

Las herramientas que construyeron el árbol de la vida

María Susana Rossi

IFIBYNE-Facultad de Ciencias Exactas y Naturales- Universidad de Buenos Aires

Recibido:

Recibido en: 12/08/2005

| Aceptado:

Aceptado en: 30/08/2005

Contacto: María Susana Rossi - mail@mail.com

arbol%20Klimt.jpg

Una de las características que nos distinguen del resto de los seres vivos es el lenguaje. Como parte de su mecanismo, necesitamos describir aquello que nos rodea, lo que implica asignar nombres que permitan identificar a los objetos animados e inanimados. Como consecuencia de la gran cantidad de elementos descriptos, y frente a la necesidad de entender a qué nos referimos, surgen las diferentes maneras de clasificarlas. Este artículo repasa la historia de la clasificación de los seres vivos, desde los primeros intentos de ordenar los organismos utilizando un lenguaje común basado en sus propiedades, los nombres de especies latinizados binomiales propuestas por Carl von Linné (conocido como Linneo) que aún hoy se utilizan, hasta la nueva filogenia, derivada de las técnicas de biología molecular que surgieron a fines de la década del 70, que incluye a especies nunca vistas por el hombre, conocidas sólo a través de su secuencia de RNA ribosomal; su “firma” molecular.

Nombrar

Mucho antes que Darwin publicara, finalmente en 1859 y después de veinte años de estudio, *El origen de las especies*, libro en el que formula la teoría de la evolución por selección natural, la clasificación de las especies se establecía en base a semejanzas morfológicas. Esta fue la base de la obra monumental del botánico sueco Carl von Linné, quien, a finales del siglo XVIII, propuso una clasificación jerárquica de los seres vivos en categorías inclusivas: especie, género, familia, orden, clase, filum y reino. Carl von Linné clasificó de esta manera una enorme cantidad de especies de plantas y animales. La idea aceptada por la mayoría de los naturalistas de la época era que cada especie había sido creada por Dios, siguiendo un “plan maestro” y, dado que intentaban entender “el plan total de la creación”, había que describir la mayor cantidad posible de especies.

En base a estas semejanzas morfológicas se establecía también la afinidad entre los ejemplares fósiles y las especies existentes. Para establecer qué caracteres era conveniente considerar en las comparaciones, así como la secuencia evolutiva de una característica en particular, es decir, establecer cuál era su condición primitiva y cuál su condición derivada, se convocaba a un especialista en el grupo de organismos en cuestión. El especialista establecía, de acuerdo a su conocimiento del grupo, las afinidades entre las especies. Esto suponía darle mucho peso al criterio de autoridad basado en la opinión de un científico consagrado. Inevitablemente, las clasificaciones tenían, entonces, una dosis alta de subjetividad.

Explicar

La teoría más conocida de Darwin es la de la selección natural, pero fue la teoría del origen común la que provocó la reacción de una parte de la comunidad científica y sobre todo de la Iglesia. En las islas Galápagos, Darwin había estudiado en detalle un grupo de especies de aves, llamadas pinzones. Analizando la distribución de las aves en las islas y sus características morfológicas y ecológicas, llegó a la conclusión de que todas las especies de pinzones de las islas Galápagos habían derivado de una única especie continental ancestral. Siguiendo ese razonamiento, otra especie más primitiva y antigua habría originado a la especie continental y finalmente a todas las especies de pájaros. En definitiva, todas las formas de vida existentes y extinguidas derivarían de un único organismo primitivo.

Plantar

En el momento en que Darwin presenta su teoría, se aceptaba que los seres vivos podían clasificarse como plantas o como animales. Sin embargo, pocos años después, el uso del microscopio puso en evidencia que muchos organismos no eran ni plantas ni animales. En 1866 el alemán Ernst Haeckel, teniendo en cuenta las observaciones y estudios de microorganismos realizados con microscopios, propone incluirlos en un nuevo grupo al que denomina protistas, y propone uno de los primeros árboles de la vida en el que divide a los organismos en tres grupos principales (figura 1). Si bien sabemos hoy que el agrupamiento que propuso Haeckel es erróneo, tienen la gran virtud de mostrar un tronco común a todas las formas de vida. El de Haeckel no fue el primer árbol utilizado para representar de las relaciones entre los organismos. La única figura que Darwin incluyó en su *El origen de las especies* fue un árbol, imagen que se contraponía a la representación de la evolución como una escalera en la que los organismos “inferiores” se ubican en los travesaños más bajos y, siguiendo una sucesión de complejidad creciente, los organismos “superiores”, en los más altos. Un árbol incorpora las dimensiones del cambio y de tiempo del proceso evolutivo y al mismo tiempo el de las relaciones ancestro-descendiente entre los organismos.

Clasificar

Hacia principios del siglo XX, la utilización de las matemáticas y la estadística en ciencia tuvo un auge muy importante. La utilización de herramientas matemáticas era considerada una garantía de objetividad. La sistemática numérica fue una escuela que agrupaba a los organismos en base al porcentaje de características morfológicas compartidas entre pares de especies o grupos de especies. Se trataba de utilizar el mayor número posible de caracteres en las comparaciones, para que el apoyo estadístico de los agrupamientos resultantes fuese mayor. Estos análisis no requerían de la opinión *a priori* de especialistas y eliminaba por lo tanto los criterios de autoridad que hasta el momento eran decisivos en las clasificaciones. El desarrollo de la sistemática numérica estuvo acompañado por un gran desarrollo de los métodos estadísticos y también de la capacidad de analizar gran cantidad de datos. Sin embargo, la comparación cuantitativa de caracteres morfológicos tiene dos limitaciones, una está relacionada con el carácter cuantitativo del análisis, tema que excede al tema de éste artículo, y la otra con el hecho de tratarse de caracteres morfológicos. Una determinada característica puede presentar diferencias dependiendo del ambiente en el que se encuentra. Un ejemplo muy conocido: la talla en humanos. Gemelos idénticos pueden tener distinta altura, dependiendo del estado nutricional durante los primeros años de sus vidas. Al estudiar las variantes de caracteres morfológicos no es claro, *a priori*, si se trata de genotipos diferentes o de la expresión del mismo genotipo influenciado por ambientes diferentes. Los caracteres morfológicos además permiten comparaciones entre grupos cercanamente relacionados, pero es difícil encontrar una gran cantidad de caracteres morfológicos que permitan comparar simultáneamente una bacteria como *E. coli*, una bacteria termófila extrema que vive en fuentes sulfurosas de Yellowstone, un tripanosomátido, un hongo o una célula humana. La interpretación de las escasas características morfológicas comunes entre organismos tan distintos es difícil, y por lo tanto las relaciones evolutivas entre ellos no tendrían un sustento importante.

Inferir

El siguiente hito del árbol de la vida se produjo, justamente, al encontrarse caracteres válidos en las comparaciones entre todos los organismos vivos. En 1977 Woese y sus colaboradores secuenciaron los genes del ARN ribosomal de organismos tan variados como una flavobacteria, una cianobacteria, una bacteria roja, una bacteria fotosintética, bacterias Gram positivas, bacterias metanococales, termococales, metanobacteriales, un ciliado, un hongo, un animal, una planta verde, un flagelado y un microsporidio. Los genes del ARN ribosomal están presentes en todos estos organismos y, dado que gran parte de su secuencia está comprometida en la función ribosómica, es decir que están sometidos a una gran restricción en cuanto a la variación en su secuencia, han tenido una tasa de evolución muy baja, necesaria cuando se trata de formular hipótesis sobre eventos evolutivos muy antiguos, como en el caso de los primeros organismos vivos. Los trabajos de Woese y sus colaboradores encontraron que estos organismos se agrupaban en eucariotas, por un lado, y que los llamados procariotas (células sin núcleo) se dividían en dos grupos a los que llamó eubacterias y arqueobacterias, que tenían diferencias tan profundas entre sí como cada uno de ellos con los eucariotas (figura 2). Estudios posteriores que analizaron el genoma completo de una arqueobacteria confirmaron que sólo de la mitad de sus genes eran homólogos a genes bacterianos (muchos de los restantes tienen características de genes eucariotas), confirmando que se trata de un grupo claramente diferenciado de las eubacterias.

Secuenciar

La revolución de las secuencias, por llamarla de alguna manera, hizo accesible una gran cantidad de información del pasado histórico remoto de los organismos contenida en las secuencias de sus genomas. El árbol de la vida es, como todo árbol evolutivo, una hipótesis; en este caso sobre las relaciones evolutivas de los primeros organismos que existieron en la Tierra. La ventaja de analizar secuencias en lugar de los datos morfológicos de los organismos actuales para inferir las relaciones filogenéticas de los primitivos, es que sólo un 1% de los organismos que existieron en la Tierra dejaron registro fósil, por lo que no sabemos cómo estaban organizados los esquemas corporales o celulares de la mayoría de los seres vivos primitivos, ni qué aspecto tenían sus estructuras morfológicas. Tampoco conocemos, es cierto, la secuencia de sus genomas (los fósiles moleculares son menos que los dedos de una mano), pero sí podemos inferir, a partir de las secuencias de sus descendientes actuales, la existencia de sus ancestros y las relaciones entre ellos.

Evolucionar

Este árbol de la vida está en permanente construcción, y ha sufrido modificaciones cada vez que una nueva herramienta de análisis ha permitido la incorporación de nuevos datos y de diferentes enfoques. Desde la década de 1990, la capacidad de analizar genomas completos mediante secuenciación base a base, la ampliación de la capacidad de análisis informático de estas enormes cantidades de secuencias, por un lado, y los estudios de la “arquitectura” de los genomas (número y estructura de los cromosomas, posición de los genes en los cromosomas, número de copias, grado de ligamiento entre genes), por otro, permite trazar hipótesis cada vez más detalladas sobre cómo evolucionaron los primeros organismos. Este enfoque de la evolución molecular reveló que durante el período posterior a la aparición del primer organismo vivo, la transferencia de genes e inclusive de genomas completos entre los linajes (como las actuales mitocondrias y cloroplastos) entre eubacterias, eucariotas y arqueas, fue tan importante, que la representación de estos primeros eventos en la evolución de la vida en la Tierra quizás no sea un clásico árbol bifurcante, sino más bien uno muy particular, una red de linajes promiscuos.

El propósito de los biólogos evolutivos no es clasificar los organismos, eso viene por añadidura. El objetivo de los biólogos evolutivos es reconstruir la historia de la vida en la Tierra, entender qué transformaciones sufrieron los genes, las estructuras, los esquemas corporales, y los linajes organizmicos, cómo y cuándo ocurrieron. Necesitamos contar con una hipótesis acerca de las relaciones filogenéticas entre los organismos para poder analizar este complejo entramado de procesos operando desde el nivel molecular al planetario. La pregunta sobre quién desciende de quién tiene un árbol filogenético por respuesta, y sólo sobre esta base se puede establecer una clasificación natural. Finalmente, nunca tenemos que olvidar que los árboles filogenéticos no son hechos, son sólo hipótesis, por lo tanto, nuevos, más y mejores datos, así como la experimentación de mejores métodos para analizarlos, permiten aumentar la calidad de la hipótesis, la vieja teoría darwiniana del origen común de todos los seres vivos.

arbol%20haeckel.jpg

Figura 1. Árbol de la vida propuesto por Haeckel, en 1866, en base a los estudios de microscopía que lo llevaron a crear un nuevo grupo, los protistas, en el que incluía a las bacterias, los protozoarios, algunas algas y hongos.

arbol%20frances.jpg

Figura 2. Árbol de la vida propuesto por Woese en 1979, en base a las secuencias de los genes de ARN ribosomal. Este árbol pone en evidencia que el agrupamiento de todas las bacterias dentro de grupo procariota no refleja las relaciones evolutivas entre ellas, y propone la división de los antiguos procariotas en dos nuevos dominios las bacterias y las arqueobacterias.

Bibliografía

Hillis, D. M., Moritz, C. y Mable, B. K (editors). 1996. Molecular Systematics. 2nd edition, Sinauer Associates, Inc. Publishers Sunderland, Massachusetts. (Incluye explicaciones técnicas acerca de cómo obtener datos moleculares y los fundamentos teóricos de los algoritmos utilizados para analizarlos).

Mayr, E. 1982. The grow of biological thought: diversity, evolution and inheritance. Harvard University Press, Cambridge, M. A. (Historia de la sistemática).

Page, R. D. and Holmes, E. C. 1998. Molecular evolution: a phylogenetic approach. Blackwell Science. (Un abordaje riguroso pero sencillo de las metodologías de construcción de árboles y redes, en base a datos moleculares, aplicados a variados problemas de biología evolutiva)

Química Viva

ISSN 1666-7948

www.quimicaviva.qb.fcen.uba.ar

Revista Química Viva

Volumen 4, Número 2, Agosto de 2005

ID artículo: F0022

DOI: no disponible

[Versión online](#)