

Molecularizando la historia natural

Luis Boto López

Dpto. Biodiversidad y Biología Evolutiva. Museo Nacional de Ciencias Naturales. CSIC

Desde los tiempos de Aristóteles se han venido utilizando diferentes caracteres morfológicos (forma, tamaño, color, etcétera) para tratar de agrupar y clasificar a los organismos vivos. Estos caracteres fenotípicos han venido siendo la base de la taxonomía biológica durante dos siglos, desde que Linneo propusiera su sistema binomial para la clasificación de los seres vivos en el siglo XVIII. Sin embargo, la introducción de la teoría evolutiva de Wallace y Darwin en la segunda mitad del siglo XIX introduce un nuevo factor a la hora de plantearse las relaciones entre plantas y animales: el tiempo. Frente a la visión prevalente de una naturaleza inmutable, a partir de este momento es claro que las relaciones de parentesco evolutivo entre los seres vivos van a ser fundamentales para entender cómo los organismos se relacionan entre sí y con su ambiente.

El gran desarrollo de la biología molecular a mediados del siglo XX, con el hito del descubrimiento del ADN como molécula portadora de la información genética y de los mecanismos que permiten trasladar esta información a las proteínas, que en definitiva sustentan las morfologías de los organismos, condujo pronto a plantearse la utilización directa de moléculas como marcadores complementarios a los rasgos morfológicos para establecer relaciones entre los diferentes grupos biológicos y a diferentes niveles.

Así, ya en 1965 Zuckerkandl y Pauling proponen a las moléculas como documentos de la historia evolutiva de los organismos, y muy pronto se empiezan a utilizar estas como herramientas para tratar de estudiar variabilidad genética entre poblaciones y establecer relaciones de parentesco entre grupos biológicos. Desde mediados de los años sesenta del pasado siglo y durante una buena parte de los setenta (e incluso posteriormente) el análisis de aloenzimas por electroforesis en gel y los estudios de hibridación de ácidos nucleicos se convierten en herramientas para muchos naturalistas. En este contexto, en el año 1971 aparece la primera revista dedicada exclusivamente al estudio de la evolución molecular (*Journal of Molecular Evolution*).

Al mismo tiempo, la utilización de las primeras técnicas de secuenciación de ADN va a llevar a Carl

Woese a establecer las bases de la filogenia molecular al utilizar la molécula de la subunidad pequeña del ARN ribosómico, altamente conservada durante el curso de la evolución, como marcador de las relaciones filogenéticas entre organismos distantes y, de forma colateral, al descubrimiento de las *Archaea* como un nuevo dominio biológico diferente de las bacterias.

La aparición de técnicas de secuenciación de ADN en 1977, en particular la de Sanger, junto con el desarrollo de técnicas de clonación, va a suponer un nuevo hito en la medida que va a facilitar la comparación de diferentes tipos de secuencias entre diferentes organismos y va a abrir la puerta a la utilización de nuevos marcadores.

Por otra parte, la introducción de la técnica de amplificación en cadena por polimerasa (PCR) a finales de los años ochenta dinamizó la penetración de las técnicas de biología molecular en estudios de Ciencias Naturales, al permitir amplificar secuencias a partir de un material biológico hasta entonces inaccesible al estudio molecular: plumas, pelos, heces, muestras conservadas en museos, etcétera, haciendo posible acceder al estudio de especies amenazadas o incluso extintas en la naturaleza.

De este modo, se extiende el estudio del ADN mitocondrial y plastídico como marcadores que pueden proporcionar información alternativa a la que proporcionan los genes nucleares (analizados hasta entonces a través de la electroforesis de aloenzimas y la secuenciación del gen de la subunidad pequeña del ARN ribosómico). La alta tasa de mutación del ADN mitocondrial y su herencia generalmente por vía exclusivamente materna le hace idóneo para el estudio de organismos que han divergido recientemente (poblaciones de una especie, procesos de especiación, etcétera), mientras que los genes nucleares nos informarían de procesos de divergencia más antiguos (relaciones a nivel de especie, de género, etcétera). En plantas, el ADN plastídico constituye un marcador alternativo (ver artículo de Javier Fuertes e Irene Villa-Machío en este número)

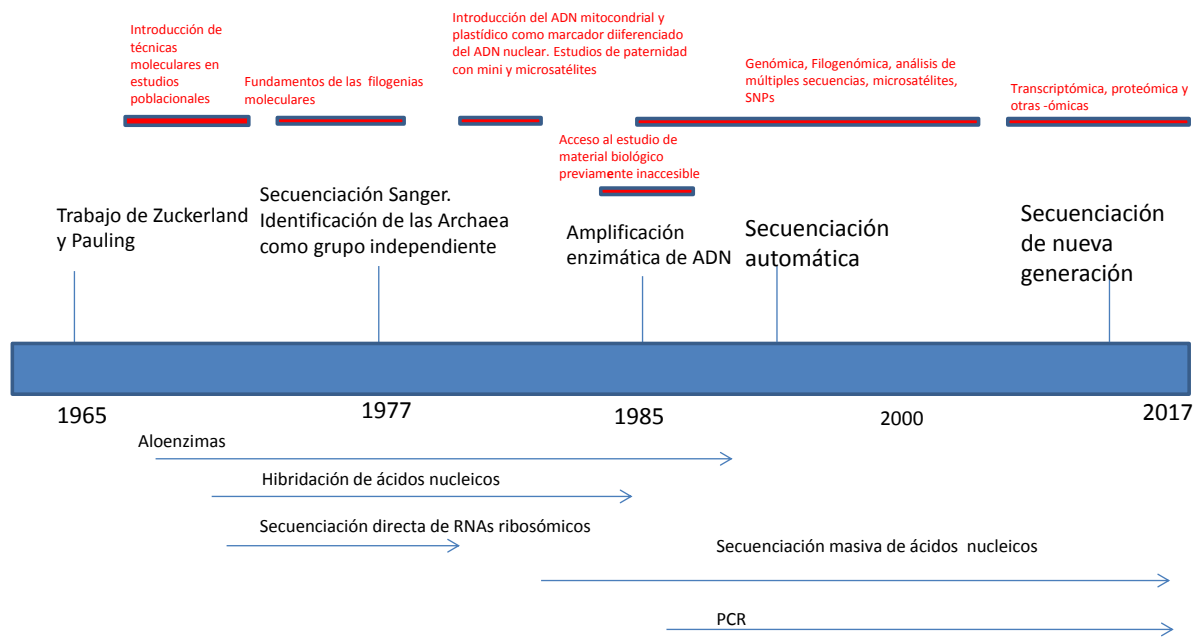


Figura 1

Cronograma mostrando la penetración Biología Molecular en las Ciencias Naturales en relación al desarrollo de diferentes técnicas.

El desarrollo de secuenciadores automáticos a principios de los noventa permitió reducir considerablemente el tiempo dedicado a la obtención de secuencias (y mejorar la calidad de estas) lo que permitió a su vez abordar la secuenciación de genomas enteros dando entrada a la denominada era genómica, a la vez que alimentó las bases de datos de secuencia como el GenBank con secuencias procedentes de múltiples organismos y de diferentes tipos de genes, lo que posibilita la comparación de la variabilidad contenida en ellas, que es la base de los análisis filogenéticos y filogenómicos.

A la vez, el desarrollo de secuenciadores automáticos permitió colateralmente el análisis individualizado de múltiples microsátelites (analizados hasta entonces por técnicas lentas de huella genética multilocus y utilizados casi exclusivamente en un contexto de estudios de paternidad) y polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs) y su utilización como marcadores de alta tasa de evolución, que junto con genes de ADN mitocondrial (o el propio genoma mitocondrial en su conjunto) permiten aproximaciones fiables al estudio de procesos de diversificación reciente y aproximaciones filogeográficas a los propios procesos de divergencia, a la vez que constituyen importantes herramientas para la conservación.

El desarrollo reciente de métodos de secuenciación de segunda y tercera generación, junto con el de-

sarrollo de potentes herramientas bioinformáticas, promete una nueva revolución en el estudio de la naturaleza introduciendo todas las *-ómicas* como herramientas para desentrañar cómo los organismos vivos se relacionan entre sí tanto desde el punto de vista histórico, clasificatorio o ecológico, lo que va a contribuir a aproximarnos (solo aproximarnos, puesto que la destrucción de especies procede actualmente a un ritmo superior al de su descubrimiento) a la catalogación de la biodiversidad planetaria y a los patrones y procesos que la han modulado, algo que espero que el lector descubra a través de la lectura de los trabajos contenidos en el presente dossier.

La controvertida propuesta de utilizar cortas secuencias de genes mitocondriales (en particular Citocromo Oxidasa I) como un código de barras para identificar a los diferentes organismos, la introducción de la evolución microbiana en el contexto de la evolución en general y el papel que la transferencia horizontal de genes juega en esta, la utilización de las distintas técnicas de genómica ambiental o metagenómica para desentrañar la biodiversidad microbiana o la puesta en evidencia del papel de los mecanismos epigenéticos en el ciclo de vida de los organismos, son solo algunos ejemplos extremos de lo que la biología molecular ha aportado o puede aportar a los estudios de la naturaleza.

La colección de artículos recogidos en el presente dossier espero que dé al lector una buena panorámica del diálogo que se está dando entre biología molecular y Ciencias Naturales en las agendas investigadoras de diferentes grupos de nuestro país.

Así, el primer artículo de esta colección, firmado por Rafael Zardoya, Alejandro Sánchez-Gracia y Julio Rozas nos presenta los fundamentos de la filogenómica y como de la reconstrucción de relaciones filogenéticas entre especies a partir de la información contenida en genomas y transcriptomas se derivan importantes claves para entender los procesos de adaptación. La inclusión de un listado de los programas informáticos más relevantes utilizados en este tipo de estudios supone una valiosa información adicional.

EL GRAN DESARROLLO de la biología molecular a mediados del siglo XX, con el hito del descubrimiento del ADN, condujo a plantearse la utilización directa de moléculas como marcadores complementarios a los rasgos morfológicos para establecer relaciones entre los diferentes grupos biológicos y a diferentes niveles.

El artículo de Javier Fuertes e Irene Villa-Machío presenta el impacto de la Biología Molecular en el estudio de la biodiversidad vegetal y nos ilustra acerca de cómo las peculiaridades de las plantas con respecto al resto de organismos (alto grado de hibridación interespecífica, presencia de plastos, gran tamaño genómico, etcétera) han determinado que tanto los diseños experimentales como las técnicas de análisis tengan rasgos propios.

Por otro lado, Jose Antonio Godoy, Elena Marmesat, Maria Lucena-Pérez y Daniel Kleinman-Ruiz nos proporcionan una narrativa de la contribución de la biología molecular a la conservación de una especie emblemática como es el lince ibérico, desde la utilización de marcadores tradicionales al uso de las modernas técnicas genómicas, que ha llevado a la recuperación de poblaciones remanentes y a la reintroducción de la especie en diferentes sitios.

El artículo de Eduardo Roldán es un bonito ejemplo de cómo abordar las relaciones entre diversidad genotípica y fenotípica en el caso de la formación de espermatozoides en mamíferos, células altamente especializadas y de una especial relevancia teniendo en cuenta su papel en el proceso reproductor. El artículo nos muestra como divergencia en secuencia codificante y/o divergencia en secuencias reguladoras en genes de protamina, junto con la presión selectiva que supone la competición espermática deriva en múltiples formas de espermatozoides en diferentes especies.

Finalmente, y para concluir el dossier de este número, Juli Peretó nos muestra como el diálogo entre biología molecular y Ciencias Naturales es fértil en ambos sentidos, presentándonos como la biología evolutiva puede informar acerca de ciertos aspectos del metabolismo utilizando dos bellos ejemplos: la innovación metabólica por simbiogénesis en insectos y la presencia de una estequiometría subóptima en la ruta metabólica de síntesis de lípidos a partir de hexosas.