguda* y *síndrome de falla multiorgánica* (figura 3). Así, en los pacientes no tratados la tormenta de citoquinas suele ser mortal. El dosaje de IL-6 es entonces de crucial importancia, ya que sus niveles elevados se asocian con la gravedad de la enfermedad. Esta fase se suele denominar *fase hiperinflamatoria*.

Para empeorar la situación, esta inflamación exacerbada impacta en las células endoteliales (es decir, las células que cubren los vasos sanguíneos), activándose la cascada de coagulación y promoviéndose la generación de coágulos asociada a los niveles elevados de citoquinas proinflamatorias.

No se sabe por qué algunos pacientes transitan a la forma severa de la enfermedad ni por qué se desencadena la tormenta de citoquinas, pero es decisivo lograr predecir qué pacientes van a desarrollarla para así establecer una terapia adecuada. Recientemente, el uso de dexametasona (un corticoide habitual en la práctica médica con potente efecto antiinflamatorio) redujo la mortalidad en los pacientes más graves, así como también la utilización de fármacos que bloquean la IL-6 ha resultado alentadora.

Si bien la humanidad a lo largo de su historia ha sufrido numerosas plagas inmortalizadas en inolvidables obras de arte y literatura, la pandemia que nos toca vivir es única por la gigantesca conectividad de nuestro mundo actual; del mismo modo es inigualable el esfuerzo científico para lograr la inmunidad tan esperada frente a SARS-CoV-2. La enorme experiencia acumulada en entender nuestro sistema inmunológico y las infecciones con otros coronavirus nos permiten hoy avizorar con esperanza la llegada en tiempo récord de las tan ansiadas vacunas. CH

LECTURAS SUGERIDAS

ALTMANN DM & BOYTON RJ, 2020, 'SARS-CoV-2 T cell immunity: Specificity, function, durability, and role in protection', *Science Immunology*, 17, 5: 2350.

BAUMGARTH N *et al.*, 2020, 'Antibody responses to SARS-CoV-2: Let's stick to known knowns', *The Journal of Immunology*, 205, 9: 2342-2350.

PARK A e IWASAKI A, 2020, 'Type I and Type III Interferons: Induction, signaling, evasion, and application to combat COVID-19', *Cell Host & Microbe*, 27: 870-878.

VABRET N *et al.*, 2020, 'Immunology of COVID-19: Current state of the science', *Immunity,* 52, 6: 910-941.

WIERSINGA WJ *et al.*, 2020, 'Pathophysiology, transmission, diagnosis, and treatment of Coronavirus Disease 2019 (COVID-19). A review', *JAMA*, DOI *10.1001/jama.2020.12839.*

Jeremías Dutto
Licenciado en biología, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, UNC.
Profesor asistente de inmunología, FCQ-UNC.
Becario doctoral, Conicet.

Lucía Boffelli
Licenciada en química, Facultad de Ciencias Químicas, UNC.
Profesora asistente de inmunología, FCQ-UNC.
Becaria doctoral FONCYT.

Gerardo A Gatti
Doctor en ciencias químicas, Facultad de Ciencias Químicas, UNC.
Investigador asistente del Conicet.
Fundación para el Progreso de la Medicina.

Mariana Maccioni
Doctora en ciencias químicas, Universidad Nacional de Córdoba.
Profesora asociada.
Investigadora principal del Conicet.
Directora del Departamento de Bioquímica Clínica, Facultad de Ciencias Químicas, UNC.
mariana.maccioni@unc.edu.ar

Crossfit cerebral #6

Matemática, ilusiones y humor

¿Sueñan los barriletes cósmicos con ovejas que no manchan?

Como ante cualquier hecho, científico o no, hemos escuchado, leído, visto y hasta olfateado versiones de lo más variopintas, con o sin asidero alguno, acerca de la vida y la muerte… de Diego A Maradona Z'L'.

La expresión Z'L' es la abreviatura de una bellísima expresión hebrea, *Zijarón leibrajá*, que traducido al castellano quiere decir 'bendito sea su recuerdo' o 'bendita sea su memoria', según quien lo traduzca. Es el equivalente del muy usado Q.E.P.D., o su equivalente en latín R.I.P., que quieren decir 'que en paz descanse'. Personalmente me convence y conmueve más la idea de bendecir la memoria o el recuerdo de alguien que ha partido, que el pensar que 'está descansando' porque eso sería –acá les dejo una tarea a mis amigos biólogos– pensar 'la vida como equivalente al cansancio y la muerte al descanso'.

Si bien de la muerte no sé nada, de la vida sí quiero pensar que 'es algo más que simplemente cansarse', y además –tarea aquí para los amigos lingüistas–, sería un oxímoron la expresión 'estoy muerto de cansancio' que tanto se usa en la vida cotidiana

Pero volvamos al Diego y las *fake*, los rumores, dimes, diretes y chismes, las leyendas, los misterios, mitos y ritos varios que han corrido sobre él.

Se lo ha tratado de dios, con lo que se le han atribuido características inmortales (los dioses, si de algo carecen, es de mortalidad, lo que puede ser una desdicha, según el punto de vista de Drácula), se lo ha elevado audaz en vuelo triunfal, cual barrilete cósmico, se le han adjudicado resurrecciones diversas, se lo ha denostado canallamente por ser, justamente, un ser humano con fortalezas y debilidades como el resto de sus congéneres (¿o debo decir congéneros y congéneras?), se lo ha idolatrado con el único mentiroso fin de quitarle méritos (los ídolos, ya lo sabemos, se crean para ver cómo se derrumban, hay más de dos mil años de experiencia en esto), se lo ha reducido, como solamente los portadores enfermos de la más rancia ignorancia pueden hacerlo, a 'jugador de fútbol', y tanto, tanta y tante más.

Pero hay una frase que empezó a escucharse allá por los 70, casi en el debut profesional adolescente, en ese grupo de 'bichos colorados' que tanto sorprendió a los entomólogos: 'Diego la rompe'.

Sí, Diego la rompe, pero si quiero ser más inclusivo y pluralista, debo agregar una ese más: Diego 'las rompe'.

Porque no se trata solo de 'romperla' en la cancha, Diego Maradona rompió con muchas reglas, de diversas ciencias, de las duras y de las otras:

- 'Toda pelota que penetra en el arco contrario impulsada por el miembro superior de quien ejecuta esta acción debería ser considerada como *hands* y no como gol.' Es una de las leyes de la ciencia futbolística, que Diego 'rompió en el 86'.
- 'Si un equipo genera 69 posibilidades de gol y el otro, una sola, lo más probable es que gane el primero de los nombrados.' Esta ley fue rota por Diego, con la complicidad de su colega Claudio Caniggia en el mundial 90, en el partido Brasil 0 (69 chances)-Argentina 1 (una chance).
- 'Si una pelota es impulsada en un sentido por un jugador, y hay siete contrarios intentando frenarlo, lo más probable es que alguno de ellos lo logre.' Ley rota por Diego en el segundo gol, el del barrilete cósmico, allá en el mundial 86.
- 'Ley de identidad de número.' Así como hoy en día se acepta que una persona 'cambie de género', no está aceptado (aún) que alguien pueda ser 3, 5 o 27 personas encerradas en un solo cuerpo. Diego mostró, gran cantidad de veces, que él solo jugaba como si fuera todo un equipo completo (11 jugadores, o pongámosle 10, el arquero aparte).
- 'Ley de identidad de edad.' Una persona mayor de edad no puede ser considerada, por más que así se sienta, un niño. Sin embargo, en el partido contra Inglaterra, mundial 86, Diego, que tenía entonces veinticinco años, hizo dos goles que solamente un niño puede hacer.
  - El primero, imitando el famoso 'rin-raje' (para los milenials y centenials: juego infantil de la prehistoria, cuando los chicos salían a la calle –sin celu ni tablet–, tocaban el timbre y salían corriendo. Quizá siga existiendo con otro nombre). Diego hizo el gol con la mano, salió corriendo como para que nadie se dé cuenta, y se lo dieron por válido.
  - El segundo: ningún doctorando, magistrando o posgraduando de ninguna profesión se le ocurriría, solo, defender su tesis frente a siete eminencias de la materia que piensan en contra de sus principios científicos. Un niño, en cambio, puede pensar '¿y si los eludo a los siete y les hago el gol?', aunque tenga a más de media selección inglesa del lado de enfrente.

Bien, espero haber demostrado en este pequeño *paper* mi tesis resumible en tres palabras: 'Diego las rompe'. Gracias por haberme leído, señores del jurado.

Rudy

#TeRegaloUnTeorema

Teorema (de la pelota de fútbol)

La pelota no se mancha, y gira siempre alrededor de un eje.

La segunda parte del teorema se la debemos a Euler (la primera no necesita cita) y también se la conoce como teorema de rotación de Euler, quien en 1776 escribió:

> *Theorema***.** Quomodocunque sphaera circa centrum suum conuertatur, semper assignari potest diameter, cuius directio in situ translato conueniat cum situ initiali.

Que en criollo es algo así como:

> Cuando se mueve una esfera alrededor de su centro, siempre es posible encontrar un diámetro cuya dirección en la posición desplazada es la misma que en la posición inicial.

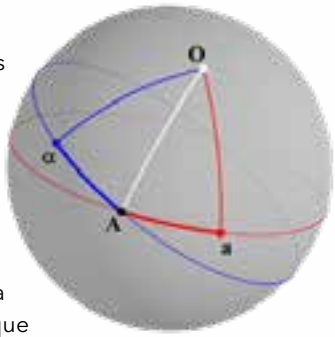
En otras palabras, cualquier rotación (o composición de sucesivas rotaciones) de una esfera es en realidad *una* rotación alrededor de un eje.

O también: cuando se mueve una pelota alrededor de su centro, siempre hay dos puntos (antipodales) que no se mueven.

Demostración. Vamos a dar solo una idea, la demostración completa la pueden encontrar en Wikipedia buscando *rotation theorem*.

1. Dibujá un círculo alrededor de la pelota antes de rotarla, podría ser el ecuador, por ejemplo.

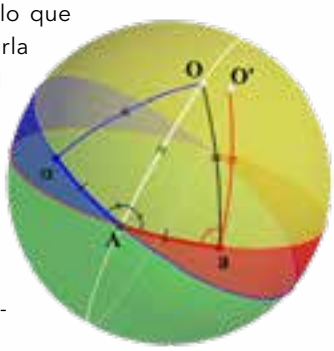
2. Fijate adónde fue a parar ese círculo después de rotarla (es el círculo rojo). Volvé a dibujar un círculo en el ecuador de color azul. O sea, pintás de rojo un círculo ante de rotarla, girás la pelota y volvés a pintar un círculo azul en donde estaba el círculo rojo antes de rotarla.



3. Llamamos A al punto donde se intersecan estos dos círculos. También llamamos α al punto donde estaba A al comienzo antes de girarla y a al punto donde va a parar A si volvemos a rotar la pelota exactamente de la misma forma en que lo hicimos.

4. Construimos un triángulo (esférico) como en la figura: trazamos el círculo que es la bisección del ángulo αAa y elegimos un punto O en él de forma tal que aO sea igual al segmento AO (y al αO). El punto O (y su antípoda) es el que no se movió.

5. Para demostrarlo, fijate que lo que era el triángulo αAO antes de girarla se movió al triángulo AaO'. Pero el ángulo aAO es congruente (mide lo mismo) a AaO, entonces el ángulo aAO es congruente a AaO', y entonces el ángulo **AaO** es igual a **AaO'. Por lo tanto, O' = O.**



6. Como el centro tampoco se movió, resulta que todo ese eje quedó quietito.

7. Listo. La pelota no se mancha y no gira más que alrededor de un eje.

#TeRegaloUnTeorema

Ilusión futbolera

¿Cuál de estas dos pelotas es más grande? En ocasiones, meter un gol parece ser tan difícil como patear una pelota gigante, pero en este caso es tan solo una ilusión, ya que ambas pelotas son del mismo tamaño.

Si bien la imagen que se forma en la retina es bidimensional, percibimos nuestro entorno de manera tridimensional. Para ello, la información visual es procesada en el cerebro, integrando aspectos de la imagen monocular como la perspectiva, la línea de horizonte y la textura. Nuestro cerebro aprendió durante el desarrollo que, si bien dos objetos pueden tener el mismo tamaño en la retina, si uno de ellos se encuentra más cerca de la línea de horizonte o al lado de objetos que interpretamos que se encuentran más distantes, entonces la única solución posible es que en realidad este objeto debe ser más grande. Esta distorsión de la imagen interpretada –producto del procesamiento espacial– fue estudiada por el científico cognitivo Roger Newland Shepard,

y dio origen a varias ilusiones como las 'mesas de Shepard' (que presentamos en 'Crossfit cerebral #2'), 'Terror subterra', la 'ilusión de Ponzo', o la misma 'Casa de Ames'. Te invitamos a que explores estas otras clásicas ilusiones.

Promedio de promedios

Clara y Franco son parte de un equipo de fútbol que compite en una liga de su ciudad. Esta liga tiene tres categorías: A, B y C. Jugar en la A es como jugar en primera, es la categoría a la que todos quieren llegar, y de la que nadie se quiere ir. Pero su equipo está por irse a la B, porque está flojo con el promedio.

El promedio de cada equipo se calcula dividiendo la cantidad total de puntos acumulados en toda la temporada por la cantidad de partidos jugados, por lo tanto, refleja el promedio de puntos obtenidos por partido.

Para zafar del descenso tienen que superar el promedio de un equipo que acumuló 28 puntos en los 19 partidos, lo que, redondeado a tres cifras, da un promedio de 28 / 19 = 1,474.

Clara estuvo atenta a los primeros 12 partidos de su equipo, y calculó que el promedio de puntos en ellos es igual a 1,750. A las últimas 7 fechas no pudo asistir, pero Franco sabe que el promedio en esos 7 partidos es igual a 1,143.

Clara y Franco están debatiendo sobre la situación de su equipo: ¿desciende o no? Franco afirma que sí, porque hizo el siguiente cálculo: (1,750 + 1,143) / 2 = 1,4465, lo que no excede el promedio que debían superar para no irse a la B. Sin embargo, una observación de Clara les devuelve las esperanzas: ¡ese cálculo no es correcto!

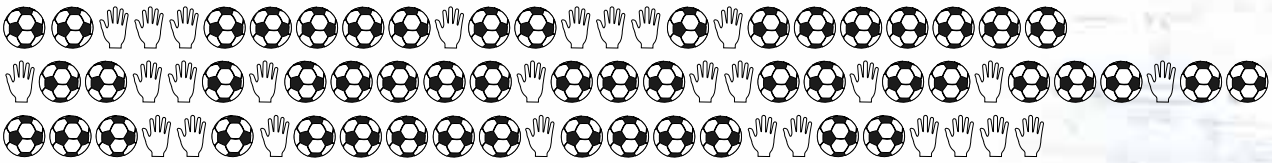
Entonces, Clara explica cuál es la forma correcta de calcular un 'promedio de promedios': se deben recuperar los puntos totales obtenidos a partir de los datos para, luego, dividir esa cantidad por 19, que es el total de partidos jugados. Con una mezcla de ansiedad y entusiasmo, comienzan a hacer las cuentas, con la ilusión de que el nuevo resultado los mantenga en la categoría.

Por lo que dijo Clara, la cantidad P de puntos acumulados en los primeros 12 partidos es tal que P / 12 = 1,750. Así, P se puede obtener multiplicando 1,750 por 12, lo que arroja que los puntos acumulados en los primeros 12 partidos fueron 21. De la misma forma, se puede concluir que los puntos obtenidos en los últimos 7 partidos fueron 8. Así, el total de puntos acumulados por el equipo de Clara y Franco en los 19 partidos es 21 + 8 = 29. Ahora sí, están a un paso de conocer el destino de su equipo: el promedio es 29 / 19 = 1,526 y, con esto, ¡se quedan en primera!

Moraleja: un cálculo incorrecto, por más pequeño que sea el error cometido, puede cambiar considerablemente una situación concreta.

Pregunta: ¿cuántos partidos tuvo que ganar, al menos, el equipo de Clara y Franco para obtener estos 29 puntos?

De representaciones



La consigna de hoy es simple: estas manos y pelotas representan una frase, hay que descubrir el código y la frase.

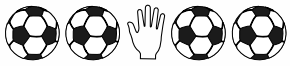
Pista:

representa una A.

representa una B.

representa una C.

representa una D.



representa una E.

(… y así).

Importante: este alfabeto tiene Ñ ;)

Corolario:

Para almacenar y transmitir texto en una computadora es necesario elegir una *representación* porque en los discos, en la memoria y en cada microparte del circuito lamentablemente no podemos escribir letras como lo hacemos en un cuaderno. Lo que sí podemos hacer es lo que siempre hacemos con electrónica, que es jugar con la *corriente* eléctrica: *grosso modo*, podemos decir que poquita corriente es un 0 (una pelota) y más corriente es un 1 (una mano). El famoso bit no es más que eso: un cachito de información. Acá –seguro lo descubriste ya– con 5 bits podemos representar una letra. Y, con algunos bits más, tenemos una frase. Los sistemas de *representación* nos permiten representar cualquier información (audio, imagen, texto, video) bajando todo eventualmente a pelotas y manos, o bien poquita corriente, mucha corriente.

El mejor gol de la historia

¿Cuán probable era que Diego les metiera ese gol a los ingleses? Nuestro equipo de expertos asignará una probabilidad *P* a cada instancia de la jugada para lograr responder el interrogante. *P* es un número entre 0 y 1 y cuando queremos calcular la probabilidad de múltiples eventos debemos multiplicarlas. Por ejemplo, al tirar una moneda al aire la probabilidad *P* de que salga cara es *P* = 0,5. Si la tiramos dos veces, la *P* de que sea cara las dos veces es *P* = 0,5 * 0,5 = 0,25.

Bueno, vayamos a esa jugada en el estadio Azteca:

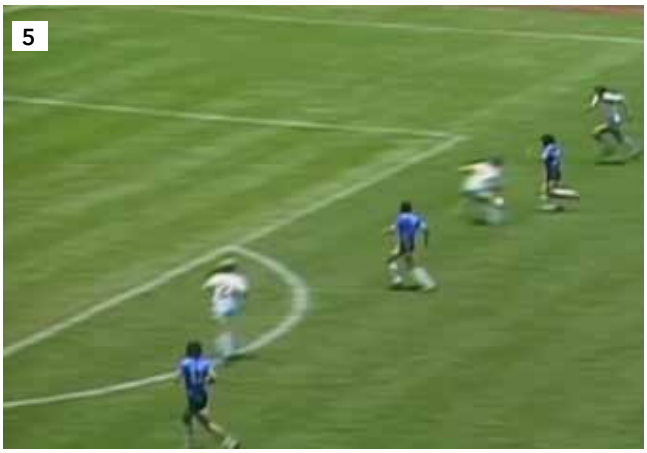
1. Recibe la pelota del Negro Enrique (considerada la mejor asistencia de la historia), y no le rebota. *P* = 0,99. No podemos dejar de remarcar que, si condicionáramos esta probabilidad a jugadores de fútbol del ámbito de las ciencias exactas y naturales, sería sensiblemente más baja.

2. Beardsley es el primero en salir a marcarlo. Diego lo deja a un lado sin ninguna dificultad, tras lo cual aparece Reid en escena. La pisa entre los dos y sale airoso. *P* = 0,2.

3. Escapa de la marca de los desairados Beardsley y Reid corriendo a gran velocidad. *P* = 0,8. Este es otro número altísimo en el mundo de quienes sabemos calcular (algunas) derivadas y transitamos nuestra cuarta década.

4. Promediando tres cuartos de cancha, con velocidad creciente (he aquí una segunda derivada positiva) elude con facilidad a Butcher. Mejor dicho, él lo hace parecer fácil: tenemos *P* = 0,6.

5. Ya entrando al área grande le sale a la marca Fenwick, quien queda pagando tan feamente como Butcher en la finta anterior. Dada la mayor velocidad, otorgamos *P* = 0,5.



6. Una vez dentro del área levanta la cabeza, lo ve a Valdano, a quien más tarde le comenta que evaluó pasarle la pelota (y le pidió disculpas por no hacerlo). Tenemos $P = 0{,}4$, y ya no hace falta ir al fútbol amateur para valorar especialmente ese *levante*.

7. Ante la salida de Shilton, resuelve eludirlo gambeteando hacia afuera, siguiendo la recomendación de su hermano y desechando opciones como pegarle al segundo palo, o intentar un globito como años más tarde hiciera un trenzado delantero xeneize. Ante la luz de estos hechos, damos $P = 0{,}2$.

8. Alcanzando el máximo de su velocidad (¿qué sucede con la segunda derivada?), acosado por Butcher que lo venía siguiendo hacía rato y ante el cierre de Stevens, la mete adentro del arco. $P = 0{,}3$. Y todavía hay quienes dudan si es él quien la metió…

9. Gooooool… ¡Quiero llorar! ¡Viva el fútbol!

10. *Bonus*: no podemos dejar de tener en cuenta la probabilidad de meter un gol con la mano (de dios) en el mismo partido, y que pasara desapercibida por, al menos, los jueces. Estimaremos esto con $P = 0{,}01$.

$$0{,}99 * 0{,}2 * 0{,}8 * 0{,}6 * 0{,}5 * 0{,}4 * 0{,}2 * 0{,}3 * 0{,}01 = 0{,}0000114048$$

¿O sea que, aproximadamente la probabilidad de que Diego metiera ese gol era de 1 en 100.000? Nuestra intuición nos dice que tiene que ser muchísimo más baja. Concluimos que estas sencillas herramientas no nos permiten entender semejante genialidad.

Reglas extrañas en el fútbol

En el campeonato de primera división 1988-1989 de fútbol se implementó una regla extraña: en caso de empate en los 90 minutos de juego, se definía por penales. Así, los 20 equipos nos dieron en la primera rueda una tabla donde cada uno había jugado contra los otros 19, y cada partido tenía un ganador y un perdedor.

Ahora, ¿será posible ordenarlos formando una cadena de equipos de manera tal que el primer equipo le haya ganado al segundo, el segundo al tercero, el tercero al cuarto… y así hasta llegar al vigésimo?

Con la tabla de resultados del torneo podríamos contestar revisando la cantidad de cadenas posibles y viendo para cada una si se cumple la condición. Pero ¿cuántas son?, ¿cuánto nos llevaría con una computadora que revise una cadena posible en una millonésima de segundo?

Es más difícil decidirlo para cualquier tabla de resultados posibles. ¿Siempre existirá una cadena donde cada uno le ganó al siguiente? Si creés que la respuesta es no, deberías construir un ejemplo. Si creés que es sí, te invito a buscar una demostración.

Soluciones

Promedio de promedios

Llamemos G a la cantidad de partidos ganados por el equipo de Clara y Franco, y E a la cantidad de partidos empatados. Recordemos que se otorgan 3 puntos por cada partido ganado y 1 por cada empate. ¿Pudieron haber ganado solamente un partido? No, porque, en el mejor de los casos, habrían empatado los otros 18 y la cantidad de puntos obtenidos serían 3 + 18 = 21. No llegan a los 29. Con el mismo razonamiento, la cantidad G debe satisfacer:

$$3G + (19 - G) = 29$$

Es decir, G = 5. El equipo de Clara y Franco debió ganar al menos 5 partidos. Ganando 1, 2, 3 o 4 partidos no llegarían a acumular 29 puntos, aun empatando todos los demás.

De representaciones

Si conocés de sistemas de numeración, el código para cada letra es en realidad un *número binario*, solo que en lugar de ceros hay pelotas, y en lugar de unos hay manos. La A es 00000 (cinco pelotas), la B es 00001 (cuatro pelotas y una mano), y así ascendiendo, contando en números binarios. La frase, un saludo eterno: 'Hasta siempre, Diego'.

Reglas extrañas en el fútbol

La cantidad de cadenas posibles es 20!= 20 x 19 x… x 3 x 2 x 1. Cualquiera de los 20 equipos puede ir en el primer lugar; luego, como uno ya está ubicado, cualquiera de los 19 restantes puede ir en el segundo, y así hasta llegar al último lugar, que tiene una sola opción posible, el último equipo que queda.

Si revisar cada una de estas 20! cadenas lleva una millonésima de segundo, tardaríamos aproximadamente 770 siglos.

La respuesta a la pregunta de cualquier tabla de resultados posibles es que siempre existe una cadena que cumple, y por suerte una demostración matemática es mucho más sencilla y nos da la forma de construirla en muy poco tiempo.

Comenzamos tomando dos equipos, A y B. Como uno le ganó al otro, tenemos una cadena. Supongamos que A le ganó a B, A > B. Ahora, tomemos un tercer equipo C:

- si C perdió contra B, lo dejamos al final, y queda A > B > C;
- si le ganó a B, pero perdió con A, lo ubicamos detrás de A, queda A > C > B, y
- si les ganó a ambos, queda C > A > B.

Esta idea funciona en general: para una cadena armada, tomamos uno de los que falta ordenar y lo colocamos al final de la cadena. Si el último le ganó, lo dejaremos allí, pero si no, lo hacemos avanzar y comparamos con el siguiente. Seguirá avanzando en la cadena hasta que se tope con el primer equipo, contando desde el último, que lo haya derrotado, y esa cadena cumple lo pedido.

Equipo de la sección 'Matemática, ilusiones y humor'

Marilina Carena
Matemática, UNL-Conicet.
marilcarena@gmail.com

Pablo Groisman
Matemático, UBA-Conicet.
pgroisma@dm.uba.ar

Nicolás Pírez (coordinador)
Neurobiólogo, IFIBYNE, UBA-Conicet.
npirez@gmail.com

Alfredo Sanzo
Ingeniero, ICC, UBA-Conicet.
alfredo.sanzo@gmail.com

Nicolás Fernández Larrosa
Biólogo, IFIBYNE, UBA-Conicet.
fernandezlarrosanicolas@gmail.com

Juan Pablo Pinasco
Matemático, UBA-Conicet.
jpinasco@gmail.com

Rudy
Humorista.
marcelorudy10@gmail.com

Nicolás Sirolli
Matemático, UBA-Conicet.
nsirolli@dm.uba.ar

Preguntas, comentarios y sugerencias: ***contacto@cienciahoy.org.ar***

SUSCRIBITE A CIENCIA HOY DE LOS CHICOS

¡NO TE PIERDAS EL CONOCIMIENTO DE LAS CIENCIAS!

Para saber qué tenés que hacer,
visitá www.chicosdecienciahoy.org.ar

Tel (011) 4961 1824
chicos@cienciahoy.org.ar

CHicosdeCienciaHoy
@chicosdecienciahoy

¿Cómo acercarte a la ciencia en tres pasos?

1visitá

Nex Ciencia en: http://nexciencia.exactas.uba.ar

2sumate

a http://www.facebook.com/NEXciencia para recibir todas las novedades

3seguinos

por Twitter a través de @nex_ciencia

nexciencia.exactas.uba.ar