



HIDDEN NATURE

Tu espacio para la Divulgación Científica

Número 14 · 2T/2021



Biología Evolutiva



PVP Recomendado - 1.50€

A lo largo de estos catorce números, hemos leído muchos artículos divulgativos escritos por todo tipo de autores: desde distinguidos doctores hasta recién graduados, pasando por investigadores y profesores. Y es que, aunque durante nuestro desarrollo académico hay poco tiempo para enseñar a escribir y comunicar a la sociedad, hoy en día eso está cambiando.

Un error típico que nos delata la inexperiencia a la hora de escribir es la forma en la que nos expresamos. Muchas veces las palabras resuenan en nuestra cabeza de forma diferente del editor que las lee. En nuestro caso, hacemos un esfuerzo por mostrar al lector, por ejemplo, que un proceso evolutivo es algo complejo; que lleva un proceso temporal, que nuestra mente tiene que madurar.

Hoy día sabemos que los procesos selectivos de todo aquello que nos rodea, con una pizca de azar y sexo, ejercen la presión para filtrar aquellos que mejor se adaptan al medio en el que viven. Por lo que cualquier pequeña ventaja que permita a aquel que la posea mejorar su supervivencia, y por ende transmitirla a sus descendientes, siempre y cuando el caprichoso azar lo permita, terminará predominando en la población, y desplazará a aquellos que no la tengan.

Una fórmula tan sencilla aquí planteada, (realmente es imposible abarcar la complejidad de la biología evolutiva en unos párrafos) que en pleno siglo XXI, seguimos aprendiendo y conociendo mejor el funcionamiento de la evolución a lo largo del tiempo. Y fruto de este conocimiento podemos entender mucho mejor de dónde venimos, por qué se produjeron determinados cambios evolutivos o cómo determinados seres vivos están presentes hoy día.

Y es que desde la pequeña medusa que flota en el gran azul hasta el león de la sabana, desde los diminutos musgos de las fuentes hasta las

1. **Evolución biológica y enfermedades: una perspectiva en tiempos de pandemia** - pág. 3
2. **Stephen Jay Gould y el equilibrio puntuado de la evolución** - pág. 8
3. **PreguntasHN: Convergencia evolutiva: cuando dos especies no emparentadas llegan a la misma solución** - pág. 14
4. **Hidropolinización en plantas acuáticas** - pág. 16
5. ***Cannabis sativa*: Cromosomas sexuales y sexado mediante marcadores genéticos** - pág. 20
6. **La constante e infinita carrera evolutiva entre especies** - pág. 23
7. **Huellas de la evolución en el genoma humano** - pág. 27
8. **Colaboradores** - pág. 31

Francisco Gálvez Prada

Socio fundador del Centro de Investigación y Desarrollo de Recursos Científicos - BioScripts. CEO en IguanaWeb y CTO en Hidden Nature.



gigantescas ballenas o desde los chimpancés hasta las lianas de las que cuelgan, todos somos fruto de los mismos procesos. Algunas especies, como nosotros con nuestro amigo el chimpancé, hemos compartido antepasados hasta hace dos días, como quien dice. Y no debemos menospreciar a todas las demás formas de vida que comparten planeta con nosotros a día de hoy: todos hemos pasado el mismo filtro selectivo.

No te entretenemos más...

Evolución biológica y enfermedades: una perspectiva en tiempos de pandemia

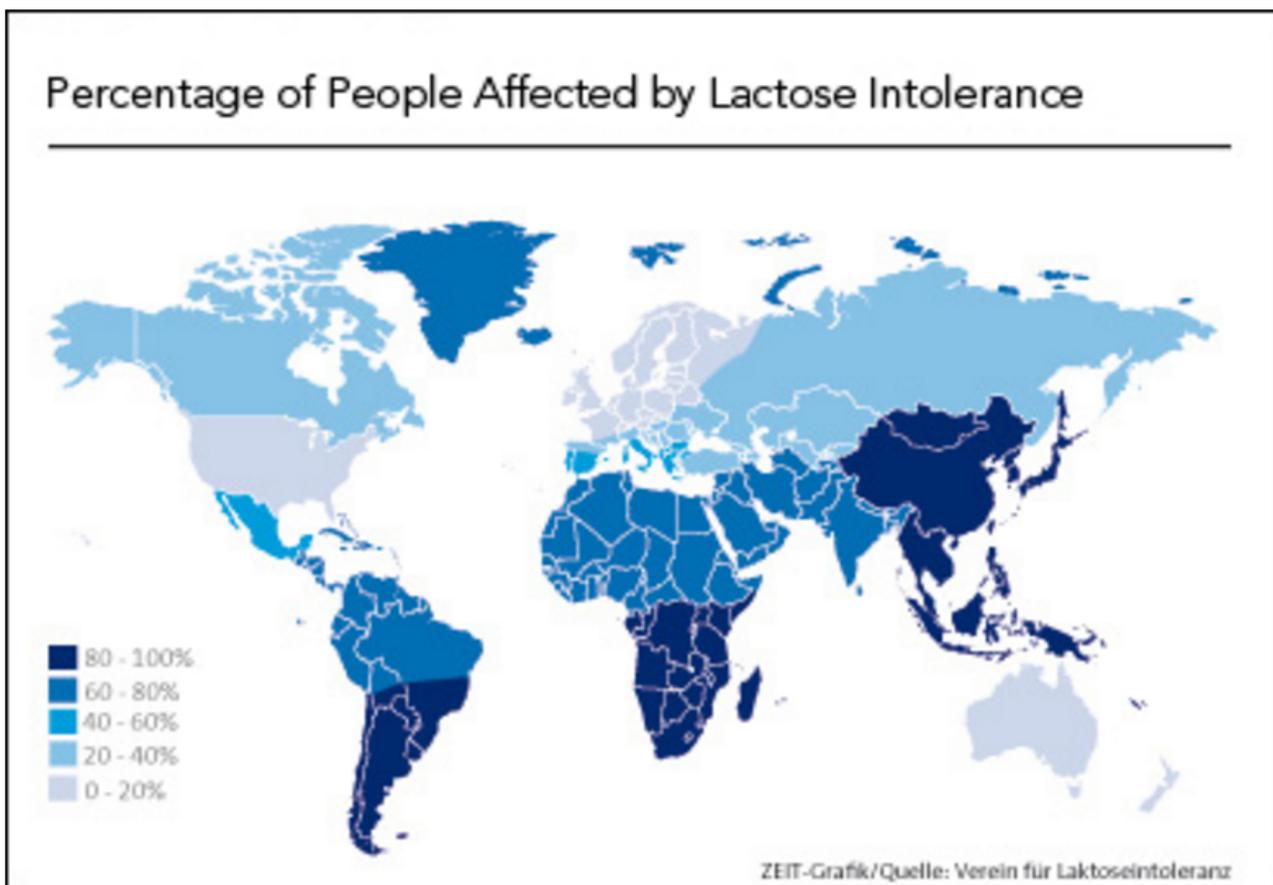


« BIOLOGÍA EVOLUTIVA »

En un esfuerzo de resumir la evolución biológica en pocas palabras de la forma más precisa posible, podríamos decir que se basa en la transformación de los individuos de las diferentes poblaciones de las distintas especies que constituyen una comunidad con el paso del tiempo, generación tras generación. Esto implica que para que los individuos cambien sus características biológicas, debe cambiar el mensaje genético que marca sus instrucciones de funcionamiento y construcción, por así decirlo. Pero eso no basta: tal cambio en el mensaje debe ser heredable de padres a hijos, en tanto que son los genes los que guardan la información para generar las proteínas (entre otras cosas) que conforman y mantienen a los seres vivos y hacen todos los trabajos de las células. Es por eso que los genes son, en realidad, la unidad mínima de evolución, pues son la porción más pequeña

de un ser vivo que, en base a los efectos que supone un cambio en su composición, condiciona una transformación que puede alterar no solamente al individuo inicial donde aparece, sino a toda su descendencia y, con el paso del tiempo, a toda una población. Al menos, siempre y cuando el cambio que manifiesten permita que el individuo siga vivo e, incluso, presente alguna sutil ventaja que le ayude a reproducirse en algunas circunstancias. Ello tiene una consecuencia ecológica evidente, y es que si una población se transforma en cuanto a capacidades, aptitudes o características, las demás especies que cohabitan con ella también se ven afectadas.

No hace falta irse demasiado lejos para encontrar ejemplos obvios de esto. La propia pandemia por COVID-19 nos lo ha mostrado: las mutaciones en el material genético de coronavirus silvestres ha dado lugar a una



Mapa donde se muestran, de forma orientativa, las regiones donde hay mayor predominio de la intolerancia a la lactosa. Leído en negativo, podemos deducir también las regiones donde se ha extendido la mutación que permite a sus portadores digerir la leche de adultos.

combinación que ha resultado tener un gran potencial infeccioso y con multitud de efectos sobre el organismo humano, apareciendo más y más variedades nuevas conforme las partículas víricas se multiplican y esparcen por todo el planeta. A este efecto, la propia evolución del virus del SARS-covid está cincelando la evolución de nuestras poblaciones, como la nuestra también afecta al resto de especies. Todas las enfermedades lo hacen, como ilustra el clásico caso de la malaria y las poblaciones del sureste asiático, donde esta enfermedad es endémica. Bajo la presión del parásito de la malaria, en estas poblaciones está extendido entre sus miembros un gen mutado, estropeado, que priva de una importante enzima a los glóbulos rojos. Este gen mutante, por tanto, origina una enfermedad conocida como anemia falciforme, que causa debilidad en las extremidades y bastantes problemas circulatorios. Sin embargo, el parásito de la malaria muere en ausencia de la enzima codificada por el gen sano, de manera que quienes portan este gen estropeado tienen muchas más probabilidades de sobrevivir a la malaria que los que tienen el gen sano. Ello ha hecho que estas poblaciones evolucionen a una composición genética particular donde la anemia falciforme es especialmente común porque supone una ventaja frente a la malaria.

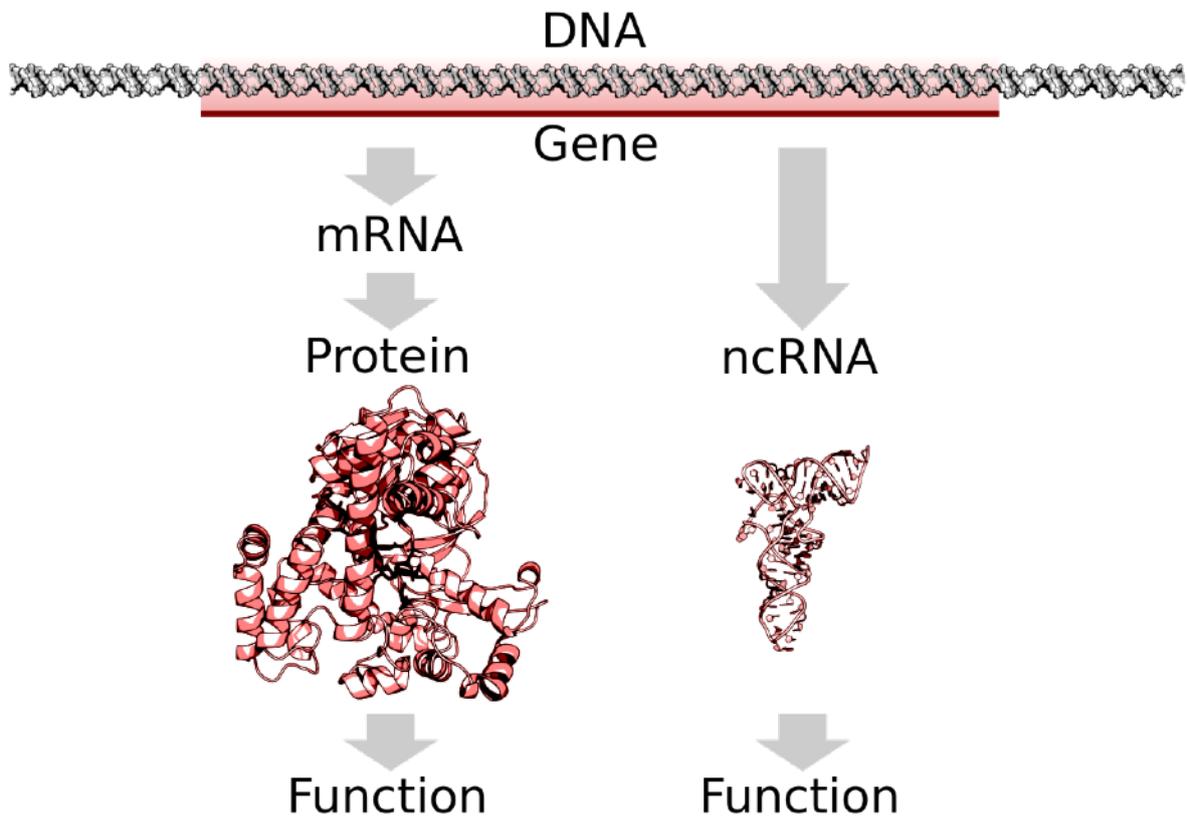
A menudo, cuando hablamos de evolución biológica, tendemos a pensar en ella como algo que le ocurre a una especie por un cambio de un gen concreto y que implica un cierto progreso. Sin embargo, la cruda y abrumadora realidad es que en cada individuo de cada especie están ocurriendo miles de mutaciones a diario y la mayor parte ni siquiera se manifiestan nunca, como asimismo su efecto depende de los demás genes y el resto de mutaciones que hayan ocurrido. A ello hay que sumarle la idea de que el que una mutación se instaure o no en el acervo genético de una población y llegue a cambiarla lo suficiente como para, incluso, hablar de especies distintas a la original, no implica que

este cambio sea un progreso. A veces, adaptarse al medio implica perder algo que ya se tenía, como los animales que viven bajo tierra o en las cuevas han perdido por completo la visión; o los cetáceos han perdido las patas que se han convertido en aletas análogas a las de los peces, algo para lo que hacen falta muchas mutaciones a lo largo de mucho tiempo.



El mosquito *Aedes aegypti* es el principal vector del parásito de la malaria (*Plasmodium falciparum*). Este se desarrolla en el hígado y en los glóbulos rojos de la sangre, causando grandes daños al hospedador. Sin embargo, la mutación que conduce a la anemia falciforme impide que este parásito pueda desarrollarse bien dentro del cuerpo. Con todo, el aumento de la temperatura global y la aparición de nuevas zonas de aguas estancadas por los deshielos favorecen la proliferación masiva de vectores como el mosquito *Aedes*, incrementando la probabilidad de que se puedan transmitir patógenos (incluso algunos nuevos que están por aparecer). Por eso, entre otras razones, preservar el medioambiente es un seguro de vida contra potenciales nuevas enfermedades.

Y es que seguir pensando de forma general en la evolución biológica en términos de cambios de genes concretos se debe, en parte, a que todavía no hemos abandonado (al menos, a nivel educativo) la hipótesis un gen-una proteína. En realidad, una nada despreciable cantidad de genes no guarda información para hacer proteínas, sino otras moléculas que modulan la expresión de los mensajes genéticos. Asimismo, los genes que codifican proteínas no necesariamente codifican solo para una, sino que pueden generar varios



No todos los genes codifican para formar proteínas, sino que un número nada despreciable de ellos sirve para generar productos no proteicos (multitud de ARNs distintos) con funciones reguladoras, algunas de ellas todavía desconocidas.

productos proteicos según cómo se lean y procesen, y los efectos de estos productos pueden ser distintos en función de qué otras proteínas se estén expresando. Esto significa que a la red de interacciones entre individuos y especies dentro de un solo ecosistema hay que sumar la red de interacciones entre genes que ocurren dentro de todas sus millones de células. Y sólo en la última década hemos empezado a intuir la complejidad de esta enmarañada red, mientras cada segundo, en cada uno de nosotros, ocurren cambios azarosos en el ADN. Solo es cuestión de tiempo que aparezca una pequeña modificación heredable, que ni siquiera tiene por qué suponer una ventaja en el momento en el que aparece, que tal vez ni siquiera tenga un efecto perceptible hasta que cambien las condiciones ambientales en las que el organismo que la porta se desarrolla.

Un ejemplo arquetípico de esto reside en el gen estropeado que los humanos que

toleramos la lactosa portamos en nuestro genoma. En resumidas cuentas, lo normal entre los mamíferos es que el gen que digiere la lactosa se apague cuando superamos la etapa de lactancia, ya que la leche debe ser un alimento propio de las crías y es contraproducente que los adultos y las crías compitan por una misma fuente de nutrientes. Sin embargo, se sabe que hace 7.500 años, poco tiempo después de que el ser humano comenzara a domesticar el ganado, ocurrió dentro de algún individuo de una población europea una mutación en la regulación de este gen que lo mantuvo encendido durante toda la vida de quien lo portase. Tal mutación comenzó a extenderse por la descendencia y quienes portaban en su constitución cromosómica este gen perpetuamente encendido pudieron aprovecharse de los alimentos lácteos que extraían de los animales, sacando todavía más partido de ellos: ahora una cabra podía ser fuente de alimento mucho más tiempo que a

través de su carne. Fue entonces cuando este gen estropeado, esta bella durmiente escondida en algunos genomas, se convirtió en protagonista, y quienes la poseían se alimentaban mejor, estaban más fuertes, vivían más tiempo y se reproducían más. Es por eso que las poblaciones europeas tienen hoy en día multitud de quesos y yogures mientras que en las poblaciones asiáticas o sudamericanas no pueden beber leche, al no poseer esta mutación ni, por tanto, incorporar los lácteos en su gastronomía. Asimismo, se sabe que mutaciones parecidas han ocurrido con el mismo efecto independientemente en otros sitios, como algunas poblaciones africanas de masáis, beduinos y zulús. Y es que cada población es un pequeño laboratorio donde la naturaleza crea y selecciona combinaciones nuevas constantemente, sin pausa, desde que aparecieron los primeros genes. ¿Cuántas mutaciones habrán surgido a lo largo de nuestra historia que han desaparecido por no darse en las células correctas, en los ambientes correctos, en el momento correcto como para que pueda transmitirse a la descendencia? ¿De cuántas mutaciones como la que ha hecho aparecer al covid-19 nos hemos librado hasta ahora?

Y la historia no se para aquí: nuestra propia evolución, las decisiones que tomamos y los avances y la destrucción que traemos condicionan cómo van a evolucionar las especies que nos rodean y las enfermedades infecciosas que nos afectan hoy. Ahora, con la aparición de tantas vacunas para el covid-19, se ha temido que las nuevas presiones que ejerceremos sobre el virus favorezcan la proliferación de las variantes que puedan escaparse del efecto de las mismas, si bien tales vacunas pueden adaptarse ahora con relativa facilidad a los cambios que hacen de este patógeno un agente más infeccioso y esquivo. Es el mismo miedo que hemos tenido todos estos años con el mal uso de los antibióticos, que ya ha dado lugar a la aparición de bacterias super-resistentes. Sin duda, darán mucho de qué hablar en las

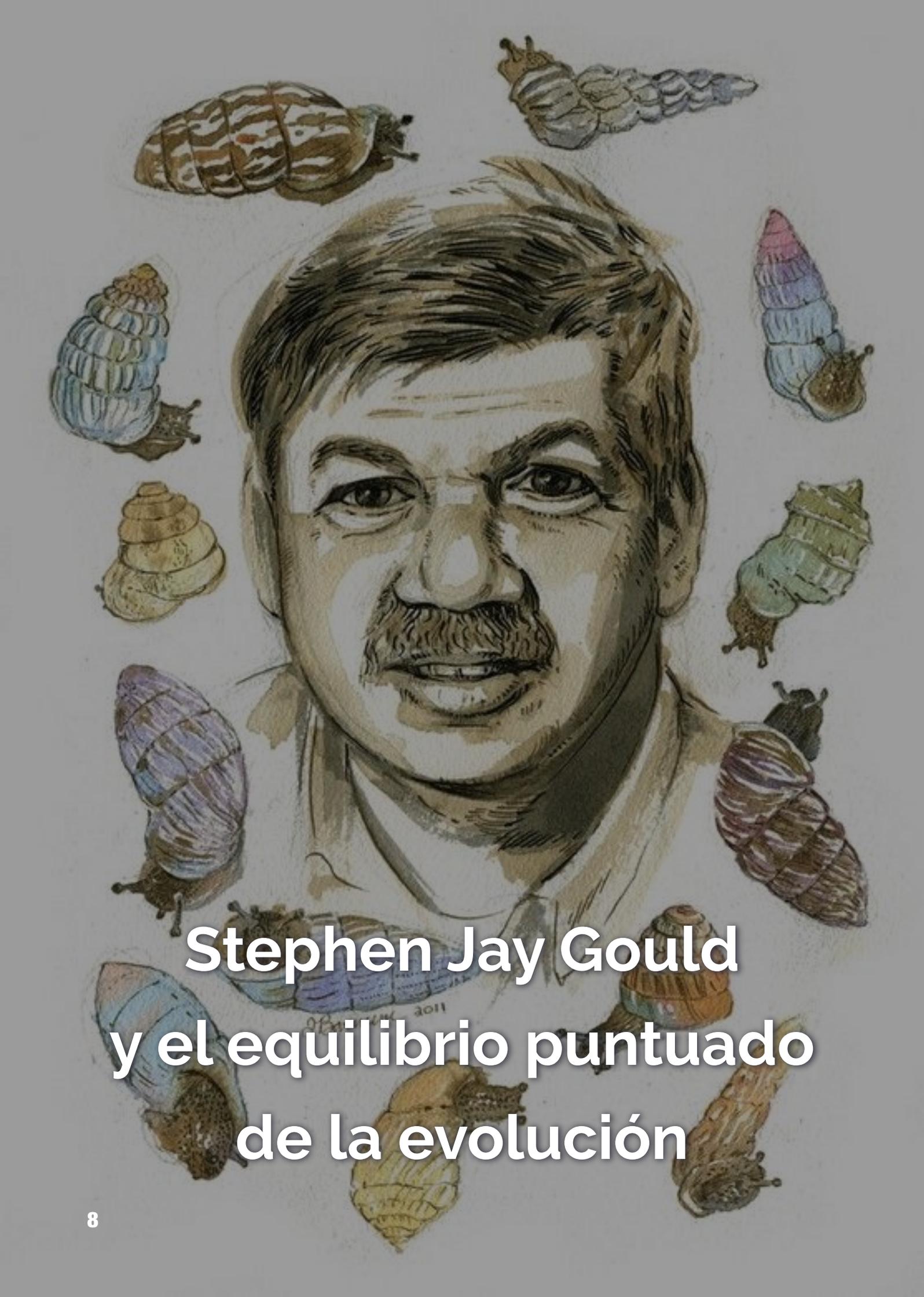
próximas décadas, cuando comencemos a recolectar las consecuencias de nuestros errores y muchos medicamentos que han salvado la vida a miles de personas hayan perdido todo efecto como arma.

Dicen que el COVID-19 ha venido para quedarse, igual que los virus de la gripe o el virus del SIDA, que no existía hasta antes de los pasados 80. En lo que llevamos de siglo XX, hemos visto la gripe aviar, el H1N1 de la gripe porcina, el ébola, el zika, otros coronavirus más discretos... todos aparecidos con grandes brotes que luego se han terminado por controlar y volverse menos mediáticos. Y es que, en parte, la propia evolución de los virus les llama a relajarse. Un virus demasiado virulento, demasiado eficaz a la hora de consumir a sus víctimas, está abocado al fracaso, pues de nada le sirve a los parásitos obligados matar a sus hospedadores. La tendencia es que igual que las poblaciones humanas se cincelan y modifican por estas enfermedades, tales patógenos también tienden a rebajar su virulencia. Apenas nadie muere de gripe a día de hoy, cuando en su día fue la causa de miles de miles de pérdidas. Es probable que la pandemia pase y el virus cambie, y que nosotros cambiemos, y que vengan otras enfermedades nuevas que nos conmocionen y traumen como sociedad, en tanto a que las agresiones al medio están favoreciendo más caldos de cultivo donde proliferar estos patógenos y sus vectores. El ser humano cree que está solo en el mundo. No es cierto. Un buen día, un solo acto, el simple cambio de una base por otra dentro de un trozo de ADN perdido en mitad de la selva, puede afectarnos a todos.

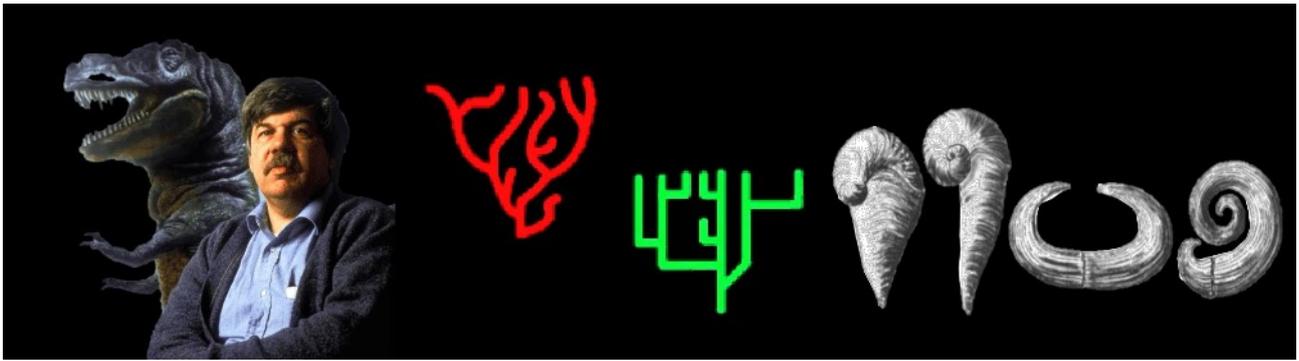
Juan Encina

Graduado en Biología por la Universidad de Coruña y Máster en Profesorado de Educación Secundaria por la Universidad Pablo de Olavide. Colabora en proyectos de divulgación científica desde 2013 como redactor, editor, animador de talleres para estudiantes y ponente.





**Stephen Jay Gould
y el equilibrio puntuado
de la evolución**



Stephen Jay Gould nació un 10 de septiembre de 1941 en la comunidad de Bayside, Queens (Nueva York), y creció en un hogar judío secular (no practicante), de ahí que toda su vida se considerase agnóstico. Sus padres le inculcaron valores progresistas, que le llevaron en la década de los 60 incluso a manifestarse en contra de locales que impedían el acceso a personas afrodescendientes. Cesó en sus manifestaciones cuando se logró cambiar la ley en pro de la igualdad. Durante toda su vida luchó activamente contra las pseudociencias, y las injusticias sociales. Pero el momento crítico de su vida fue cuando sus padres lo llevaron de pequeño al Museo de Historia Natural, y se encontró por primera vez con el esqueleto inmenso del *Tyrannosaurus rex*, lo que decidiría su futuro como paleontólogo.

Columbia (Nueva York), e ingresó en el departamento de Geología del Profesor **Norman D. Newell** para realizar su doctorado en paleontología. Newell era un excelente paleontólogo, experto en fósiles de bivalvos, y además trabajaba en el Museo de Historia Natural de Nueva York. Fue una influencia decisiva para Gould, que terminó sus estudios de postgrado en 1967, convirtiéndose en un importante doctor en paleontología. Tras esto, fue inmediatamente contratado por la Universidad de Harvard como profesor de geología y biología evolutiva, donde estuvo trabajando hasta el 20 de mayo del 2002, año en que una metástasis puso fin a su vida, pero no a su legado.

Gould no se caracterizó por ser solo un gran investigador, sino también un excelente divulgador. Con un h-index de 106 y más de



Fotografía propia de Juan de Dios Franco Navarro, Museo de Historia Natural de Nueva York, 2012.

En el año 1963 se graduó en Geología y Filosofía en el *Antioch College* de Ohio. Era un excelente candidato para haber estudiado en la Universidad de Harvard, pero no alcanzó la plaza por unas pocas décimas. Tras sacarse el grado doble volvió a la Universidad de



Stephen Jay Gould. Foto por Joana Oliveira (@joanaoliv)

114.000 citas, Gould nos ha dejado una extensa, productiva y relevante obra con: 479 artículos científicos revisados por pares, 22 libros, 300 ensayos, y 101 reviews. Sus principales obras son 'El pulgar del panda', 'Un dinosaurio en un pajar', 'La sonrisa del flamenco' o 'La vida maravillosa'. Entre los ensayos cabe destacar el de 'Mickey Mouse conoce a Konrad Lorenz', donde podemos conocer el porqué de la evolución del personaje de Mickey Mouse. Sus trabajos no dejan indiferente a nadie.

Durante su doctorado (1963-1967), un joven Gould y un becario llamado **Niles Eldredge** desarrollaron la **teoría del equilibrio puntuado** (1972), que marcaría toda la trayectoria de ambos investigadores paleontólogos. Pero para poder comprender esta teoría, tenemos que volver brevemente al 'Origen de las especies' de **Charles Darwin** (1859) y al Neodarwinismo, cuyo pilar fundamental se centraba en que la

evolución de las especies se produjo de forma gradual (**gradualismo filético**) pero, según Darwin, no había aún suficientes evidencias en el registro fósil para corroborarlo. Gould y Eldredge estudiaron el registro fósil de trilobites del Devónico, y se dieron cuenta de que los procesos de especiación en el registro fósil se daban de forma relativamente rápida, alterando entre largos periodos de estabilidad, y momentos en los que se daban cambios repentinos, que Gould llamó **equilibrio puntuado**.

Antes de Gould y Eldredge, otro investigador de la Universidad de Columbia, **George Gaylord Simpson**, describió que en el registro paleontológico se daban cambios graduales, tal como describió Darwin y el neodarwinismo, pero también se observaban cambios rápidos y lentos en la evolución. De hecho, el equilibrio puntuado y el gradualismo filético no son mutuamente excluyentes, son totalmente

compatibles con las teorías de Darwin. En contraposición, también se observó que había especies que con el paso de miles de años permanecían sin modificaciones anatómicas, como ocurre con el celacanto o el cangrejo cacerola. Este concepto de no-cambios se conoce como estasis.

La fauna cámbrica del esquisto (o mejor dicho de la lutita) de Burgess (*Burgess Shale*) fue descubierta en 1909. Destaca por albergar una gran riqueza en vestigios de animales invertebrados del período Cámbrico Medio (505 millones de años de antigüedad). Este yacimiento provee una imagen única de la vida oceánica, en un período en el cual las criaturas vertebradas no habían hecho todavía su aparición, y del cual no abundan los restos fósiles. Lo intrigante de este yacimiento es la presencia de criaturas que no pertenecen a ningún filo conocido en el presente. En su libro 'Wonderful Life' (1989) Gould describió la fauna cámbrica de *Burgess*



Primera página del ensayo 'Mickey Mouse meets Konrad Lorenz'. Gould, Stephen Jay. "Mickey mouse meets konrad lorenz." Natural History 88.5 (1979): 30-36.

Ejemplar de Celacanto



EN FÓSIL

EN VIVO

Shale, destacando sus extraños diseños anatómicos, su repentina aparición y el papel que desempeñó el azar para determinar qué miembros sobrevivieron. Utilizó la fauna del Cámbrico como ejemplo del papel que desempeña la contingencia en la conformación del patrón general de la evolución. Por este tipo de casos y excepciones, a día de hoy el equilibrio puntuado está en debate, ya que hay grupos o linajes que apoyan esta teoría, y otros tantos que muestran una evolución alternativa como las ya mencionadas. Es por esto que hubo mucha polémica entre Stephen Jay Gould y **Richard Dawkins**, dado que este segundo no aceptaba la teoría del equilibrio puntuado, y lo llamaba “evolución para idiotas”, a lo que Gould le replicaba que lo suyo era “evolución para cretinos”. A veces la ciencia no puede evitar este tipo de encuentros, como las históricas peleas dialécticas y en un tono bastante tosco entre Isaac Newton y Gottfried Leibniz, o entre Thomas Alva Edison y Nikola Tesla. Richard Dawkins publicó algunos libros y artículos en un tono bastante agresivo contra Gould, tales como ‘The blind watchmaker’, o ‘Unweaving the rainbow’. En esta pelea dialéctica entraron otros investigadores más como **Daniel Denett**, **Kim Sterelny**, o **John Maynard Smith**. Esto se llamó casi cómicamente “Las guerras de Darwin”.

Sin embargo, la fama de Gould no se debe únicamente a sus teorías evolutivas. También desempeñó un papel relevante como historiador de la ciencia, y puso en evidencia varias teorías bastante asentadas por la comunidad científica en aquel entonces. Entre

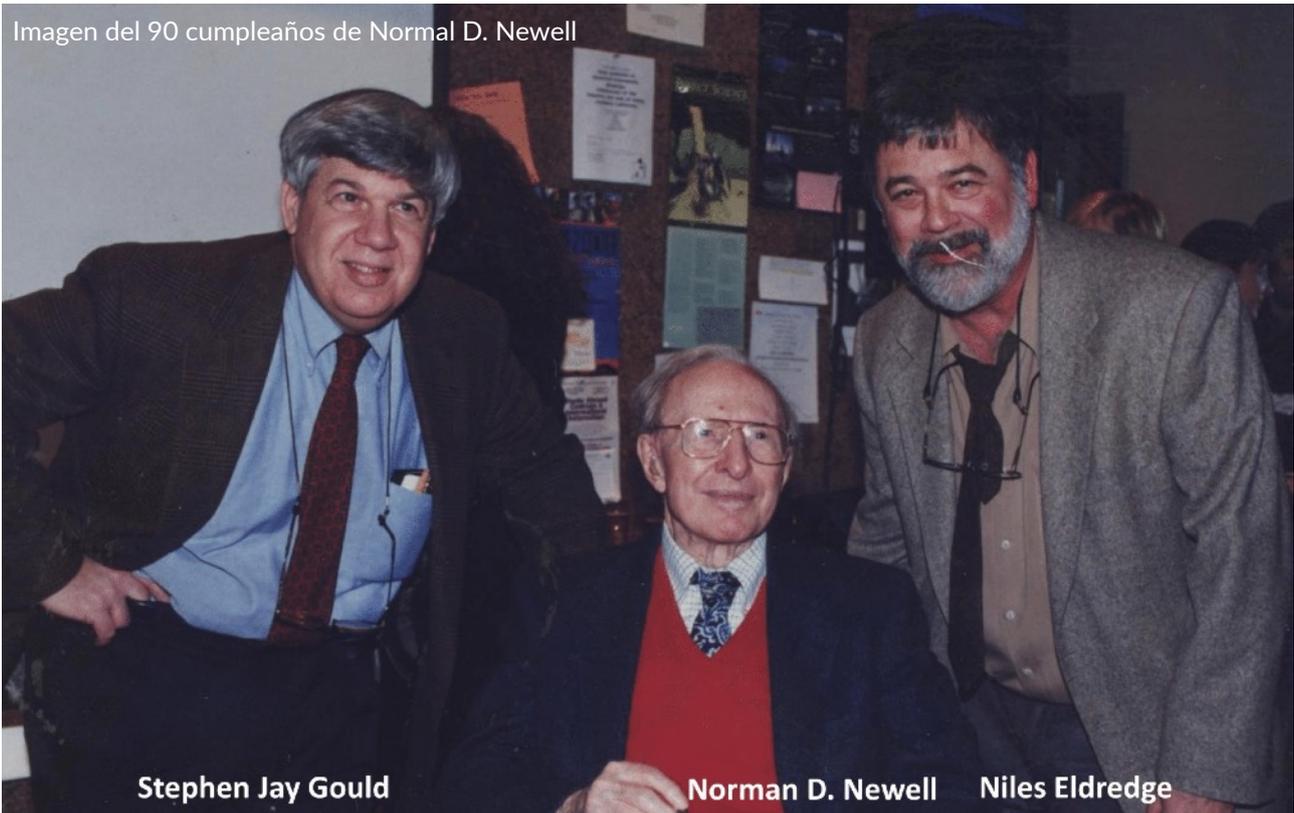
ellas, destacó su férrea oposición a la sociobiología. Esta teoría, que apareció a mediados del siglo XIX, estudia las bases biológicas del comportamiento de las especies animales gregarias, donde los individuos viven en comunidades. La principal crítica que hizo este investigador, fue en la aplicación de este término en la sociedad humana, además de una crítica sobre la psicología evolucionista.

Junto a todo lo mencionado, es comprensible entender que en sus ideales rechazara todo tipo de convencionalismos que objetaban que el origen de la vida debía estar justificado por algún ente religioso. Es por ello, por lo que se opuso ante las bases creacionistas indicando que la ciencia y la religión deberían acuñarse como “magisterios” independientes no



Capítulo 9 de la temporada 9 de Los Simpsons “Lisa la escéptica”. Emitido el 23 de noviembre de 1997.

Imagen del 90 cumpleaños de Norman D. Newell



complementarios (*non overlapping magisteria* como él decía).

En la década de los 80 Gould sufrió un cáncer de mesotelioma peritoneal, y tras dos duros años consiguió recuperarse completamente y publicó un ensayo titulado 'La mediana no es el mensaje', aludiendo a que los conceptos estadísticos de supervivencia referidos a pacientes, son abstracciones útiles, pero no expresan la realidad del mundo acorde a los múltiples factores que influyen sobre este. Se convirtió en un apoyo fundamental para muchos enfermos de cáncer. Veinticuatro años después fue diagnosticado de adenocarcinoma metastásico de tipo IV ampliamente extendido por todo su cuerpo, y falleció en 2002 en su *loft* del SoHo. Como fue un personaje destacado, *Los Simpsons* lo inmortalizaron en dos capítulos, en los que ayudaba a Lisa a resolver el caso del fósil del Ángel. Su colega **Niles Eldredge** continuó publicando trabajos ligados a la Universidad de Columbia, y trabajó como conservador del Museo de Historia Natural de Nueva York. Actualmente está jubilado, y a sus 77 años sigue siendo un importante activista por los derechos humanos, muy activo en *Twitter*. Sin duda se

juntaron dos personas muy afines, preocupadas por la evolución de la vida, y por la deriva de la sociedad. Así, gracias a la ardua laborde ambos investigadores norteamericanos amantes de la paleontología, hemos podido dar explicaciones con base científica al porqué de muchos sucesos ocurridos en la evolución, además de abandonar ideas clasistas propuestas en numerosas ocasiones, producto de la imaginación humana y la búsqueda de una justificación a las masas, con el propósito de encontrar reconocimientos y un mayor impacto en la sociedad.

Juan de Dios Franco Navarro

Licenciado en Biología (US), Máster en Genética Molecular y Biotecnología Vegetal (US) y Doctorando en Biología Integrada (IRNAS-CSIC-US).



Procopio Peinado Torrubia

Doctorando en Biología. Investigador en el Instituto de Recursos Naturales y Agrobiología de Sevilla, Consejo Superior de Investigaciones Científicas.





Escanea el código QR y lee ciencia desde tu dispositivo preferido.

Convergencia evolutiva: cuando dos especies no emparentadas llegan a la misma solución

La revista *Science* publicaba a principios de año el artículo titulado “*Convergent evolution of pain-inducing defensive venom components in spitting cobras*” (“Evolución convergente de los componentes del veneno defensivo que inducen dolor en las cobras escupidoras”). En él, se evaluaba la composición química del veneno de diferentes grupos de cobras.

Los resultados de este estudio arrojaron que existen diferencias significativas entre la composición del veneno de las especies de cobras escupidoras y las no escupidoras, pero, además, gracias al mismo, se descubrió que existen tres grupos diferentes de cobras que, en diferentes momentos y en lugares separados geográficamente, sufrieron un cambio en sus colmillos para poder proyectar el veneno hacia sus potenciales presas otorgándoles una ventaja evolutiva. Lo especialmente curioso es que el antepasado

común de éstas no disponía de esta característica, lo que significa que las especies que actualmente cuentan con este mecanismo han conseguido desarrollarlo de manera independiente unas de las otras, pero llegando todas ellas a un mismo resultado. Este fenómeno por el cual diferentes especies logran desarrollar una misma adaptación se denomina convergencia evolutiva, y se da cuando la evolución de dos especies no emparentadas resuelven de forma similar un mismo problema que garantiza su supervivencia. Pero el de las cobras no es el único caso donde dos especies no relacionadas convergen en un rasgo común. Este es un fenómeno muy extendido que se puede dar entre grupos de animales incluso mucho más separados taxonómicamente hablando. Uno de los más llamativos es el caso de las aves y los murciélagos, cuyo antepasado común ni siquiera tenía alas, y, sin





embargo, ante la presión evolutiva, los cambios los condujeron a una misma solución, hacia el desarrollo de extremidades adaptadas (entre otras adaptaciones) que les permitieran volar. Otro ejemplo serían las aletas de las ballenas y las de los tiburones. Sin embargo, los murciélagos y ballenas, ambos pertenecientes al grupo de los mamíferos (y a pesar de sus escasas similitudes), están más relacionados entre sí de lo que pueden estarlo con las aves o los peces, respectivamente.

Frente a la convergencia evolutiva, existe el fenómeno contrario: la divergencia evolutiva, a través de la cual diferentes organismos con un mismo antecesor modifican la misma estructura de maneras muy diferentes, para cumplir con diferentes funciones. Al igual que ocurre con la convergencia evolutiva, el fenómeno de la evolución divergente no sólo se puede ver en especies altamente diferenciadas, como podría ser la evolución de las extremidades en los mamíferos a aletas, alas o patas, respectivamente, sino que también existe entre grupos mucho más cercanos taxonómicamente hablando. Uno de los ejemplos más conocidos en este sentido es la evolución de los picos de pinzones en el archipiélago de las Islas Galápagos, explicada

por Charles Darwin. Su ancestro común llegó a las Islas hace dos millones de años y, desde entonces, son ya cerca de veinte especies diferentes reconocidas de pinzones, donde una de sus principales diferencias, junto con el tamaño, son las diferentes morfologías de los picos, adaptados a la disponibilidad de alimento para cada uno de los casos. De este modo, en función de su dieta, los que se alimentan de granos o semillas disponen de un pico mucho más grueso que aquellas especies que se alimentan de insectos, cuyo pico es mucho más fino. Este rasgo hace que se asemejen físicamente a otras especies de aves con las que están mucho más diferenciadas de lo que se asemejan entre ellas. Por ello, lo que supone un caso de divergencia evolutiva, si comparamos a las dos especies de pinzones, se convierte en un caso de convergencia evolutiva si comparamos independientemente a cada una de estas especies de pinzones con las otras especies de aves que han llegado a desarrollar el mismo tipo de pico.

Marta Escribano García

Bióloga con nombre de mustélido y apellido de ave paseriforme. Divulgadora Científica. Amante de la naturaleza.



Hidropolinización en plantas acuáticas



Grano de polen de *Prunus cerasifera*. A diferencia de los granos de polen de las especies terrestres, polinizadas por insectos o el viento, que muestran perfiles más o menos esféricos, los granos de polen de las especies hidrófilas son aplanados (discoïdales) o en forma de bastoncillos. Éstos se agregan forman estructuras más o menos filamentosas que facilitan la posibilidad de fecundación. Imagen tomada de la base de datos Global Pollen Project.

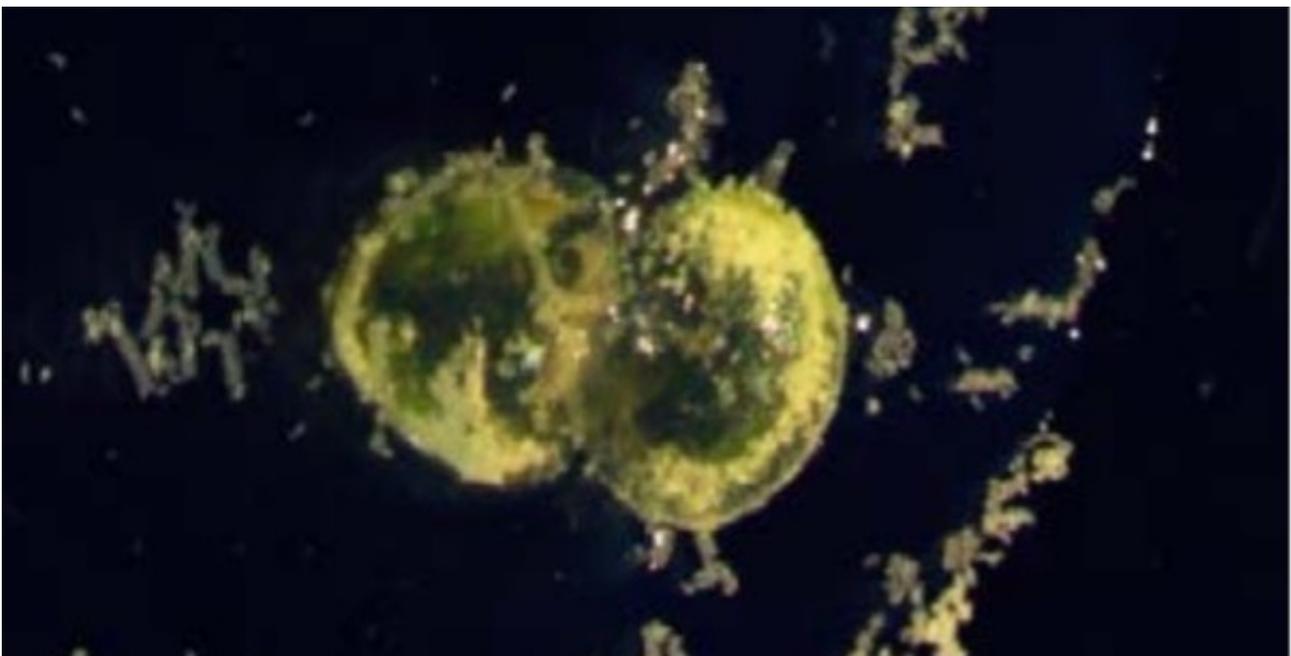
Si ha tenido a bien examinar granos de polen al microscopio habrá podido observar que, en su mayoría, más allá de los ornatos con que suelen estar decorados, son unas estructuras esféricas y pequeñas. Para llevar a cabo la fecundación vegetal no hace falta mucho más, aparte de una “fuerza motora” que nos ayude a movernos de un individuo a otro genéticamente compatible, por supuesto.

Sin embargo, no todas las plantas muestran granos de polen esféricos. Por ejemplo, algunas especies de *Zostera* o *Cymodocea* (como *C. nodosa*) producen un grano de polen alargado y filiforme, como si fuese una especie de gusano o anguililla la que estuviese a cargo de posibilitar la reproducción. El hecho de que *Zostera* produzca un grano de polen de estas características responde a dos cuestiones: 1) el agua disgrega los granos de polen, convirtiéndolos en un material genético inservible y desaprovechado, pues no tiene forma de llegar a su destino (el óvulo femenino) y 2) los sistemas de polinización hidrófila (como el de *Zostera*) no han adaptado esta morfología por mero capricho.

Antes de entrar en materia, me gustaría advertir de un hecho: no debemos confundir la

polinización hidrófila con la reproducción llevada a cabo por plantas acuáticas carentes de estructuras florales, como puede ser el caso de las algas. Por supuesto, tampoco se parece a la polinización terrestre o a la que muestran otras especies acuáticas que desarrollan sus flores por encima de la lámina de agua y tiene como vectores a insectos o el propio viento. ¿Por qué digo esto? Pues porque en ocasiones se cita como ejemplo de polinización acuática el caso de *Vallisneria* descrito por Erasmus Darwin, abuelo de Charles Darwin.

La *Vallisneria* de la que nos hablaba Erasmus era una planta de agua dulce que “libera” sus flores, las cuales ascienden por la columna de agua unos pocos centímetros hasta llegar a la superficie, donde se abren. Una vez en la superficie, los pétalos de la flor masculina se recurvan y crean sobre la superficie líquida un menisco que permita que la brisa más ligera mueva la flor hasta encontrarse con su complementaria femenina, que está anclada a través de un largo pedúnculo al fondo de la masa de agua. Cuando la flor masculina cae dentro de la “depresión” originada por la flor femenina, ambas se tocan y es en ese preciso instante donde se produce la transferencia



Antera *Ruppia*. Las anteras de las especies de *Ruppia* liberan su polen al medio acuático, donde se agregan y forman unas pequeñas marañas que permiten aumentar las posibilidades de éxito reproductivo. Imagen cortesía de Santos Cirujano y Pablo García Murillo.

« HIDROPOLINIZACIÓN »

polínica. Digamos que, en este caso, *Vallisneria* no libera al medio los granos de polen, sino pequeñas flores masculinas completas. Un fenómeno aún más complejo y que muchos autores no consideran hidropolinización.

Aunque la polinización hidrófila se trata de un tipo de polinización mediada exclusivamente por el líquido elemento. Aunque parezca un mecanismo de polinización extraño o inusual, conocemos 31 géneros diferentes (pertenecientes a 11 familias botánicas) que la muestran. Los individuos que la presentan se distribuyen desde Suecia hasta Argentina y aparecen tanto a nivel del mar como a 5000 metros de altura, donde pueden llegar a entorpecer la navegación a través del lago Titicaca, como es el caso de *Elodea potamogeton*. Pero, ¿cómo lo hacen?

En primer lugar, para solventar la destrucción que el agua podría causar en los granos de polen, los granos (¿o debería decir filamentos?) se recubren con proteínas, mucílagos y carbohidratos que, además de protegerlos del agua les hacen pegajosos, de tal modo que se adhieren unos a otros para formar unas estructuras que, vistas sobre la superficie del agua, parecen copos de nieve, plumas (como los de la fijiana *Halophila ovalis*) o finos discos (como los de la australiana *Lepilaena cylindrocarpa*). Sin embargo, aún queda por responder cómo se “reconocen” o “encuentran” los granos de polen masculinos con las flores femeninas que deben fecundar.

Esta es una cuestión física y matemática que ya resolvió Bernard Koopman y sus colegas del Grupo de Operaciones de Guerra Antisubmarina de los Estados Unidos durante la II Guerra Mundial. Koopman demostró de manera elegante que si cualquier elemento de rastreo sigue una trayectoria aleatoria en un plano bidimensional, la posibilidad de hacer blanco aumenta rápidamente con la amplitud de la trayectoria seguida, tal y como recogió en la expresión $p = 1 - e^{-wL/A}$, donde p simboliza la probabilidad de alcanzar al objetivo; w es la amplitud de la trayectoria descrita por el objeto de búsqueda (nuestro grano de polen); L señala la longitud de la trayectoria y A

corresponde al área barrida en la búsqueda. Dicho de otra forma, si la probabilidad de una polinización en el medio acuático es baja, podemos incrementarla si aumentamos las dimensiones del instrumento de búsqueda y si éstos no siguen trayectorias completamente aleatorias.

¿Pero por qué usar una estrategia de polinización en superficie (2D) y no una subacuática (3D)? Las estrategias de polinización en 3D a priori serían menos eficaces ya que los granos de polen y los estigmas se encuentran dispersos en un volumen, a diferencia de la polinización en superficie, donde polen y estigmas se “concentran” en un plano, el de la propia superficie del agua. Asimismo, las diferencias estocásticas o debidas al azar se incrementan en 3D. En resumen, en un plano, cualquier estigma acabará antes o después por ser alcanzado por un grano de polen. No obstante, la polinización subacuática o tridimensional existe en el mundo vegetal, concretamente en plantas permanentemente sumergidas, como *Thalassia testudinum*, cuyos granos de polen se encuentran adheridos a una hebra mucilaginoso que se enrollan cuando chocan con los estigmas de la flor femenina, duros e hirsutos. Obviamente, corren el riesgo de quedar enredados en cualquier otra estructura dura e hirsuta que puedan encontrar en su viaje.

Frente a esto, hay especies como *Enhalus acoroides*, *Phyllospadix scouleri* o *Zostera marina* que combinan ambas estrategias, la polinización 3D y 2D, cubriendo de esta manera la posibilidad de reproducirse tanto con marea baja como con marea alta.

Pero claro, estas son sólo algunas de las soluciones que aportan al problema las flores masculinas. ¿Qué aportan las femeninas a la resolución del conflicto de tener que reproducirse en el medio acuático? En primer lugar, los estigmas amplían el área eficaz del blanco y, en segundo lugar (aunque no por ello menos importante) alterando su forma para incrementar la probabilidad de encuentro. Un ejemplo puede ser el de las brácteas de



Phyllospadix scouleri es una planta marina que se encuentra adherida a rocas en la zona intermareal. Estas plantas han adoptado una estrategia reproductiva mixta, pudiendo liberar su polen tanto con marea baja (2D) como con marea alta (3D), hecho que incrementa su posibilidad de éxito reproductor en un hábitat fluctuante.

Lepilaena cylindrocarpa, donde los tres estigmas de la flor femenina presentan una bráctea que las mantiene unidas, lo que les da un aspecto de guante de béisbol. Esta “concavidad”, aunque pequeña, crea una depresión en la superficie del agua que aumenta la posibilidad del encuentro reproductor. Asimismo, las flores femeninas oscilan como consecuencia de las corrientes de agua, fenómeno que indudablemente también aumenta el área efectiva del objetivo, tal y como ocurre en *Ruppia maritima*, cuyo pedúnculo hace que las flores se balanceen cual limpiaparabrisas, hecho que permite “recolectar” los granos de polen.

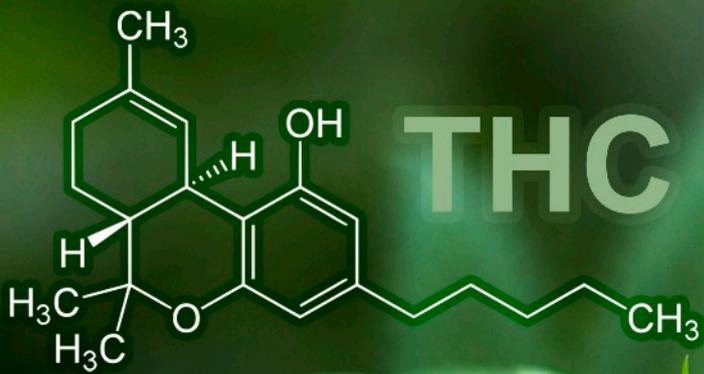
Para finalizar, me veo en la obligación de romper una lanza en favor de las plantas hidrófilas y la hidropolinización pues más allá de llamar nuestra atención, el conocimiento de estas estrategias reproductivas nos deben ayudar a abordar problemas de ecología evolutiva y demografía vegetal, ya que la esperanza de vida del polen hidrófilo dura poco. Por ejemplo, el polen de *Zostera* tiene

una duración media de ocho horas de vida después de su eclosión. Asimismo, las especies hidrófilas podrían ayudarnos a conocer mejor las pautas de colonización geográfica y genética de múltiples poblaciones, puesto que las poblaciones de agua dulce de plantas hidrófilas están reproductivamente aisladas, ya que el polen no puede saltar de un lago o río a otro. Dicho de otro modo, el flujo genético se fundamenta, en última instancia, en la transferencia de frutos o fragmentos vegetativos diseminados.

Eduardo Bazo Coronilla

Licenciado en Biología. Fue colaborador del grupo de investigación PLACCA (Plantas Acuáticas, Cambio Climático y Aerobiología) en el Dpto. de Biología Vegetal y Ecología de la Facultad de Farmacia (Sevilla). Micófilo.





Cannabis sativa: Cromosomas sexuales y sexado mediante marcadores genéticos

Planta de *Cannabis sativa* y fórmula estructural de dos de los fitocannabinoides de mayor interés para la industria farmacológica, el tetrahidrocannabinol (THC) y el cannabidiol (CBD).



La producción de metabolitos secundarios de interés farmacológico a media y gran escala a partir del cultivo de cannabis (*Cannabis sativa* L.) está aumentando muy rápidamente en todo el mundo, debido principalmente a la enorme potencialidad terapéutica de la mayoría de estos compuestos. Entre ellos, son especialmente cotizados los fitocannabinoides, tanto desde el punto de vista de su uso en investigación básica como por sus posibles aplicaciones clínicas.

Los fitocannabinoides (cannabinoides de origen vegetal) son compuestos orgánicos pertenecientes al grupo de los terpenofenoles capaces de activar unos receptores específicos presentes en el organismo humano. Estos receptores forman parte de nuestro sistema endocannabinoide, el cual está involucrado en la regulación de una gran variedad de procesos fisiológicos como son la percepción del dolor, el apetito, la memoria, el estado de ánimo, los sistemas de recompensa cerebral o las adicciones, entre otros. Actualmente se han aislado más de un centenar de cannabinoides

de la planta del cannabis, siendo algunos de ellos muy abundantes en la misma, además de ser ampliamente conocidos y estar bastante documentados, como es el caso del cannabidiol (CBD), el cannabigerol (CBG), el cannabinol (CBN) o el tetrahidrocannabinol (THC). Este último, mejor conocido como (-)-*trans*- Δ^9 -tetrahidrocannabinol (Δ^9 -THC), es quizás el más popular por ser el componente psicoactivo primario de la planta y por la cantidad de propiedades tan prometedoras que se le están atribuyendo (analgésicas, antiinflamatorias, neuroprotectoras, antioxidantes, etc.).

Como ocurre con otros cannabinoides, el THC alcanza las concentraciones más altas en las inflorescencias femeninas (brácteas), lugar donde abundan los tricomas glandulares responsables de la producción de estos metabolitos, por lo que a efectos prácticos sólo las plantas femeninas tienen relevancia a nivel económico. Pero este no es el único motivo, ya que las plantas con flores femeninas que han sido polinizadas acaban

produciendo inflorescencias más pequeñas, lo que se traduce en menos THC. Es por ello que, para la industria productora de estos cannabinoides, es importante evitar el cultivo de plantas de flores masculinas, ya que su aparición supone un desperdicio de recursos y esfuerzo.

Al igual que ocurre con muchas plantas dioicas, el dimorfismo sexual (definido como el conjunto de variaciones en la fisonomía externa entre plantas femeninas y masculinas) en el cannabis no es muy evidente, y menos aún en las etapas tempranas de crecimiento, por lo que el sexo de la planta sólo se puede determinar con certeza cuando las plantas comienzan a florecer. Ante este escenario, se hace fundamental la necesidad de identificar marcadores genéticos universales que sean de utilidad para el sexado en estadios tempranos. Dado que esta planta tiene un sistema de cromosomas sexuales XY (XX hembra; XY macho), las técnicas moleculares de sexado más eficaces son las que se basan en marcadores genéticos asociados a los cromosomas sexuales. Sin embargo, muchas de estas técnicas no terminan de mostrar la precisión esperada por dos motivos principales: i) la secuencia de estos cromosomas no está completamente identificada a pesar de que el genoma de la planta fue secuenciado en 2011; ii) dicho genoma secuenciado proviene de una variedad cultivada o domesticada muy concreta, lo que provoca que, frente a la gran diversidad existente de cultivares (tanto domesticados como silvestres), el método de sexado no sea universal o al menos óptimo para la gran mayoría de ellos.

La enorme tasa de repetición de secuencias de ADN junto a la alta heterocigosidad que presenta el genoma del cannabis ha sido desde el primer momento un gran obstáculo en la obtención de un genoma de alta calidad y, en consecuencia, de la identificación de secuencias fiables de los cromosomas sexuales. Lejos de ser un problema, este objetivo está despertando un interés creciente entre la comunidad científica tras haber

emergido de los resultados obtenidos nuevas cuestiones sobre las que investigar, como es el proceso de evolución de los cromosomas sexuales en plantas. Como el fenómeno de disposición de flores unisexuales, femeninas y masculinas, en distintos individuos (la dioecia) tiene un origen ancestral en la familia *Cannabaceae*, se ha discutido sobre la posibilidad de que los cromosomas XY del cannabis sean muy “antiguos”, lo que los convierte en un elemento de estudio muy atractivo.

Aunque parezca sorprendente, los procesos evolutivos por los que se desarrolla tanto la dioecia como los cromosomas sexuales no se han estudiado aún en profundidad, hasta el punto de que el modelo actual propuesto para la evolución de los cromosomas sexuales en plantas sigue presentando muchas lagunas, sobre todo en sus últimas etapas, las cuales siguen siendo una incógnita.

De una forma simplificada, este modelo de evolución se basa en la diferenciación del tamaño y la forma (heteromorfia) de los cromosomas sexuales X e Y a lo largo del tiempo. Bajo esta teoría, en las etapas más iniciales de la evolución los cromosomas sexuales tendrían un tamaño similar (homomorfia), con pequeñas regiones que presentan genes ligados al sexo que no recombinarían entre X e Y. Dicha falta de recombinación en esos tramos podría dar lugar progresivamente a variaciones a través de mutaciones y reordenamientos en la secuencia de los genes que albergan, repercutiendo en una diferenciación gradual entre X e Y. Sería probable, por este motivo, que comenzasen a exhibir heteromorfia. Estas diferencias podrían ser generadas, por ejemplo, por numerosas repeticiones en las secuencias no recombinantes, como suele ser común en los cromosomas Y de la mayoría de los sistemas heteromórficos estudiados en plantas, los cuales muestran mayor tamaño que los X. Sin embargo, no hay certeza de que esa sea la tendencia evolutiva dominante, ya que los sistemas estudiados hasta ahora no se consideran lo suficientemente antiguos a nivel



evolutivo como para descartar la posibilidad de que los cromosomas Y vayan disminuyendo en tamaño con el tiempo, como sí ocurre en sistemas animales heteromórficos antiguos.

Recientemente, a través de técnicas de secuenciación y análisis bioinformático, se ha estimado que los cromosomas sexuales del cannabis tienen una antigüedad de entre 12 a 29 millones de años, por lo que representan el sistema de cromosomas sexuales más antiguo documentado en plantas hasta la fecha. Curiosamente, en el mismo estudio, se observó que los cromosomas XY de esta planta eran bastante homomórficos y grandes, con la región no recombinante del cromosoma X bastante extensa en comparación a otros sistemas en plantas y con un cromosoma Y que parece conservar un bajo porcentaje de los genes que originalmente debía poseer. Este último resultado, aunque deja abierta la posibilidad de que la aparición de repeticiones de ADN en el cromosoma Y haya sido “lenta” en el cannabis y que, por lo tanto, se encuentre aún en un estado evolutivo temprano, parece inclinarse más hacia que este cromosoma haya sufrido una

degeneración genómica a lo largo del tiempo, un proceso que recuerda a la evolución de la heteromorfía de los cromosomas sexuales en animales.

Dada la importancia para nuestra comprensión de la dioecia y los cromosomas XY en el cannabis, así como de la determinación del sexo mediante marcadores genéticos, más estudios complementarios son necesarios y de especial relevancia en este campo, lo que sin duda representa una oportunidad única para interpretar la evolución de los cromosomas sexuales y sitúa a la familia *Cannabaceae* en el punto de mira para futuras investigaciones.

**Francisco Jesús
Moreno Racero**

Biólogo. Apasionado de la ciencia y la ilustración científica digital. Sin la divulgación, la investigación pierde su significado social.



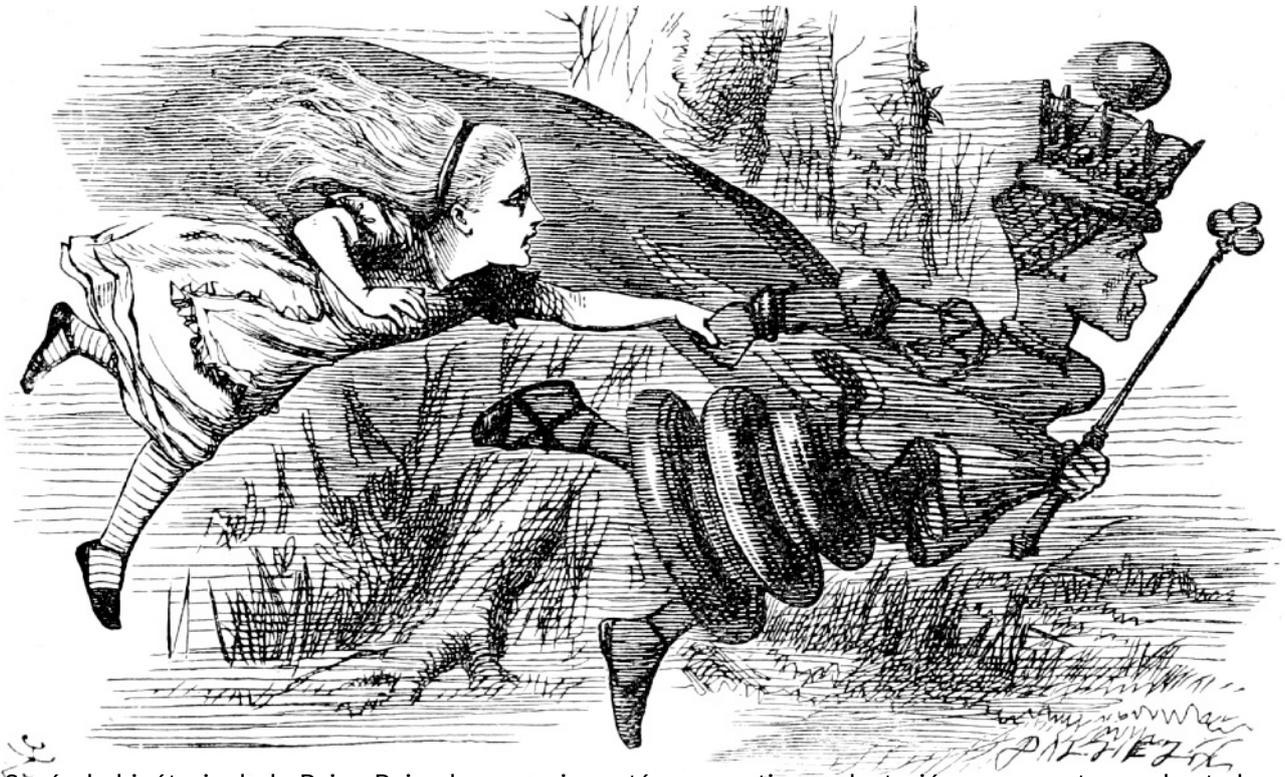
Miguel A. Rosales Villegas

Doctor en Biología. Investigador en el Instituto de Recursos Naturales y Agrobiología de Sevilla. Consejo Superior de Investigaciones Científicas.



La constante e
infinita carrera
evolutiva
entre
especies





Según la hipótesis de la Reina Roja, dos especies están en continua adaptación para mantener el estado actual en un ambiente. En pocas palabras: “Correr todo lo que puedas para mantenerte en el mismo sitio”. Dibujo de John Tenniel, 1871 (Dominio Público).

Cuando Alicia se encontró con la Reina Roja, se sorprendió al ver que, por más que corría y corría, su alrededor no cambiaba. Permanecía constante.

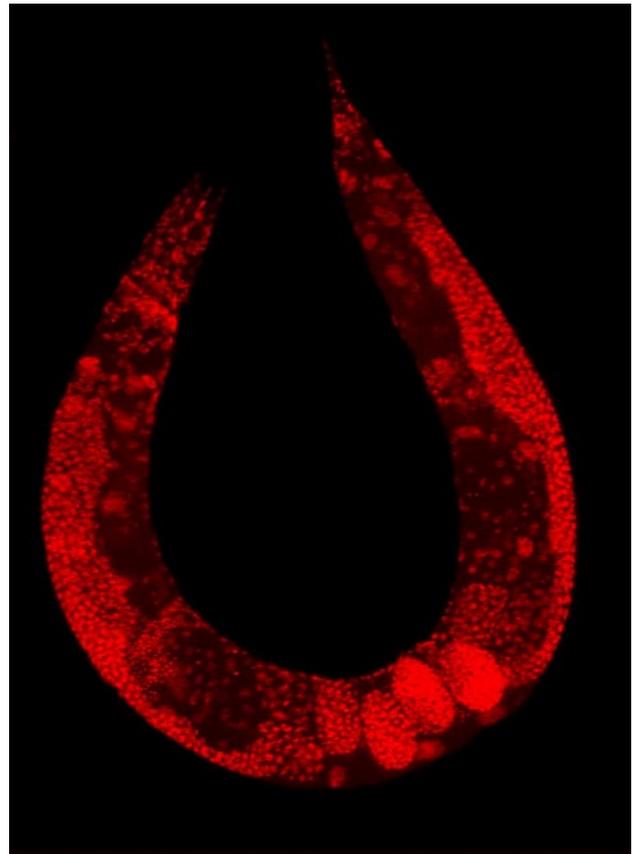
—Pero, ¿cómo? ¡Si parece que hemos estado bajo este árbol todo el tiempo!
¡Todo está igual que antes!
—¡Pues claro que sí! —convino la Reina—. ¿Y cómo si no?
—Bueno, lo que es en mi país —aclaró Alicia, jadeando aún bastante— cuando se corre tan rápido como lo hemos estado haciendo y durante algún tiempo, se suele llegar a alguna otra parte...
—¡Un país bastante lento! —replicó la Reina—. Aquí, como ves, hace falta correr todo cuanto una pueda para permanecer en el mismo sitio. Si se quiere llegar a otra parte hay que correr por lo menos dos veces más rápido.

Este pasaje, extraído del libro “Alicia a través del espejo” de Lewis Carroll, fue la fuente de inspiración para una de las ideas evolutivas más llamativas e interesantes de los últimos años: la hipótesis de la Reina Roja. Esta hipótesis fue

propuesta en la década de 1970 por el biólogo evolutivo Leigh Van Valen y sostiene que dos poblaciones o especies diferentes deben adaptarse y coevolucionar constantemente para sobrevivir y reproducirse mientras compiten en un entorno cambiante, con la finalidad de conseguir alguna ventaja reproductiva frente al rival. O lo que es lo mismo: dos especies están en continua adaptación (el análogo a la carrera de Alicia) para mantener el estado actual en un entorno dado (el país de la Reina Roja). En esta carrera sin fin —como la de Alicia en el país de la Reina Roja—, una especie A desarrolla ciertas defensas que le otorgan ventajas reproductivas en un ambiente determinado, pero estas serán contrarrestadas por las armas que desarrolle su competidor, la especie B. Para sobreponerse a esta nueva presión selectiva, la especie A deberá ahora mejorar sus defensas, pero estas nuevas defensas supondrán un nuevo obstáculo para la especie B, la cual tendrá ahora que contrarrestarlas; y así sucesivamente. Ni decir tiene que esta hipótesis se rige por los mismos principios que la evolución biológica, es decir, selección natural actuando sobre caracteres, adaptación, etc.

Desde su proposición, la hipótesis de la Reina Roja ha ido cobrando fuerza con los años y ya son numerosos los casos que encuentran cobijo en ella. Ejemplos de esta carrera coevolutiva sin fin se han encontrado en sistemas depredador-presa, planta-herbívoro o parásito-hospedador. Quizás el ejemplo más extendido e ilustrativo sea el del guepardo y la gacela, un sistema depredador-presa donde el guepardo lleva desarrollando armas durante miles de años (como velocidad de *sprint*, flexibilidad de la columna vertebral, etc.), las cuales son contrarrestadas por las defensas de la gacela (estado de alerta constante, mejora de la velocidad y la agilidad, etc.). Otros ejemplos los podemos encontrar en plantas que desarrollan toxinas frente a animales herbívoros, aves parásitas de cría cuyos huevos y polluelos se mimetizan con los de las aves hospedadoras, o bacterias cuya maquinaria molecular para detectar y destruir material exógeno está en constante evolución debido a la presión selectiva ejercida por los virus. Pero no solo en la naturaleza podemos observar carreras evolutivas entre especies, también las podemos ver en el laboratorio. Por citar un caso reciente, un estudio publicado en 2019 en la revista *Proceedings of the National Academy of Sciences* encontró que la interacción durante varias generaciones entre un hospedador, el nematodo *Caenorhabditis elegans*, y su patógeno, la bacteria *Bacillus thuringiensis*, provocaba cambios genéticos y fenotípicos en ambas especies: la bacteria sufrió mutaciones en genes de esporulación y síntesis de toxinas, mientras que el nematodo sufrió mutaciones en secuencias de genes implicados en la fertilidad y el sistema inmunitario. Tal y como predijo la hipótesis de la Reina Roja, ambas especies coevolucionaron para mantener estable su éxito reproductor y no extinguirse en esta carrera armamentística que parece no tener fin.

Pero sin duda uno de los mejores ejemplos donde observar esta coevolución lo conforman los sistemas ave-parásito, tanto por la enorme cantidad de estudios que existen al respecto como por los mecanismos evolutivos implicados. Aves y parásitos llevan



Fotografía de un nematodo *Caenorhabditis elegans* teñido con un marcador fluorescente rojo para resaltar los núcleos de sus células. Esta especie se usó en el laboratorio para llevar a cabo un experimento de coevolución con un patógeno. Fotografía obtenida de *Wikimedia Commons* (Dominio Público).

coevolucionando millones de años, y producto de esta evolución entre ambos grupos de organismos es la enorme diversidad actual de parásitos y sus modos de vida. Garrapatas, ácaros, pulgas, larvas de moscas o mosquitos son solo algunos de los parásitos que podemos encontrar en las aves o en sus nidos. Estos parásitos provocan diferentes y diversos efectos negativos en las aves, ya sea a nivel fisiológico o reproductivo. Las pulgas, que suelen encontrarse entre el material de los nidos, se alimentan de la sangre de los pollos de muchas especies de aves, provocándoles anemia y perjudicando seriamente su crecimiento. Las larvas de moscas de los géneros *Protocalliphora* o *Philornis*, por ejemplo, también disminuyen el crecimiento de los pollos, además de debilitarlos físicamente y causarles problemas fisiológicos¹.



Volantón de herrerillo común (*Cyanistes caeruleus*), una de las especies de aves frecuentemente parasitada por varios parásitos. En dicha especie mi grupo de investigación y yo testamos una hipótesis relacionada con la coevolución. Fotografía obtenida de Pixabay (Dominio Público).

Para defenderse de los parásitos, las aves han desarrollado numerosas defensas a lo largo de la evolución. Hay especies que parecen usar la migración para escapar de sus parásitos, otras usan el acicalamiento social para desparasitarse, algunas aves usan baños de tierra para secar y matar a sus parásitos, muchas otras especies poseen una glándula uropígea que segrega aceites con propiedades antibacterianas, etc. Dentro de la amalgama de adaptaciones anti-parasitarias que podemos encontrar en las aves hay una que llama especialmente la atención. Nos referimos a la eclosión asíncrona. La eclosión asíncrona, tal y como indica su nombre, se produce cuando los huevos de un nido eclosionan en días diferentes y no todos a la vez. Este carácter aparece en aquellas aves cuyos progenitores comienzan a incubar los huevos varios días después de que la hembra los haya puesto. Esta incubación “procrastinada” provoca que los primeros huevos que se pusieron sean los primeros en eclosionar, mientras que los últimos eclosionarán, en consecuencia, los últimos. En última instancia, la eclosión asíncrona provoca una jerarquía de tamaño entre pollos hermanos: los primeros en eclosionar serán más grandes que los últimos en hacerlo, ya que le llevarán varios días de ventaja en cuanto a alimentación y crecimiento.

Y es aquí donde entra en juego la llamativa adaptación a la que hacía alusión en el párrafo

anterior. Según la hipótesis del pollo sabroso (“*Tasty Chick*” en inglés), estos últimos pollos en eclosionar actuarían como cebo para atraer a los parásitos. Al tener una peor condición física que el resto de pollos de la nidada, los parásitos se cebarían con ellos, pudiendo incluso matarlos. La eclosión asíncrona, según esta hipótesis, tendría un carácter adaptativo, ya que la nidada se vería libre de parásitos, los cuales se agregarían en el pollo más débil, el último en eclosionar.

Aunque ingeniosa, esta hipótesis no ha encontrado suficiente apoyo empírico en los varios estudios que se han llevado a cabo con diferentes especies de parásitos y aves. Es más, mi grupo de investigación y yo testamos la hipótesis del pollo sabroso en una población de herrerillos (*Cyanistes caeruleus*) cuyos pollos son parasitados por pulgas y larvas de moscas. Nuestros resultados dieron un apoyo mixto a dicha hipótesis: las pulgas afectaron negativamente a los pollos más pequeños de la nidada, pero estos no tenían peor condición física ni inmunológica que el resto. Las larvas de moscas, por otro lado, no afectaron diferencialmente a ningún tipo de pollo. La eclosión asíncrona, por lo tanto, no parece haber surgido como una respuesta evolutiva contundente frente al parasitismo. Otras adaptaciones, como las citadas anteriormente, sí que parecen haber surgido como producto de la coevolución entre aves y parásitos, una carrera armamentística que parece no tener fin.

Jorge Garrido Bautista

Investigador predoctoral en el grupo de investigación Evolutionary Ecology of Mediterranean Fauna de la Universidad de Granada. Creador del proyecto de divulgación científica El Pulgar del Panda. Socio y colaborador en Hablando de Ciencia y Mustela CEM.





Huellas de la evolución en el genoma humano

En comparación con los más de 150.000 años de existencia que tiene la especie humana, el hecho de que tengamos conocimiento sobre la biología molecular y la genética desde hace tan solo cien años y teléfonos móviles y ordenadores desde los últimos quince da bastante vértigo. La humanidad ha vivido ajena al WiFi, las aplicaciones de mensajería instantánea, la mecánica cuántica, la ingeniería genética y los transportes de alta velocidad hasta ahora. Demasiados cambios demasiado rápido como para digerirlos. Quienes ahora nacen y crecen en el mundo, los nativos digitales, no pueden sentir la consternación que da la perspectiva de haber visto con sus propios ojos de que el mundo, tal y como lo conocemos, no ha sido siempre así. Parece que los móviles, que los GPS y que las televisiones de plasma siempre han existido, pero son consecuencia de modelos mucho más rudimentarios, con menos habilidades y comodidades, que se han ido perfeccionando y adaptando a nuestras necesidades. Y es algo bastante análogo a lo que lleva sucediendo en la naturaleza de nuestro planeta desde que la vida apareció en ella: nada de lo que ahora nos rodea ni de lo que somos, ha sido antes,

aunque proceda de otras realidades silvestres que nos precedieron y murieron para darnos paso a nosotros. Y lo más fascinante es que, a día de hoy, los seres humanos hemos encontrado todo tipo de pruebas, de rastros y huellas de esa vida antigua no solo conservada en piedras de ámbar o fosilizada entre las rocas, sino también dentro de nuestras propias células.

Suele pensarse que la idea de que la naturaleza cambia y muta es una revolucionaria sugerencia de unos pocos científicos europeos del siglo XIX, pero lo cierto es que muchas otras culturas lo han venido diciendo muchos cientos de años antes. Podemos leer sobre la selección natural y la lucha por la supervivencia en el *Kitab al-hayawan* ("libro de los animales") del intelectual árabe al-Jahiz, en el siglo IX d.C. Podemos retrotraernos al *panta rei, uden menei* ("todo fluye, nada permanece") atribuido al filósofo presocrático Heráclito o la sugerencia de Empédocles y Anaximandro que todas las especies animales podían proceder de otras. Incluso en la antigua China del siglo IV a.C. encontramos la idea de que la naturaleza es completamente mutable y fluida, como dejó

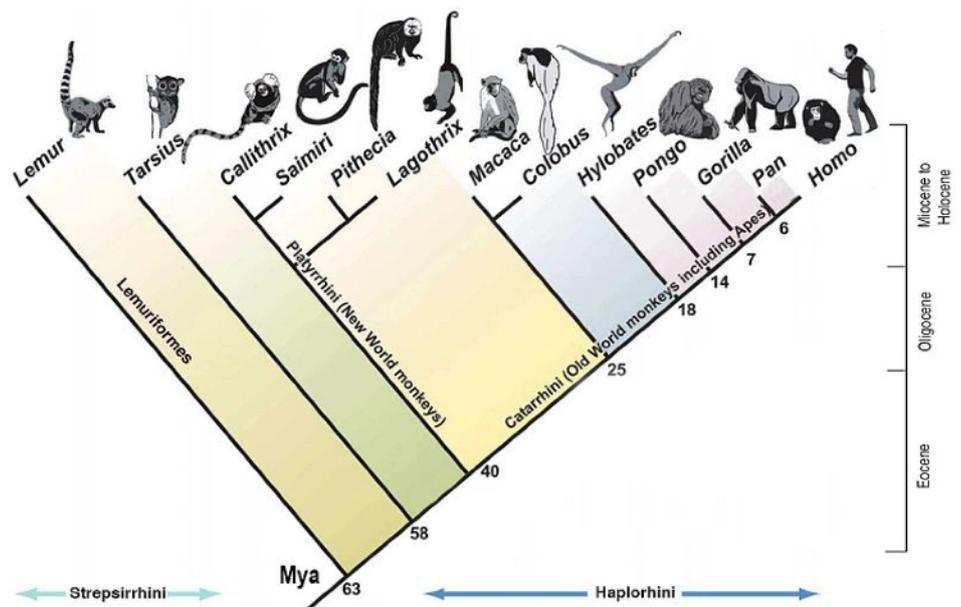
« HUELLAS DE LA EVOLUCIÓN »

escrito el filósofo taoísta Chuang Tse, que afirmaba que los seres vivos tienen un potencial innato para transformarse y adaptarse al medio en el que viven. Y mientras los científicos occidentales del siglo XVIII pensaban que los fósiles marinos en la cima de las montañas eran caprichos de la naturaleza o incluso pruebas del diluvio universal, lo cierto es que la teoría de la evolución no es, en esencia, nada nuevo. Lo interesante y novedoso es que ahora, y desde las expediciones de Darwin y el descubrimiento de la herencia mendeliana y la caracterización del ADN, podemos explicarla físicamente.

Nos ha sido del todo imposible entender cómo funcionan los procesos evolutivos sin antes saber cómo funcionan los genes y las células, y es que al adentrarnos en la estructura de nuestros genomas podemos encontrar cosas realmente raras que, en el fondo, son meras consecuencias de nuestra historia biológica como especie. Si atendemos a la composición del genoma humano, por hablar de algo que nos toca de cerca, veremos que tiene un tamaño aproximado de unos 3,3 millones de pares de bases nitrogenadas (3,3 Gb). En comparación, se parece bastante al tamaño del genoma del ratón (2,7 Gb) y es casi del mismo tamaño que el genoma del macaco (3,3 Gb). Sin embargo, el tamaño del genoma no quiere decir realmente gran cosa, puesto que una simple cebolla tiene un genoma de 18 Gb y las amebas dubias, unicelulares, tienen un genoma de 670 Gb. Sin embargo, un humano es claramente más complejo en todos los aspectos que una ameba o una cebolla. Los mamíferos tenemos genomas relativamente

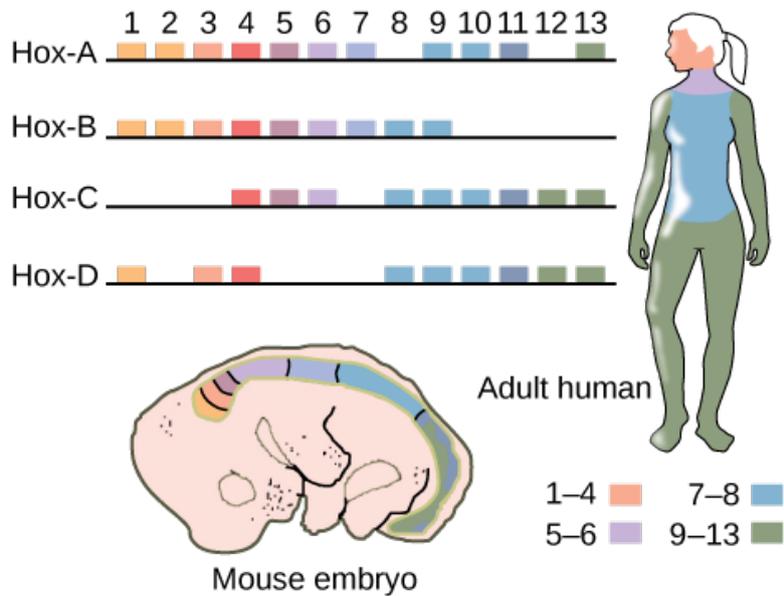
más pequeños en comparación con los de muchos peces y anfibios. Así que el tamaño del genoma no puede estar realmente relacionado con el grado de complejidad. Tampoco el número de genes que hay en un genoma puede ser directamente proporcional a lo grande y complejo que es un organismo, ya que tenemos unos 35.000 genes (aprox.), un número similar a los que tienen los peces globo (dentro de un genoma de 400 Mb) y apenas el doble que los gusanos microscópicos *C. elegans* (que guardan sus 18.424 genes en un genoma de solo 97 Mb, ni siquiera la mitad que el genoma humano). En definitiva: tamaño del genoma y número de secuencias génicas no hace la complejidad de un organismo. ¿Qué lo hace, entonces? ¿Por qué el genoma humano tiene solo el doble de genes que un gusano en un genoma treinta y cuatro veces mayor?

Para responder a la cuestión del tamaño, es importante parar en el detalle de que la mayor parte del ADN que constituye un genoma no tiene, en realidad, ninguna función como gen. Los genes son secuencias de ADN dispersas dentro de las largas moléculas que no



Las especies que constituimos el orden de los primates estamos fuertemente emparentadas entre sí. No se trata de que vengamos del mono, como aforísticamente se ha dicho de forma clásica, sino que tanto monos como humanos tenemos especies ancestrales en común de las que hemos divergido. Analizando nuestros genomas y comparándolos con los del resto de primates y otros animales, podemos llegar a reconstruir las líneas evolutivas del orden.

significan nada y que pueden no contener genes en muchos miles de pares de bases, verdaderos desiertos génicos frente a la idea que se suele tener del ADN como una molécula repleta de valiosa información. Lo cierto es que la mayor parte del genoma no significa nada, solo un ridículo 1,5% del genoma humano son secuencias codificantes. Y quien se ponga a leerlo encontrará miles de secuencias de bases repetidas maníaticamente en tándem sin ningún tipo de razón. También puede encontrarse restos de genes que estuvieron activos en algún momento de la historia de la especie o de nuestros ancestros pero que ahora están tan mutados que permanecen apagados, inutilizados para siempre. Incluso pueden encontrarse muchos virus que se integraron en el genoma hace miles de años pero que quedaron atrapados e inactivados en él para constituir parte de su estructura. Y no es algo raro: todavía muchos virus a día de hoy, como el virus de la varicela, del herpes, del SIDA o la mononucleosis, se quedan dentro del genoma de las células que infectan. Y, así, nos encontramos con que casi un 8% del genoma humano se compone de objetos antiguamente virales, algunos de los cuales nos sirven para rastrear la evolución de los seres humanos, puesto que muchos se integraron "recientemente" en el genoma de nuestra línea evolutiva. Un ejemplo muy sonado son los elementos Alu, que hace 65 millones de años se integraron en el genoma de los primates y, desde entonces, su secuencia ha cambiado bastante poco. Las modificaciones puntuales y permanentes pueden rastrearse en el genoma de las distintas especies de primates (incluidos



Una prueba escondida en el genoma de que todos los animales estamos emparentados son los genes homeóticos, también conocidos como genes Hox. Se trata de los genes que se activan temporal y secuencialmente a lo largo del desarrollo embrionario para marcar las diferentes regiones del cuerpo y hacer que las células diferencien en si pertenecen a la región de la cabeza, del abdomen o el torax o si deben formar una extremidad o no, por ejemplo. Para consternación y asombro de los científicos de finales del siglo XX, no es que estos genes sean parecidos entre una mosca y un ser humano: es que son los mismos. Son tan importantes que a lo largo de la evolución, cualquier mutación en ellos ha supuesto un fracaso absoluto y no ha tenido éxito. De esta manera, a lo largo de los millones de años que ha existido la vida animal en la Tierra, los genes homeóticos se han conservado fuertemente. sin apenas variaciones.

nosotros) y viendo cuáles son podemos reconstruir, para hacernos una idea, los caminos evolutivos que ha tomado cada especie.

Mas no todo el ADN que no codifica para hacer productos génicos es basura. De hecho, aunque en castellano se le conoce precisamente así, "ADN basura", lo cierto es que esto es solo una mala traducción del inglés *junk DNA*. "Junk" significa "trasto", no "basura" (*rubbish*). Se le llama *junk room* al trastero. ¿Y qué es un trastero? Un lugar donde se guardan todos esos cacharros que no tienen una utilidad evidente pero que tampoco son inútiles y merecen guardarse, para cuando hagan falta, por si acaso. Es así que la evolución ha reservado un gran espacio de nuestros genomas para guardar trastos, desde virus que no necesitaba hasta secuencias con funciones muy especiales, como mantener las

« HUELLAS DE LA EVOLUCIÓN »

puntas de los cromosomas cerradas para que no se deshilachen o unir los andamios celulares que dirigen la repartición del material genético durante la división celular. De hecho, es bastante acertado el que la mayor parte de nuestro ADN no sirva para nada, pues sabiendo que es normal que las mutaciones ocurran, es más probable que sucedan en las regiones que no tienen ningún significado a las que sí que lo tienen, porque son muchas más. ¡Y no pasa nada precisamente porque no tienen ningún significado!

Igual que guardamos los apuntes de cuando estudiábamos o los ajueres y visillos de nuestras bisabuelas en cajas que nunca se vuelven a abrir, en los genomas ocurre lo mismo: las células actuales no se pueden deshacer de la morralla que sus predecesoras acumulan; sólo maniobrar con ello al respecto. Y mal que nos pese, es probable que los virus hayan tenido mucho que ver en nuestra propia evolución. Es sabido, de hecho, que el sistema inmunitario que tenemos los seres humanos ha reclutado secuencias de ADN que fueron, en su origen, virus. Los genes para hacer anticuerpos como los que se pretende inducir a la hora de generar inmunidad con las vacunas tienen ese mismo origen. Para generar los miles de millones de anticuerpos que necesitamos para defendernos de los miles de millones de patógenos que existen, no tenemos un arsenal de mil millones de genes. Eso ocuparía un espacio demasiado grande. Lo que tiene nuestro genoma es un pequeño pack de genes con diferentes piezas intercambiables que se cortan y pegan y reensamblan al azar cuando las células productoras de anticuerpos (los linfocitos B) están madurando, de manera que al final tenemos un ejército de linfocitos B, cada uno especializado en producir un anticuerpo diferente. Por esta razón, se tarda un tiempo en desarrollar inmunidad frente a un patógeno y por eso es necesario vacunarse: para que el cuerpo haya tenido tiempo de encontrar el linfocito perfecto, multiplicarlo y obtener una población de células productoras del arma

defensiva antes de que el invasor tome ventaja. Esta capacidad de recombinación masiva fue adquirida debido a la incorporación de virus con capacidad retroviral, como el virus del SIDA, en el genoma de los primeros peces. Estos virus, integrados y mutados dentro del genoma, fueron reclutados posteriormente por la evolución como un mecanismo generador de una ingente pléyade de proteínas defensivas.

Y es que eso nos lleva a por qué los seres humanos somos tan complejos en comparación con una ameba. Porque los genes no son simples unidades de ADN que se traducen en una proteína. Pueden recombinarse, pueden reestructurarse, leerse de diferentes maneras y diferentes sentidos, generar distintos productos con una sola secuencia y estos, a su vez, pueden interactuar sinérgicamente entre ellos para construir proteínas diferentes aun estando compuestas de las mismas piezas modulares. Y la evolución juega a ciegas con todo ese trastero que ha heredado para hacer nuevas combinaciones hasta que consigue una nueva interesante. Sin ningún propósito en específico, sin ninguna dirección. Solamente experimentando con lo que ya había, igual que nosotros no inventamos, de la noche a la mañana, los *smartphones*, sino que para eso primero tuvimos que idear los vasos atados por una cuerda, sin siquiera pensar que algún día cubriríamos el cielo de satélites y podríamos comunicarnos todos con todos, hasta la otra punta del planeta o, incluso, fuera de él. Y podemos sentirnos privilegiados: muchos otros antes se han dado cuenta de nuestra naturaleza cambiante y del parentesco que nos une a todos los seres vivos, pero somos los primeros que han podido empezar a saber cómo funciona. Y lo que nos queda.

Juan Encina

Graduado en Biología por la Universidad de Coruña y Máster en Profesorado de Educación Secundaria por la Universidad Pablo de Olavide. Colabora en proyectos de divulgación científica desde 2013 como redactor, editor, animador de talleres para estudiantes y ponente.





Colabora en próximos números

Si quieres colaborar en la revista, escríbenos un correo a revista@hidden-nature.com y te enviaremos las normas de publicación para que puedas participar en futuras revistas.

Colaboradores

Juan Encina

Graduado en Biología por la Universidad de Coruña y Máster en Profesorado de Educación Secundaria por la Universidad Pablo de Olavide. Colabora en proyectos de divulgación científica desde 2013 como redactor, editor, animador de talleres para estudiantes y ponente.



Francisco Jesús Moreno Racero

Biólogo. Apasionado de la ciencia y la ilustración científica digital. Sin la divulgación, la investigación pierde su significado social.



Miguel A. Rosales Villegas

Doctor en Biología. Investigador en el Instituto de Recursos Naturales y Agrobiología de Sevilla, Consejo Superior de Investigaciones Científicas.



Juan de Dios Franco Navarro

Licenciado en Biología (US), Máster en Genética Molecular y Biotecnología Vegetal (US) y Doctorando en Biología Integrada (IRNAS-CSIC-US).



Francisco Gálvez Prada

Socio fundador del Centro de Investigación y Desarrollo de Recursos Científicos - BioScripts. CEO en IguannaWeb y CTO en Hidden Nature.



Jorge Garrido Bautista

Investigador predoctoral en el grupo de investigación Evolutionary Ecology of Mediterranean Fauna de la Universidad de Granada. Creador del proyecto de divulgación científica El Pulgar del Panda. Socio y colaborador en Hablando de Ciencia y Mustela CEM.



Eduardo Bazo Coronilla

Licenciado en Biología. Fue colaborador del grupo de investigación PLACCA (Plantas Acuáticas, Cambio Climático y Aerobiología) en el Dpto. de Biología Vegetal y Ecología de la Facultad de Farmacia (Sevilla). Micófilo.



Marta Escribano García

Bióloga con nombre de mustélido y apellido de ave paseriforme. Divulgadora Científica. Amante de la naturaleza.



Procopio Peinado Torrubia

Doctorando en Biología. Investigador en el Instituto de Recursos Naturales y Agrobiología de Sevilla. Consejo Superior de Investigaciones Científicas.



Agradecimientos y atribuciones de imágenes

- Especial agradecimiento a Juan Encina y Eduardo Bazo como revisores de este ejemplar.
- Las imágenes que necesiten atribución las tienen indicada en su pie de imagen, cada autor del artículo es responsable del uso de las mismas y de que las atribuciones sean correctas.

Revista Hidden Nature

Editado por Francisco Gálvez Prada en el Centro de Investigación y Desarrollo de Recursos Científicos BioScripts bajo el proyecto Espacio de Divulgación Científica - Hidden Nature en Avda. Reina Mercedes 31 Local Fondo, Sevilla, 41012 (España).

Con el apoyo de



CSIC

CONSEJO SUPERIOR DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS

Número 14· 2T/2021



PVP Recomendado - 1.50€

