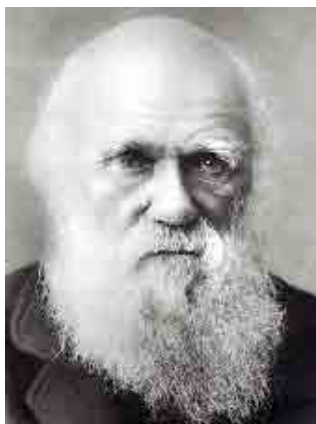


## DARWIN, GENOMAS Y EL ÁRBOL DE LA VIDA

Este año se cumplen 200 años desde el nacimiento de Charles Darwin y 150 desde la aparición de su obra seminal *El origen de las especies*, en la que sienta las bases de la teoría evolutiva moderna. Se trata por tanto de una efeméride especial para todos los biólogos, ya que Darwin fue el primero en explicar científicamente la diversidad biológica que dimensiona esta maravillosa ciencia. Más aún, los postulados de Darwin expulsaron por necesidad al hombre de la cúspide de



Charles Darwin (1809-1882)

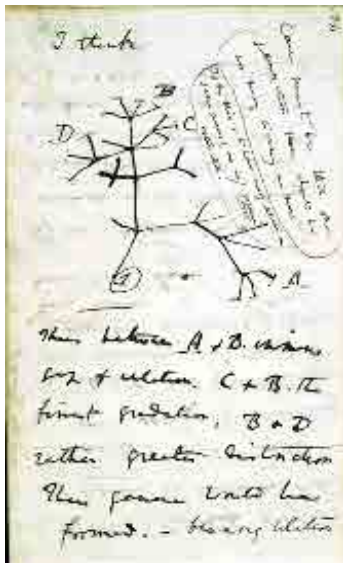
Naturaleza, del mismo modo que hicieron 300 años antes las propuestas de Copérnico sobre la posición central de nuestro planeta en el universo. De esta manera, la llamada revolución Darwiniana trasciende más allá del ámbito estrictamente científico y nos hace reflexionar sobre los cimientos de nuestra propia esencia. Las contribuciones de Darwin a la Biología fueron muchas y variadas, pero hizo dos fundamentales, en relación al origen común de las todas las especies y a la selección natural como mecanismo impulsor del cambio evolutivo. Quizás por ello Darwin sea uno de los personajes más influyentes –sin duda el biólogo más famoso– del siglo XIX. Sobre las contribuciones de Darwin ya se ha escrito mucho y mejor, y aquí me voy a referir únicamente (de manera

egoísta y por deformación profesional, aunque intentaré ser breve) a la vigencia de sus ideas a la luz de los descubrimientos que nos proporcionan el estudio de los genomas. Por supuesto, en los tiempos de Darwin no se sabía nada de genética (los trabajos de Mendel tardaron bastante en descubrirse) y menos aún de genómica, y de hecho sus ideas sobre la herencia eran como mucho poco esclarecedoras.

Sin duda, una de las evidencias innegables del origen común de las especies es la existencia de un código genético universal (*Escherichia coli* y los humanos compartimos el mismo), con pequeñas variantes, y que además no parece estar completamente optimizado. A día de hoy, la secuenciación de genomas ha confirmado hasta la saciedad esta observación, aunque también nos ha permitido identificar nuevas excepciones, especialmente en orgánulos como la mitocondria. Trasciende fácilmente que si todas las especies provienen de un único ancestro es posible representar la historia de la vida mediante un enorme árbol, cuyas puntas representan las distintas especies (extantes o extintas), y los nodos corresponden a eventos de especiación. Las representaciones filogenéticas tuvieron que ayudar mucho a Darwin a pensar sobre el proceso evolutivo (lo que continua siendo cierto para muchos biólogos dos siglos después), y aún se pueden ver en sus propios cuadernos de notas. Además, la única ilustración en el *Origen de las Especies* es un árbol filogenético, que además de entrañar la visión de Darwin sobre los procesos micro y macroevolutivos, sin duda encarna uno de los grandes sueños de su autor. Así, en una carta de Darwin a Thomas Huxley en 1857, éste dice: "...estoy seguro de que llegará el tiempo, aunque yo no viva para verlo, en el que tendremos árboles genealógicos para cada reino de la Naturaleza...".

Durante los últimos 30 años, las tecnologías de secuenciación del ADN han revolucionado

la reconstrucción del árbol del la vida –algo que ya apuntaló el mismo Francis Crick que describió



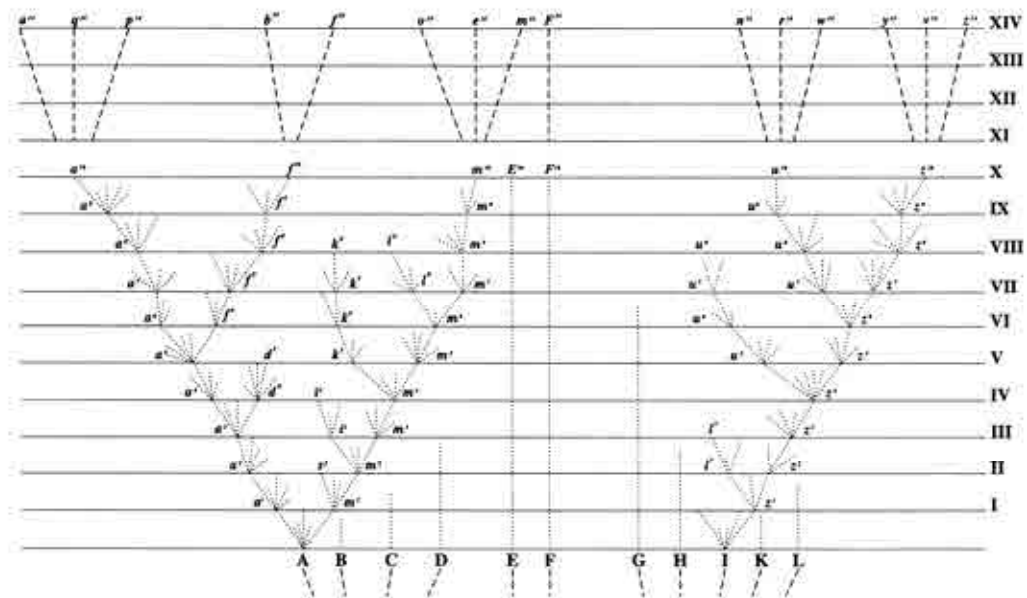
Aunque a veces se le atribuye a Darwin el haber dibujado el primer árbol filogenético en un cuaderno de trabajo en 1868 (ver figura), realmente el primero en hacerlo fue Jean Baptiste Lamarck, famoso por su propuesta de la herencia de caracteres adquiridos, 60 años antes en su *Philosophie Zoologique*.

la doble hélice del ADN-. Por ejemplo, las filogenias moleculares han revelado de manera inesperada un nuevo dominio de la vida (Archaea) y confirmado que los chimpancés y no lo gorilas son nuestros parientes más cercanos. Más recientemente, el uso masivo de cortas lecturas del ADN y la secuenciación de genomas completos han abierto las puertas para un nuevo campo muy prometedor, la filogenómica. Ésta no solo pretende resolver grandes incógnitas como la hipótesis de *Edycsozoa* (¿tienen los nemátodos un origen común con los insectos hace unos 500 millones de años pero perdieron su celoma –cavidad corporal– más tarde?), sino que también aspira a ayudarnos a descubrir las funciones de los genes, sin duda algo fundamental para entender los mecanismos adaptativos a nivel molecular.

En EEUU existe un macroproyecto científico para reconstruir los orígenes evolutivos de todos los grupos de especies que habitan nuestro planeta (<http://atol.sdsc.edu/>), además de varias webs divulgativas al respecto. Por ejemplo, el “Tree of Life Web Project” (<http://tolweb.org/tree/>) es un esfuerzo colaborativo entre biólogos y naturalistas para proporcionar información sobre el origen y la historia de la diversidad biológica.

Cambiando de tercio, la genómica evolutiva y la biología de sistemas han revelado que los procesos no adaptativos parecen ser más importantes de lo que se sospechaba anteriormente. Aunque sin duda Darwin fue el primero en reclamar el papel del azar en la evolución, su visión era prominentemente adaptativa, de forma que en su propuesta la evolución se producía fundamentalmente de manera gradual mediante la fijación de cambios beneficiosas en las poblaciones (selección Darwiniana o positiva). Sin embargo, ya a finales de los años 60, la teoría neutral de Motoo Kimura sugiere que la propagación de mutaciones genéticas beneficiosas es un evento raro, y que la mayoría de las mutaciones son neutras (no afectan a la eficacia biológica del organismo y por tanto no son objeto de selección, aunque se pueden fijar en las poblaciones por azar) o deletéreas (son rápidamente eliminadas por la selección negativa o purificadora). También a partir de los años 60 y 70, se descubrió que los tamaños de los genomas no se correspondían con la complejidad de los organismos que los transportaban, lo que se denominó *paradoja del valor C*. Por ejemplo, el genoma de algunas plantas o anfibios es 100 veces mayor que el genoma humano. Esta paradoja se resolvió más tarde con el concepto del “ADN basura”, por el cual una gran parte del genoma no tiene una función específica y se ha ido acumulando con el tiempo, aunque la proporción estimada de este tipo de ADN ha ido variando a raíz de nuevos descubrimientos, en especial sobre el papel de muchos ARNs. Por otro lado, es evidente que muchos cambios en los genomas no han sucedido de manera gradual. La duplicación de genes

enteros o múltiples genes, su pérdida y reordenamiento son procesos comunes y recurrentes a lo largo de la evolución, incluyendo duplicaciones de genomas enteros por ejemplo en la base de los cordados. Además, el estudio de los genomas ha confirmado el papel fundamental de grandes eventos como la endosimbiosis (las mitocondrias y cloroplastos se originaron a partir de bacterias endosimbiontes).



Esta es la única figura en el *Origen de las Especies*, y representa la visión de Darwin sobre el proceso de diversificación. El eje X representa una variable ecológica hipotética, mientras que el eje Y representa el tiempo. Las especies A e I se diversifican en el tiempo, mientras que el resto se extinguen.

Por último, y volviendo a la idea del Árbol de la Vida, el análisis comparativo de genomas ha revelado que la historia de las especies no siempre tiene forma de árbol, sino que, en especial al principio de la vida y en microorganismos, más bien se trata de una red filogenética en la que los distintos organismos parecen haber intercambiado genes de forma masiva mediante el proceso de transferencia horizontal o lateral. Más aún, algunos genes son extremadamente similares entre una sorprendente variedad de virus, lo que demuestra el gran papel del intercambio genético también en este tipo de organismos. Estos nuevos descubrimientos de la genética, y fundamentalmente de la genómica, han llevado a algunos científicos a postular incluso la necesidad de una nueva síntesis “postmoderna” de la teoría evolutiva.

Pero esto no quiere decir que Darwin se equivocase, sobre todo dado lo que se sabía en su época. Sencillamente los nuevos datos genómicos complementan, matizan y refinan sus propuestas. De aquí a 10 años me atrevo a vaticinar que habrá decenas de miles de genomas disponibles, sobre todo humanos, pero también de muchas otras especies. Es el momento de prepararse para intentar cumplir varios de los sueños de Darwin y seguir avanzando en el conocimiento de la evolución, por supuesto a todos los niveles. La nueva materia de Evolución del grado de Biología en nuestra facultad es un buen lugar para empezar.