

# Hacia una nueva Biología

## Máximo Sandín

Arbor CLXXII, 677 (Mayo), 167-218 pp.

«La victoria del darwinismo ha sido tan completa que es un shock darse cuenta de cuan vacía es realmente la visión darwiniana de la vida». Esta rotunda frase no parece significar solamente la manifestación de una opinión personal. Pertenece a un editorial publicado en Nature y firmado por Henry Gee, uno de sus comentaristas sobre evolución. El motivo de que una revista científica de las más prestigiosas (que se pueden considerar como las mantenedoras de la ortodoxia), haga suyo ese comentario es que las investigaciones más recientes (especialmente en el campo de la embriogénesis) han revelado unos fenómenos que han puesto de manifiesto su absoluta incompatibilidad con la teoría darwinista de la evolución. Las consecuencias de esto son obvias, y las precisa otro editorialista de Nature, Philip Ball, en un comentario sobre la secuenciación del Genoma humano: «Los biólogos van a tener que construir una nueva Biología». Tenemos por delante un duro y largo trabajo científico por realizar, pero también tenemos una tarea previa: depurar la Biología de la, tan arraigada, terminología darwinista, cargada de conceptos y prejuicios deformadores de los fenómenos biológicos.

#### Introducción

- El término «Teoría» se define en los diccionarios con dos acepciones:
- a) «Conjunto de leyes y reglas sistemáticamente organizadas, que son la base de una ciencia y sirven para relacionar y explicar un determinado orden de fenómenos».
- b) «Conocimiento especulativo considerado con independencia de toda aplicación».

Si tenemos en cuenta que estamos comenzando lo que se ha dado en llamar «El siglo de la Biología», durante el cual las aplicaciones de los nuevos descubrimientos van a ser crecientes, cabe preguntarse a qué categoría pertenece la teoría que constituye la base de la Biología: «La teoría de la evolución». Un problema difícil porque, cada vez más, parece significar distintas cosas para distintas disciplinas biológicas.

Se puede asumir, no obstante, que es el neodarwinismo, surgido de la «Teoría Sintética Moderna», la base científica aceptada por la inmensa mayoría de la comunidad científica, pero también difícil de concretar, porque ésta nunca estuvo claramente formulada. Por tanto, para precisar cuales son sus bases teóricas actuales habremos de recurrir a dos textos científicos recientes. El primero, «Cómo evolucionaron los humanos» (Boyd y Silk, 01), nos explica la evolución en éstos términos: (Pág. 75) «Cuando se combinaron las teorías de Wright, Fisher y Haldane con la teoría de Darwin sobre la selección natural, y con estudios modernos de campo de biólogos como Theodosius Dobzhansky, Ernst Mayr y George Gaylord Simpson, surgió una explicación muy poderosa sobre la evolución orgánica. El grueso de esa teoría y la evidencia empírica que la soporta se llama actualmente la **Síntesis moderna**.

Continuamente los caracteres que varían están afectados por genes de muchos loci, teniendo cada locus sólo un efecto muy pequeño en el fenotipo.

Para ver cómo funciona la teoría de Wrigth Fisher y Haldane empecemos por un caso irreal pero instructivo. Supongamos un carácter medible, que varía de forma continua, tal como la altura del pico, y supongamos dos alelos + y -, que operan en un único locus genético para el control del carácter. Asumiremos que el gen de este locus influencia la producción de una hormona que estimula el crecimiento del pico, y que cada alelo conduce a la producción de una cantidad diferente de la hormona del crecimiento. **Digamos** que cada «dosis» del alelo + incrementa el crecimiento del pico, mientras que cada dosis de – lo reduce. De esta forma los individuos ++ tienen los picos más altos, los individuos - - tienen los mas planos, y los + - tienen picos intermedios. Además, supongamos (los resaltados son míos) que la frecuencia del alelo + en la población es 0,5. Ahora usemos la regla de Hardy-Weimberg (ecuación 3) para calcular las frecuencias de diferentes alturas de picos en la población. Un cuarto de la población tendrá picos altos (++) la mitad tendrá picos intermedios (+ -), y el cuarto restante tendrá picos bajos (- -)». Mas adelante, complican el modelo con la intervención de mas loci y con una abundante exposición de gráficos con distintas distribuciones de grosores de picos, lo que hace suponer que los autores están convencidos de que las diferencias de grosor en los picos de los pinzones son un ejemplo de la evolución de los organismos, para finalizar sorprendiéndonos con el siguiente texto: «La variación ambiental influye en la distribución de alturas de pico. De nuevo hay tres loci afectando a la altura de los picos, como se muestra en la figura 3.6. Sin embargo, ahora asumimos que las condiciones ambientales hace (sic) que individuos con el mismo genotipo desarrollen picos de diferentes alturas».

Sorprendentemente, el epígrafe bajo el que se sitúa este texto afirma: «La visión de Darwin sobre la selección natural se puede incorporar fácilmente a la visión genética de que la evolución se produce típicamente a partir de cambios en las frecuencias génicas».

Pero, para que existan estas diferencias en las frecuencias génicas es necesaria una fuente de variación, que F.J. Ayala en su libro «La teoría de la evolución» (99), explica así (Pág. 69): «¿Qué procesos pueden explicar la impresionante variación genética que existe en cada especie y la enorme diversidad de especies?. Entre tales procesos ha de haber alguno por medio del cual la composición del ADN de un organismo cambie; es decir, un proceso que produzca nuevos alelos, o variantes genéticas, que puedan entonces incorporarse al acervo genético de la especie. El proceso por el que se originan nuevas variantes hereditarias se conoce con el nombre genético de mutación».

Estas mutaciones, son definidas por el autor como «errores ocasiona-les» en la replicación del ADN, y «pueden tener un rango de consecuencias desde inapreciable a letal. Sin embargo, en ocasiones una nueva mutación puede incrementar la adaptación del organismo». Y, a continuación, expone en un cuadro (Pág. 76) una serie de mutaciones conocidas y el «carácter» que producen, a saber: en el hombre, Corea de Huntington, ausencia de iris, tumor en la retina, Hemofilia A, acodroplasia y tumor de tejido nervioso. En Drosophila, ojos blancos, cuerpo amarillo y variantes electroforéticas. En maíz, semillas purpúreas o arrugadas...

Estas «fuentes de variación», naturalmente individuales y al azar se complementan mas adelante con ocasionales «mutaciones cromosómicas» como delecciones, inversiones, duplicaciones y translocaciones que, simplemente, «ocurren» en el ADN, y que también son frecuentemente letales.

Sin embargo, en el caso de que una de estas desorganizaciones «incremente la adaptación del organismo», intenvendría la selección natural para hacerla mayoritaria en la población. En concreto, la selección que es el motor de los cambios evolutivos, la «Selección direccional»: «La distribución de fenotipos en una población cambia a veces de forma sistemática en una dirección particular. Los componentes físicos y biológicos del ambiente están cambiando contínuamente, y los cambios pueden ser im-

portantes cuando persisten durante largos períodos de tiempo». Seguidamente, expone dos ejemplos, que ya son verdaderos «clásicos» en los libros de texto, sobre la «evolución» por selección direccional, como la resistencia de los insectos a los pesticidas, que explica textualmente así: «Esto ocurre porque los organismos evolucionan haciéndose resistentes a los pesticidas gracias a la selección direccional» (Pág. 120), y el «melanismo industrial» en la famosa Biston betularia, cuya frecuencia de alas de color oscuro aumentó con el ennegrecimiento de las fachadas y los árboles consecuencia de la contaminación ambiental durante el siglo XIX. al ser menos visibles por los pájaros depredadores. «No obstante a partir de 1960 las leyes inglesas redujeron bastante el uso del carbón en ciertas industrias con el propósito de reducir o eliminar por completo el hollín producido. Como consecuencia se redujo el ennegrecimiento de la vegetación circundante y las polillas moteadas empezaron a aumentar en frecuencia de forma gradual, de manera que en la actualidad han reemplazado de nuevo a las negras en muchas regiones.» Es decir, la «evolución» por selección direccional puede ser reversible. De todos modos existe otro tipo de selección que lo que elimina son los fenotipos «extremos»: «La selección estabilizadora es muy común. Con frecuencia, los individuos que sobreviven y se reproducen con más éxito son los que presentan los valores fenotípicos intermedios» (es decir, los individuos normales). «Los efectos de la selección estabilizadora interfieren a veces con los de la artificial». Los ejemplos son la selección de gallinas que pongan los huevos más gordos, o las vacas que den más leche, gracias a la selección dirigida por el ganadero: «si ésta se suspende la selección natural toma su curso y provoca el retorno gradual de los caracteres a los valores intermedios originales» (porque eso es lo que «hace» la Naturaleza, exactamente lo contrario de lo que hacen los ganaderos en los que se basó Darwin: poner las cosas en su sitio).

Este tipo de argumentos son los que conforman la base de la teoría que pretende explicar los grandes cambios de organización biológica que se han producido a lo largo de la evolución: las «asunciones» y «suposiciones» sobre la variación de las frecuencias de unos, también supuestos, alelos responsables directos de la variedad fenotípica dentro de una población, los errores de duplicación del ADN como creadores de caracteres «beneficiosos», y la eliminación de las variaciones no adecuadas por la selección natural que, «en muchas ocasiones» favorece a los individuos normales. El hecho de que los insectos resistentes a los pesticidas, los picos más o menos gruesos de los pinzones, o las mariposas que sobreviven a los depredadores ya existían antes de la supuesta actuación de la selección natural, y que sigan siendo los mismos insectos, los mismos pinzo-

nes y las mismas mariposas, no parece ser óbice para afirmar que «han evolucionado». Y así, a pesar de la evidente falta de coherencia lógica entre el proceso y el resultado, la fé en la capacidad creadora de la selección natural permite afirmar que: «la selección natural explica por qué los pájaros tienen alas y los peces agallas, y por qué el ojo está específicamente diseñado para ver y la mano para coger», (Ayala, 99), lo que equivale a afirmar que el verdadero responsable de las diferentes características y propiedades de un avión o un automóvil es el señor que elimina los que han salido defectuosos de fábrica. En definitiva, el estado actual de la Teoría de la evolución, la situaría en la segunda acepción del diccionario, es decir, no susceptible de aplicación.

No obstante, a pesar de que la «extremadamente simple, al tiempo que poderosa» (Ayala, 99) explicación de la selección natural continúa figurando en los libros de texto y la mayoría de las publicaciones científicas como reponsable último capaz de crear desde los organismos voladores hasta los ecosistemas, desde las «primeras moléculas autorreplicantes» hasta los sistemas bioquímicos, la (efectivamente) simpleza de esta supuesta explicación está llevando a un número creciente de científicos muy cualificados de distintos campos a plantear la necesidad de elaborar una nueva teoría, verdaderamente científica «capaz de relacionar y explicar» los fenómenos biológicos.

El paleontólogo Niles Eldredge, en su libro «Síntesis inacabada» (97) concluye: «... la evolución es probablemente un asunto mas complejo de lo que la teoría sintética nos ha hecho creer». Una complejidad que según Michael J. Behe (99), en su libro «La caja negra de Darwin: El reto de la bioquímica al darwinismo» es incompatible con los «mecanismos» darwinistas de evolución: «¿Qué tipo de sistema biológico no pudo formarse mediante numerosas y leves modificaciones sucesivas? Ante todo, un sistema que es irreductiblemente complejo. Con esta expresión me refiero a un solo sistema compuesto por varias piezas armónicas e interactuantes que contribuyen a la función básica, en el cual la eliminación de cualquiera de estas piezas impide al sistema funcionar». Pero problemas como este no entran en los cálculos de la genética de poblaciones: «La cuestión de las verdaderas causas de la morfogénesis y la evolución nunca ha sido resuelta por la teoría evolutiva predominante con su énfasis puesto exclusivamente en los genes» (Wan Ho, 01). Y sin embargo: «Los genes que son obviamente variables dentro de las poblaciones naturales no parecen estar en la base de muchos cambios adaptativos importantes, mientras que los que, aparentemente, constituyen el fundamento de muchos o la mayoría de los cambios adaptativos, aparentemente no son variables dentro de las poblaciones naturales» (McDonald, 83). Para resumir estos cuestionamientos recurriremos al genetista evolutivo George Miklos (93):¿Qué predice, pues, esta teoría abarcadora de la evolución?. Dado un puñado de postulados, tales como las mutaciones aleatorias y los coeficientes de selección, predice cambios en frecuencias génicas a través del tiempo. ¿Es esto lo que debe ser una gran teoría de la evolución?

Incluso las matemáticas, base de la «evolución» por cambios de frecuencias génicas dentro de una población, se resisten a darle la razón a la teoría sintética. Hace tiempo (Schutremberger, 67), que los matemáticos han manifestado que no ha habido tiempo suficiente en la historia de la Tierra para que «un ojo» se formara mediante mutaciones individuales y al azar. Si extendemos los cálculos al resto de los sistemas biológicos, la conclusión es obvia.

Ante estos argumentos científicos, resulta sorprendente el mantenimiento, incluso el auge, de la concepción darwiniana de la Naturaleza, y especialmente la consideración de la selección natural como una especie de «Deus ex machina» capaz de generar la enorme complejidad de los fenómenos biológicos, cuando los argumentos y los cálculos para explicarla, incluso basados en unas asunciones y suposiciones sobre una base mendeliana apoyada en caracteres superficiales, ya ampliamente superadas por los datos reales, todo lo que pueden explicar es que unos individuos ya existentes sobrevivan mejor o peor en un ambiente concreto.

Pero esta contradicción entre unos datos del Siglo XXI y una base teórica del Siglo XIX parece haber tocado fondo. A raíz de la publicación del informe sobre la secuenciación (parcial) del Genoma humano, P. Ball (01), editorialista de Nature, considerada una de las revistas científicas mas prestigiosas y, de algún modo «guardianes de la ortodoxia», escribió: «La Biología carece de un marco teórico para describir este tipo de situación.../...los biólogos van a tener que construir una nueva biología. Desde que en los años sesenta se descifró el código genético, la biología molecular ha sido una ciencia cualitativa, dedicada a investigar y clasificar las moléculas de la célula como los zoólogos victorianos catalogaban las especies. El genoma humano marca la culminación de ese esfuerzo. Ahora se necesitan modelos y teorías que ayuden a lograr que la inmensa fortuna de datos que se han amasado cobre sentido» (El subrrayado es mío).

La afirmación de que la Biología «carece de marco teórico» puede ser considerada una apreciación personal, si bien sorprendente en un editorial de tan influyente y ortodoxa revista, pero parece que algo está cambiando, porque no es un fenómeno ocasional. Otro prestigioso editorialista de la misma revista, Henry Gee (00), ya había planteado mas explícitamente aún la situación: «La cuestión del origen de las especies

debe tener que ver, fundamentalmente, con la evolución de programas embrionarios.../ ...Usted puede buscar a Darwin para una respuesta pero buscará en vano. Darwin estudió leves variaciones en características externas, sugiriendo cómo esas variaciones pueden ser favorecidas por circunstancias externas, y extrapoló el proceso al árbol completo de la vida. Pero, seguramente, hay cuestiones mas profundas para preguntarse que por qué las polillas tienen alas mas negras o mas blancas, o por qué las orquídeas tienen pétalos de esta u otra forma. ¿Por qué las polillas tienen alas y por qué las orquídeas tienen pétalos?.¿Qué creó esas estructuras por primera vez?

La victoria del Darwinismo ha sido tan completa que es un shock darse cuenta de cuan vacía es realmente la visión Darwiniana de la vida» (El subrrayado es mío).

Aunque quizás ésta se pueda considerar una interpretación discutible, parece que se ha dado «oficialmente» el pistoletazo de salida. Una especie de permiso para plantear alternativas. Y de hecho, la reacción no se ha hecho esperar con afirmaciones del tipo «Era evidente que la teoría darwinista era insuficiente» pero que en el fondo parecen apuntar, no a un verdadero cambio de perspectiva, sino a un mantenimiento del darwinismo por la vía de la «ampliación» (Adami et al., 00) porque dado su carácter de narración de sucesos aleatorios es capaz de asimilar cualquier tipo de fenómeno por contradictorio que sea con la visión tradicional porque, en última instancia, si un indivíduo sobrevive es porque «ha actuado» la selección natural.

Un problema típico de los «conversos» es que creen estar practicando el nuevo credo, pero, en realidad, no pueden desprenderse de los dogmas, tan asumidos, del anterior. El resultado puede ser una especie de «sincretismo» que, si bien es muy enriquecedor en su aspecto cultural, sería muy negativo en el aspecto científico porque puede contribuír al aumento de la confusión. Porque la actitud, aparentemente ecuánime y razonable de «conciliar posturas» es justamente la antítesis de la práctica científica que es, por definición, radical en el sentido de ir a las raíces de los fenómenos estudiados. Por eso, tal vez sea conveniente poner en limpio los datos, depurar lo que son hechos de las interpretaciones y, entre éstas, muy especialmente el vocabulario de la Biología actual que, bajo la consideración de terminología científica, lo que en realidad oculta es un contenido y un significado cargado de prejuicios deformadores de los fenómenos naturales. Porque el problema real no es que el darwinismo sea «una visión vacía de la vida», sino una visión deformada que convierte hechos ocasionales, incluso intrascendentes en fundamentales.

### Las metáforas como explicación científica

El darwinismo surgió como una metáfora de la visión victoriana del mundo en un período de grandes desigualdades sociales y mundiales consecuencia de la revolución industrial y la expansión colonial británica (Sandín, 00). La provección sobre la Naturaleza de las doctrinas económicas y sociales de Malthus y su «lucha por la vida» y Spencer con «la supervivencia del mas apto», que Darwin reconoce como base de su teoría, es difícilmente cuestionable. Es, en palabras de Bertrand Rusell (35): «Una extensión al mundo animal y vegetal de la economía del laissez faire». En cuanto al carácter científico de la, aparentemente inamovible selección natural, también hace tiempo que se le ha situado en sus justos términos: G. Bernard Shaw, en su magnífico prólogo de «Vuelta a Matusalén» (58), una acerva crítica al darwinismo cargada de sensibilidad v lucidez, escribe sobre el éxito popular de este concepto: «La razón fue, creo vo, que la Selección Circunstancial (como él la denominó) es mas fácil de entender, mas visible y concreta que la evolución lamarckiana.../...Apenas hay en ninguna casa de campo inglesa un peón que no haya llevado una lechigada de gatitos o perritos al balde para ahogarlos a todos menos al que le parece el mas prometedor.../... Ese fue el secreto de la popularidad de Darwin. Nunca dejó perplejo a nadie.../...Pero nunca penetró debajo de los hechos ni se elevó por encima de ellos más de lo que lo pudiera seguir un hombre corriente».

Sin embargo, y tal vez por esa «sencillez» de visualización, la selección natural ha llegado a convertirse en una cuestión de fé, acompañada de conceptos igualmente «evidentes» aunque tampoco tengan nada que ver con la evolución, pero también cargados de significados y valores culturales, pero más concretamente de un determinado sector social, porque, como hemos comprobado, no son compartidos por todos los miembros de la misma cultura. Y este fenómeno es detectable en muchos de los conceptos centrales del darwinismo. Los términos the fittest o selfish, por ejemplo, tienen en la cultura anglosajona un significado y unas connotaciones bastante diferentes de las que tienen en castellano sus inexactas traduciones más apto y egoísta, que son usadas como conceptos científicos. Pero va a resultar difícil desterrar estos términos del vocabulario biológico, ya que no sólo son parte constituyente del entramado conceptual de la «Biología moderna» sino que son permanentemente, incluso crecientemente reforzados por el modelo económico y social del que esta base conceptual nació. Nadie puede negar que en la Naturaleza existe la competencia, y aunque el hipotético «vencedor» en un ritual de apareamiento, o el supuesto «mejor cazador» siga siendo el mismo ciervo o la misma águila, con los mismos genes que determinan el desarrollo embrionario que hace posible su condición de ciervo o águila, es indiscutible que esa condición se adquirió «por competición».

Y por si nuestro entorno laboral o social no fuera suficiente para convencernos de que el progreso (o la simple supervivencia) se consigue por competición, los más pestigiosos científicos darwinistas se encargan de explicar al público las parábolas del libre mercado y la libre competencia en términos biológicos: «En realidad, sólo existe una entidad cuya perspectiva importa en la evolución. En los cuerpos juveniles los genes serán seleccionados por su habilidad en ser más astutos que los cuerpos de sus padres; en los cuerpos de los padres los genes serán seleccionados por su habilidad en superar en astucia a los jóvenes.... los genes son seleccionados por su habilidad en sacar el mejor provecho posible de las palancas de poder que se encuentran a su disposición: deberán explotar sus oportunidades prácticas» (R. Dawwkins, El gen egoísta 1993). Más concretamente: «Por decirlo en pocas palabras, se compite todo el tiempo y con todo el mundo, incluso con los miembros de la misma especie, del mismo sexo y hasta de la misma camada.» (J.L. Arsuaga, Olimpiadas diarias de los animales, en el diario El País, 1999)

Desde luego, no puede decirse que esta concepción de la vida resulte escandalizante en la actualidad para el ciudadano occidental. Es más, se la puede considerar la argumentación básica del llamado «pensamiento único». Sin embargo, en otras culturas, en otras épocas o para otras sensibilidades puede resultar una visión patológica de la realidad: «Los maestros calumnian a la Naturaleza: La injusticia, dicen, es Ley Natural.... Por Ley Natural, comprueban Richard Herrnstein y Charles Murray, los negros están en los más bajos peldaños de la escala social. Para explicar el éxito de sus negocios, John D. Rockefeller solía decir que la Naturaleza recompensa a los más aptos y castiga a los inútiles; y más de un siglo después, muchos dueños del Mundo siguen creyendo que Charles Darwin escribió sus obras para anunciarles la gloria.» (Eduardo Galeano, «Escuela del Mundo al revés» 1998).

Pero la sublimación de la competencia en los argumentos darwinistas ha llegado a ser tal, que se llega a olvidar la evolución: «Según la hipótesis de la Reina Roja de Van Valen, el ambiente cambia constantemente aunque no se modifique el medio físico, porque la competición entre especies hace que todas tengan que «correr todo lo que puedan para estar en el mismo sitio». Ello se debe a que la suma de las eficacias darwinianas de las especies que interaccionan en una misma biota en un momento dado es una cantidad constante; en consecuencia, si la aptitud biológica (la «fitness») de una especie aumenta, todas las demás experimentarán

una cierta reducción en su aptitud y tendrán que evolucionar para recuperar su aptitud perdida y no extinguirse. Se pueden encontrar muchos ejemplos en los diferentes órdenes de mamíferos para ilustrar la hipótesis de la Reina Roja. Si una especie de ungulado se hace mas rápida todas las demás recibirán mayor presión por parte de los depredadores. Y si un depredador se hace mas rápido todos los demás corren el peligro de quedarse sin presas. De esta manera la evolución no se detiene jamás, aunque el medio físico permanezca estable (clima, relieve, etc.).» (Arsuaga, 2001). De lo que cabe deducir que evolucionar es correr mas rápido, aunque en palabras de B. Shaw: «... ninguna pulga será tan necia como para predicar que el Hombre, al matar pulgas, aplica un método de Selección Natural que acabará por producir una pulga tan veloz que no habrá hombre capaz de atraparla».

Pero «así es la Naturaleza»: «La hipótesis de la Reina Roja de Van Valen traslada al campo de la Biología, como dice Agustí, la maldición de Sartre de que «el infierno son los otros»; sólo que en este caso el infierno serían, más concretamente, los hermanos, es decir, las especies emparentadas que interaccionan en la misma zona ecológica». (Arsuaga, 01)

En este «infierno», cualquier acto de cooperación y solidaridad sólo puede estar guiado por el propio interés. En el caso de ayudar a los individuos emparentedos, el motivo neodarwinista está claro: es la «selección familiar», es decir, «ayudas a mantener tus propios genes», pero entre los individuos no consanguíneos, cuando un individuo arriesga su vida con una llamada de alarma para que otros escapen, o avisa de la existencia de alimento, o escenifica un combate «ritualizado» para evitar daños «el problema es mucho más complejo y plantea un verdadero reto al neodarwinismo, porque la selección familiar no se puede aplicar cuando los contendientes no están muy relacionados genéticamente... Pero John Maynard Smith ha ofrecido una explicación que se basa en la teoría matemática de juegos, desarrollada por Jonh von Neumann y Oskar Morgenstern en los años cuarenta, y que saca al neodarwinismo del aprieto. Un conocido ejemplo es el llamado «dilema del prisionero», creado por el matemático Albert W. Tucker: Dos acusados de haber cometido un robo juntos, son aislados en celdas separadas y obligados a confesar sin que uno sepa lo que hace el otro...» Tras una descripción sobre las penas correspondientes según confiese uno solo o los dos, la conclusión es: «Paradógicamente, si cooperan los dos ladrones (y ninguno confiesa) les va mejor que si los dos confiesan (y no cooperan entre sí)». Posteriormente la metáfora se refuerza con el ejemplo de cómo las compañías petrolíferas subieron los precios, un poco, independientemente (?) y «el beneficio es menor a corto plazo, pero más estable a la larga», (pag. 225) para finalizar con la siguiente conclusión: «La cooperación puede, como se ha visto, resultar rentable aunque los individuos no sean por naturaleza altruístas» (Arsuaga, 2001). Sería demasiado extenso el relato de las alegorías que surgen contínuamente para tapar las grietas de «la» teoría de la evolución: fusiones bancarias, bacterias esclavas, la barba verde, el borracho y el muro... Pero ésta es la lógica «evolución» del darwinismo: comenzó como una parábola y acabará como una recopilación de cuentos populares.

Aunque para personas relacionadas con otras disciplinas puede resultar extraño, estos son argumentos científicos que se pueden encontrar en textos y prestigiosas revistas como fundamento teórico de la biología actual, pero son imprescindibles para mantener, contra las evidencias, el darwinismo como explicación de la Naturaleza y son consideradas explicaciones «científicas». A este respecto, M. Behe (99) ha escrito: « Si se realizara una encuesta entre los científicos del mundo, la gran mayoría respondería que cree en la verdad del darwinismo. Pero los científicos, como todos los demás, basan la mayoría de sus opiniones en lo que dicen otras personas. Entre la gran mayoría de los que aceptan el darwinismo, muchos, (aunque no todos) lo hacen basados en el argumento de autoridad. Y, lamentablemente, la comunidad científica ha desdeñado muchas críticas por miedo a nutrir el arsenal de los creacionistas. Es irónico que se hayan desechado perspicaces críticas científicas de la selección natural en nombre de la protección de la ciencia». Y esta protección de «la ciencia» desde la confortable sensación que seguramente debe producir el sentirse apoyado por la doctrina dominante, permite una descalificación, con todos los tintes de un anatema, de las opiniones no sometidas a los criterios oficiales. Así, el prestigioso filósofo e historiador de «la» biología evolutiva (del darwinismo, para ser exactos) Michael Ruse, en su libro «El misterio de los misterios: ¿Es la evolución una construcción social?» (2001), nos informa de que el libro «Superstición superior, la izquierda académica y sus disputas con la ciencia», escrito por Dane R. Gross y Norman Lewitt, «ofrece una explicación tan simple como categórica. La década de los sesenta fue la época de los hijos de las flores: sexo, drogas, misticismo oriental y, por encima de todo, un profundo aborrecimiento de la ciencia, considerada el motor esencial del complejo militar-industrial.... Los tiempos han cambiado, pero no el pensamiento de aquellos niños, que con el tiempo se han convertido en catedráticos y rectores de las facultades de humanidades y ciencias sociales. Ahora ellos y sus discípulos pueden dar rienda suelta a su oposición a la ciencia, una oposición basada en el prejuicio, el miedo y, sobre todo, en una absoluta ignorancia».

Pero no sólo se desautorizan las críticas en base a la «ignorancia» científica. Las opiniones discrepantes, que en ciencia son la fuente del en-

riquecedor debate intelectual, les resultan tan inconcebibles que provocan una «puritana» reacción de escándalo aunque provengan de científicos tan cualificados como Pierre Grassé, uno de los más grandes zoólogos europeos: «El citado Pierre Grassé se manifestaba (jen 1973!) en abierto desacuerdo con los principios seleccionistas y utilitaristas del darwinismo. Grassé afirmaba que las mutaciones al azar por errores de copia del ADN no explicaban la evolución, ya que sólo producían alelos nuevos, y no genes nuevos; además se proclamaba abiertamente lamarckista y afirmaba que la evolución es un fenómeno orientado» (Arsuaga, 01).

La palabra lamarckista no necesita más descalificación (ya saben, el cuello de la jirafa), pero éste es el resultado de un fenómeno insólito e inimaginable para cualquier otra disciplina: el enorme vacío sobre el que los biólogos cimentamos nuestra formación. La ausencia de información (cuando no deformación) sobre las ideas y aportaciones de los precursores de nuestra disciplina, no sólo de Lamarck, sino de la escuela evolucionista francesa (véase el artículo de A. Galera en este monográfico), muchas de cuyas hipótesis, realmente científicas, están siendo reivindicadas por los descubrimientos más recientes. Una ocultación que debe de tener algún motivo, porque no puede ser sólo fruto de la ignorancia . Pero, desde luego, no es por descuido: En 1966, Simpson escribía en Sience: «Deseo insistir ahora en que todos los intentos efectuados para responder a este interrogante antes de 1859 carecen de valor, y en que asumiremos una posición más correcta si ignoramos dichas respuestas por completo».

Y los darwinistas han cumplido perfectamente la orden. Así es como nos cuentan «la Buena Nueva»: « Los organismos vivientes han existido sobre la Tierra, sin nunca saber por qué, durante más de tres mil millones de años, antes de que la verdad, al fin, fuese comprendida por uno de ellos. Por un hombre llamado Charles Darwin.»(Richard Dawkins: «El gen egoísta» 1993).

Si la Nueva Biología quiere recuperar su base científica, tendrá que liberarse de la «visión vacía de la realidad» que ha deformado las interpretaciones de los descubrimientos producidos en los últimos 150 años. Para ello, tal vez sea un buen punto de partida volver a 1871 con la crítica científica al darwinismo expuesta por el que los historiadores darwinistas denominan (seguramente sin ninguna intención oculta), «el zoólogo católico (Strathern, 99) St. George Mivart»: «Lo que se puede alegar, se puede sintetizar de ésta manera: que la «selección natural» es incapaz de explicar las etapas incipientes de las estructuras útiles; que no armoniza con la coexistencia de estructuras muy similares de diverso origen; que hay fundamentos para pensar que las diferencias específicas se pueden desarrollar súbita y no gradualmente; que la opinión de que las especies

tienen límites definidos, aunque muy diferentes para su variabilidad todavía es sostenible; que ciertas formas fósiles de transición todavía están ausentes, cuando cabría esperar que estuviesen presentes/.../que hay muchos fenómenos notables de las formas orgánicas sobre los cuales la «selección natural» no arroja la menor luz». (Mivart, 1871).

## Nuevos datos: Viejas interpretaciones

## 1. Sobre el origen gradual y al azar de la vida

Casi resulta una obviedad afirmar que el suceso crucial de la evolución de la vida es, precisamente, la aparición de la vida sobre la Tierra. Sin embargo este problema está muy lejos de ser resuelto desde la perspectiva «ortodoxa». El intento de explicar la aparición de lo que entendemos por vida en unas condiciones de altísimas temperaturas en medio de una atmósfera altamente tóxica mediante la aparición gradual e independiente de las especialísimas, numerosas e interdependientes moléculas que conforman el más mínimo fenómeno de la vida, constituye un auténtico quebradero de cabeza, al menos, para los que intentan una explicación racional y basada en datos reales (es decir, existentes).

Pero, quizás sea conveniente comenzar por definir lo que científicamente se considera «vida». Para ello, habremos de referirnos a la visión predominante en la actualidad, a la de los expertos de programas de investigación que mueven ingentes sumas de dinero para la búsqueda de vida en el Universo: el programa SETI: «La mayoría de las definiciones propuestas han enfrentado serias objeciones. No obstante, una definición de trabajo se ha convertido en influyente en la comunidad de los orígenes de la vida: vida es un sistema químico autosostenible capaz de estar sometido a evolución Darwiniana» (Chyba y Phillips, 01). (El subrayado es mío).

Veamos, pues, cómo tuvo que producirse este «sistema químico».

La aparición gradual (y al azar) de la vida como producto de reacciones químicas espontáneas, implica la aparición de «una» primera molécula. Este honor y esta dura responsabilidad han recaído sobre el ácido ribonucléico que, al parecer, tuvo que llegar a constituir todo un «Mundo ARN» (Gesteland y Atkins, 93). Pero, «...el RNA es una molécula muy compleja, que jamás ha sido sintetizada en el laboratorio sin enzimas». Solución: «Dejemos, pues, a otros dilucidar el origen del RNA e interesémonos por el mundo RNA y su evolución.» (Forterre, 01). Éstos pasos son: La «aparición» de las proteínas (pero no unas cualesquiera). La «evolu-

ción» (al azar) del ARN y proteínas para formar un ribosoma (¿) y, finalmente, la entrada en escena del ADN que, dada la dificultad de que el ácido ribonucléico se transforme espontáneamente en desoxirribonucléico porque «es una reacción química muy difícil de realizar. En todos los organismos vivos actuales, esta reacción es catalizada por proteínas-enzimas muy perfeccionadas llamadas ribonucleótidos-reductasas», tuvo que ser aportado por un virus, (Forterre, 01) cuya oportuna presencia contradice la versión oficial, según la cual los virus son ADN o ARN celulares que han «adquirido» de la célula el gen que codifica la cápsida.

Lo cierto es que, como los mismos partidarios de su aparición gradual y al azar reconocen, la vida necesita de la interacción simultánea de moléculas muy complejas con características muy especiales, que no se explican sólo como resultado de reacciones químicas. Pero que, además, sólo se pueden producir en estado de aislamiento del medio, y la «aparición» de la membrana, incluso si estuviese constituida solamente de fosfolípidos (que no es así), también resulta de muy difícil explicación. Estas moléculas están constituidas por tres partes de orígenes diferentes, para las cuales no se conoce ninguna reacción no enzimática que permita su síntesis. El resultado de la multiplicación de las probabilidades de que todas estas moléculas aparezcan e interactúen al azar sería de unas dimensiones de difícil calificación. Porque el menor sistema realmente vivo (autosostenible) que podamos imaginar es un sistema «irreductiblemente complejo», es decir, «compuesto por varias piezas armónicas e interactuantes que contribuyen a la función básica, en el cual la eliminación de cualquiera de estas piezas impide al sistema funcionar» (Behe, 99).

Estas características las reúnen los primeros organismos vivos de los que tenemos constancia real: las bacterias. (Aquí sería conveniente un inciso para hacer notar que las bacterias no pueden ser consideradas seres vivos según la definición «oficial» de la vida, ya que su supuesta «evolución» no se ajustaría al modelo neodarwinista (sólo tienen un cromosoma)). Lo cierto es que las bacterias aparecieron en la Tierra muy pronto, cuando todavía estaba en formación, y en unas condiciones en que la vida, tal como la conocemos, era imposible. En una atmósfera tóxica, sin oxígeno libre (y, por tanto, sin capa de ozono protectora de las dañinas radiaciones ultravioleta) y sometida a una radiactividad que se ha estimado en cincuenta veces mayor que la actual. Y esa asombrosa capacidad de supervivencia se mantiene en la actualidad: pueden vivir en las profundidades de la corteza terrestre, en depósitos de petróleo a casi dos kilómetros de profundidad, en fuentes geotermales a 112° C y soportando enormes presiones hidrostáticas. Incluso, pueden vivir en el interior de

reactores nucleares soportando radiaciones miles de veces mayores de las que han existido nunca en la Tierra.

Pero, además, los materiales que metabolizan (que utilizan para vivir, y no para «sobrevivir») son de lo más llamativo: desde sulfúrico a hierro, desde sales saturadas hasta titanio (lo que, teniendo en cuenta su escasez en la tierra es una «adaptación» muy voluntariosa). Si a todas estas cualidades o características incompatibles con lo que para nosotros son los procesos vitales, les añadimos el hecho constatado de que la mayor parte de la atmósfera apta para la vida fue una creación («un producto derivado de la actividad») de las bacterias, podemos llegar a tener la impresión de que tal vez las bacterias no sean el primer estado de vida surgido gradualmente y al azar como resultado de la actuación de la selección natural. De que no han dispuesto de suficiente tiempo para «adquirir» por azar esas capacidades, sino de que **tienen** esas capacidades, impensables para cualquier otro organismo vivo. De que, tal vez, sean «otra cosa».

Desde luego, las condiciones en que aparecieron las bacterias en la Tierra no constituyen un escenario razonable para una supuesta formación por partes. Y este argumento está dejando de ser, oficialmente, una especulación propia de la ciencia ficción. En Octubre de 2001, Philip Ball escribía en Nature: « El ambiente en la joven Tierra estuvo plagado de explosiones que habrían hecho que una guerra nuclear pareciera un despliegue de fuegos artificiales. Cometas y asteroides gigantescos la golpeaban continuamente, haciendo hervir gran parte de los océanos y esterilizando el planeta. Pero es evidente que la vida sobrevivió. De hecho, las últimas teorías indican que los primeros microorganismos, lejos de ser frágiles, estaban sólidamente adaptados a entornos extremos/ ... /En cualquier caso, no es fácil hacer aparecer células vivas a partir de un «caldo» de sustancias químicas sencillas, y puede que la Tierra sólo tuviera un breve período de tiempo para que esto pasase. Por eso, algunos investigadores creen que es posible que nuestro planeta necesitara algo de ayuda desde el exterior...» . Pero esta no es una especulación en el vacío. A propósito del descubrimiento de microfósiles de 3.500 millones de años en Apex chert (Australia) (Rasmussen, 00), Henry Gee escribe en Nature (00): «...las cianobacterias de Apex chert eran muy similares a las especies de cianobacterias vivientes hoy, sugiriendo que las cianobacterias evolucionan de un modo extremadamente lento. Esto nos lleva a otro rompecabezas: si las cianobacterias apenas han cambiado en 3.500 millones de años, ¿cómo pueden haber evolucionado tan rápidamente en los 700 millones precedentes?.(Aquí, habría que matizar que no se trata sólo del problema de su «evolución», sino el de su «formación»). Aunque microscópicas, las cianobacterias están constituidas por células y tienen una bioquímica tan sofisticada como cualquier otra forma de vida. ¿Cómo pudieron haber evolucionado de una simple mezcla de productos químicos en tan corto tiempo?.

Estos problemas están conduciendo a los investigadores interesados en el origen de la vida (se supone que no serán sólo unos pocos los «interesados»), a mirar de otra forma una sugerencia considerada usualmente una chifladura: que la vida haya evolucionado en algún lugar del Universo y haya llegado a la Tierra desde el espacio. Ahora están comenzando a comprobar esta idea experimentalmente». Sin embargo, parece que el interés del problema es de menor cuantía porque finaliza el comentario con estas palabras: «El gran problema con la idea fuera-de-la-Tierra es, no obstante, que no resuelve la cuestión del origen de la vida, simplemente cambia el problema de sitio». Una vez más, las viejas interpretaciones se resisten a dar a los datos el significado que tienen. Por ejemplo, el premio Nobel Cristian de Duve, (95) solventa el problema de este modo: «Incluso si aceptamos que la vida llegó a la Tierra desde el espacio exterior, obviamos el problema de cómo se originó. Por tanto, voy a asumir que la vida nació justo donde está actualmente: aquí, en la Tierra.» Estos argumentos, muy repetidos por los darwinistas, y que, seguramente, resultarán convincentes para los lectores convencidos de la idea de la vida como un fenómeno único y aleatorio, es una muestra de cómo el uso de los argumentos darwinistas nos ha acostumbrado a los biólogos (incluso a los más brillantes) a mirar «al dedo que señala a la Luna». Porque, efectivamente, la vida tuvo un principio en la Tierra, incluso la Tierra tuvo un principio. Pero es muy diferente el significado de que la vida tuviera un origen aleatorio, improbable y único, y precisamente aquí, de que la vida exista y se propague por el universo. De que posiblemente sea previa a la existencia de la Tierra. Un significado sobre el que volveremos más adelante.

En este contexto, otro problema con muy distinto significado de la interpretación «obligatoria» es el de la aparición de «la primera célula». En 1909 el biólogo ruso Konstantin S. Merezhkovsky propuso que los cloroplastos (entonces llamados «puntos verdes») de las células vegetales procedían de un simbionte de origen externo. Acuñó el término «simbiogénesis», a la que atribuyó el carácter de **principal fuerza creativa** en la producción de nuevas clases de organismos (Barreno, 99). Estas ideas fueron seguidas hasta los años 20 por algunos biólogos rusos y norteamericanos que fueron menospreciados por sus colegas, y olvidados, hasta que en los años 80 fueron retomadas por Lynn Margulis (aquí cabría introducir dos puntualizaciones: 1ª: Ya está todo dicho. 2ª: Quizá fuese

conveniente una revisión histórica que permitiese una atribución más justa de los méritos científicos a sus verdaderos acreedores), en su teoría del origen endosimbionte de la célula, hoy suficientemente demostrado y mayoritariamente aceptado. Pero la aceptación de la teoría endosimbionte no significa que se le atribuya el carácter general de fuerza creadora de Merezhkovsky, sino que se restringe al origen de «la primera» célula. El resultado de esta simbiosis ocasional, sería favorecido por la inevitable selección natural. «Eventualmente, tenemos que comprender que la selección natural opera, no tanto actuando sobre mutaciones al azar, que son a menudo dañinas, sino sobre nuevas clases de individuos que evolucionan por simbiogénesis» (Margulis, L. y Sagan, D., 95)

Al parecer, el hecho obvio de que unos seres sobrevivan en un momento determinado y otros no (incluso sólo de que unos organismos sobrevivan) conduce ineludiblemente a la actuación de la selección natural como causa de su presencia en la Tierra, ignorando el verdadero motivo de su aparición, el proceso que los formó. Si no tenemos más remedio que recurrir a las metáforas de nuestra vida cotidiana, este tipo de razonamiento resultaría comparable a atribuir el origen de un avión supersónico a «porque llega pronto».

El origen endosimbionte de las células eucariotas es un hecho ampliamente admitido y constatado en la actualidad, e incluso los distintos tipos de mitocondrias se atribuyen a distintos orígenes bacterianos. La cuestión subyacente es si todos estos fenómenos responden a distintos sucesos aleatorios ocasionales e individuales, o forman parte de eventos más generales y sistemáticos.

Porque este es otro punto crucial en el contexto del intento de devolver a la Biología su carácter de Ciencia: Una teoría basada en hechos contingentes (al azar, únicos e irrepetibles) no es, en realidad, una teoría, sino una narración histórica, y los sucesos únicos no pueden ser verificados experimentalmente (ni, en palabras de Popper, pueden ser por tanto sujetos al criterio de falsación) por lo que no pertenecen al campo de estudio de la ciencia.

Veamos, pues, unos datos que pueden ser incluidos dentro de estos criterios: Mediante el estudio del ARN ribosómico, W. Ford Doolittle (00), ha transformado el hipotético árbol de la vida basado en un también hipotético «ultimo antecesor universal común» (LUCA, en sus iniciales inglesas), en una intrincada red que interconexiona arqueobacterias con eubacterias y las dos con eucariotas, y con una base de múltiples raíces, tanto en el origen de arqueobacterias como de eubacterias, que él denomina (necesariamente) «comunidad ancestral común de células primitivas». En cuanto a los genes celulares, los de la célula eucariota son una

mezcla de genes de eubacterias y arqueobacterias, que son los que realizan las funciones básicas celulares. Para el resto de los genes de los organismos eucariotas (como pueden ser los que controlan el desarrollo embrionario) y que según él, «se ignora de donde pudieron haber venido», reivindica la necesidad de «la existencia de un cuarto dominio de organismos, extinguido en la actualidad, que transfirió horizontalmente al núcleo de las células eucariotas los genes responsables de éstos caracteres». Una explicación razonable, si tenemos en cuenta que, dada la extremada conservación y especificidad de los genes celulares desde su mismo origen, es poco lógico pensar que los genes que controlan, por ejemplo el desarrollo embrionario, surjan gradualmente como consecuencia de mutaciones al azar en los genes que controlan las funciones básicas celulares. Ahora se trataría de identificar este «cuarto dominio, extinguido en la actualidad».

Vayamos a otros datos contrastables que pueden ofrecernos alguna pista: Radhey Guptan (00), de la Universidad McMaster de Ontario, ha estudiado una gran cantidad de secuencias de ADN de los genomas procariotas y eucariotas secuenciados. Esto le ha permitido identificar numerosas inserciones y delecciones (y aquí, me permito llamar la atención sobre estos hechos, sobre cuyos responsables hablaremos más adelante), «con un alto grado de conservación que, o bien son únicas para grupos de especies, o son compartidas por grupos filéticos de organismos». Estas delecciones e inserciones, que él denomina «firmas», «permitirán estudiar relaciones entre los grupos principales de procariotas y eucariotas». (Una observación obvia, pero que, además, hace pensar que esas «firmas» específicas han tenido que estar implicadas en esas relaciones, es decir, en su evolución).

Pero, esta no es la única información constatable (y significativa) que han aportado los estudios de Gupta. El análisis de diferentes genes/proteínas (es decir, y esto es muy significativo, no sólo los genes) que se encuentran en organismos eucariotas, nos informa de que los relacionados con la trasferencia de información provienen de arqueobacterias; los genes/proteínas implicados en las funciones metabólicas, de eubacterias. «Estos resultados muestran que la célula eucariota ancestral no se originó directamente de una arqueobacteria o de una bacteria, sino que es una quimera formada por la fusión e integración de los genomas de ambas/... /los otros orgánulos de eucariotas, como mitocondrias y cloroplastos, se adquirieron en acontecimientos endosimbióticos posteriores». El impresionante significado de estos fenómenos queda, sin embargo, oscurecido por la siguiente afirmación: «Las secuencias en diferentes proteínas también indican que la fusión primaria que llevó a la formación de la célula

eucariota fue única». ¿Quiere esto decir que, tanto la primera fusión, como los «eventos endosimbióticos posteriores» tuvieron lugar sólo una vez, y precisamente en una sola estirpe celular? Parece que ésta es su interpretación, porque, según Gupta, esta endosimbiosis fue un hecho excepcional, y el resto de la evolución tuvo lugar mediante la selección natural. Pero conociendo la increíble capacidad de supervivencia y reproducción de las bacterias, resulta poco creíble que «una» célula eucariota única con su comparativamente lenta reproducción y su fragilidad comparada con la eficacia reproductiva y la práctica inmortalidad de aquellas, tuviera muchas probabilidades de proliferar por competencia en un mundo bacteriano.

Parece existir, incluso entre los científicos cuyas aportaciones son claves para entender los hechos más trascendentales de la evolución, una falta de conexión lógica, (condicionada, sin duda, por el paradigma obligatorio), entre un forzoso origen aleatorio, ocasional y único y los resultados inmediatos de ese hecho «azaroso»: la enorme complejidad y sincronía que se encuentra dentro de una célula, en la que cientos de miles de moléculas, cada una con unas propiedades, cuando menos, sorprendentes, interactúan con gran precisión para formar un sistema con una capacidad de integración y procesamiento de datos en relación con el ambiente interno y externo, con los ciclos de división, con autorreparación... resultan inconcebibles para la tecnología más avanzada. ¿Es lógico, es siquiera racional creer que sucesos aleatorios y «errores» ocasionales hayan podido ensamblar estos «sistemas operativos» que son, precisamente, la antítesis del azar?

## 2. Sobre el aumento de complejidad y el muro limitante

El problema se multiplica exponencialmente cuando se trata de explicar el siguiente «salto» en nivel de complejidad que constituye la aparición de los organismos pluricelulares. Es cierto que, mediante metáforas ingeniosas que, como siempre, olvidan preguntarse por los procesos biológicos reales implicados en su narración, pueden resultar, si no convincentes, al menos divertidas. El brillante S. J. Gould, implicado en su país en una dura batalla dialéctica contra las poderosas fuerzas sociales que subyacen a los movimientos creacionistas, se empeña, como negación del finalismo, en justificar el aumento de complejidad mediante la metáfora del borracho y el muro. Si éste sale de un bar caminando tambaleante, y su trayectoria está limitada por un muro a la izquierda, con el tiempo (suponiendo, naturalmente, que no caiga al primer paso) acabará

cayendo, forzosamente, a la calzada. «Toda vez que hay sitio disponible hacia la derecha del muro, es decir, en la dirección de una mayor complejidad, las nuevas especies se adentran ocasionalmente en ese territorio virgen y confieren a la curva de campana de la complejidad de todas las especies un sesgo a la derecha que puede ir acentuándose con el paso del tiempo» (Gould, 99). Este es un caso tan típico de explicación darwinista que, seguramente, para muchos biólogos resulte suficiente. A la pregunta de por qué aumenta la complejidad se responde: «Porque hay espacio para que aumente». Los mecanismos responsables de ese aumento, la explicación científica de «por qué», no merecen consideración.

Pero una explicación, esta vez basada en datos, nos la apuntan Aravind y Subramanian (1999), a partir de la comparación de los genomas de Saccharomyces cerevisiae (muy relacionado, por cierto, con el anterior ejemplo), Caernohabditis elegans y Arabidopsis thaliana: «Esas comparaciones evidencian algunas tendencias llamativas en términos de expansiones (es decir, repeticiones) o barajamientos extensivos (es decir, reordenamientos) de dominios específicos que están involucrados en funciones reguladoras y de señalización». En definitiva, ya tenemos algunos datos que relacionan materialmente distintos niveles de complejidad con duplicaciones y cambios de posición de grupos de genes.

Veamos ahora como ellos mismos nos explican la implicación de sus datos en la aparición de los organismos multicelulares: «En el esquema básico del paradigma evolutivo darwiniano, aparece de esta forma: en una colonia surgida de la expansión clonal de una célula individual, la selección familiar («kin selection») pudo funcionar resultando en una forma diferencial multicelular. Un conjunto de células en una colonia tuvo que diferenciarse y por tanto sacrificar su capacidad reproductora a favor de la de sus clones, si ese comportamiento favoreció un incremento neto en fitness de ese estado en relación a sus copias unicelulares de reproducción individual». Para no resultar reiterativo (más aún), omitiré los comentarios sobre «la fuerza directora», pero son inevitables algunas preguntas sobre unos argumentos aceptables por la ortodoxia, como demuestra el que estén publicados en una revista prestigiosa: ¿Tienen sentido unos genes que, sin ninguna coordinación, produzcan varios tipos de células sin capacidad de reproducción?. ¿Qué ventaja (fitness) puede tener una masa informe con ¿dos?, ¿tres? tipos celulares, de las que sólo un tipo se puede reproducir, sobre organismos unicelulares perfectamente adaptados? Y finalmente, ¿Qué tipo de genes son los que tienen capacidad para duplicarse y «barajarse»?

Aquí, puede resultar conveniente interrumpir nuestro recorrido por el «beodo» camino hacia la complejidad y detenernos a rastrear el posible origen de estos peculiares y movedizos genes.

### 3. Sobre los elementos móviles y sus derivados

La creciente información derivada de la secuenciación, mas o menos completa, de los genomas de organismos multicelulares animales y vegetales está poniendo de manifiesto una proporción variable, pero en todos los casos altísima, de secuencias repetidas, elementos móviles y virus endógenos. Estos hechos, han llevado, ineludiblemente, a plantear el significado de su presencia en los genomas. Naturalmente, las interpretaciones que han suscitado mayor interés han sido las relativas a la secuenciación (parcial) del genoma humano. En el informe publicado por el Consorcio Internacional (Nature, 15 de Febrero de 2001), podemos leer: «En el (genoma) humano, las secuencias codificantes comprenden menos del 5% del genoma, mientras que las secuencias repetidas abarcan, al menos, el 50% y probablemente mucho más/ .../Las repeticiones son descritas a menudo como «basura» y desechadas como poco interesantes (se atribuyen a su cualidad de ADN egoísta). No obstante, actualmente representan una extraordinaria fuente de información sobre procesos biológicos / ... / Como agentes activos, las repeticiones han remodelado el genoma, causando reordenamientos ectópicos, creando genes enteramente nuevos, modificando y barajando genes existentes y modulando el contenido total de Guanina - Citosina». En cuanto al origen de esas repeticiones: «La mayoría (¿no toda?) de las secuencias repetidas humanas deriva de elementos transponibles. Podemos reconocer sobre el 45% del genoma como perteneciente a esta clase». Y, mucho más interesante aún: «Mucho del restante ADN único debe también ser derivado de copias de antiguos elementos transponibles que han divergido demasiado para ser reconocibles como tales». Es decir, nos encontramos con que la gran mayoría del genoma humano está constituido por repeticiones de bloques de genes y de elementos transponibles, de los cuales los retrotransposones, que se mueven produciendo copias de sí mismos, son los evidentes responsables de dichas repeticiones (los transposones, que cambian de sitio en el genoma directamente, son los responsables de las «inserciones y delecciones»). Si tenemos en cuenta que el origen de los genes responsables de las funciones celulares básicas son de origen bacteriano, ¿de donde han salido estos paquetes de genes con tan extraña tendencia a moverse y a duplicarse? ¿Tal vez del cuarto dominio que reclamaba Doolittle? Prosigamos la lectura del informe: En el apartado «Repeticiones derivadas de transposones», nos encontramos con que: «450.000 copias, que constituyen el 8% del total del genoma (ya son el 10%), corresponden a elementos retrovirales (retrovirus-like elements). Unas, llamadas autónomas. tienen las secuencias gag, pol y env (esta última responsable de la codificación de la cápsida viral), es decir, son retrovirus endógenos capaces de reconstruir su cápsida y formar virus completos, y otras, llamadas no autónomas sólo tienen los genes **gag** y **pol**».

Veamos, ahora, la interpretación del origen de estos elementos: «Los elementos autónomos (retrotransposones) contienen los genes gag y pol que codifican una proteasa, transcriptasa inversa, RNAasa H e integrasa. Los retrovirus exógenos parecen haber surgido de retrotransposones endógenos, por adquisición de un gen celular env (cápsida)». Es decir, los retrotransposones, extraños paquetes de genes con la capacidad de insertar copias de sí mismos en otros puntos del genoma, parecen haber surgido «espontáneamente» en unos genomas con las secuencias celulares básicas altamente conservadas y, además, han sido capaces de formar virus por «adquisición» de un gen celular env, también surgido en la célula espontáneamente (¿y tal vez al azar?).

Quizás el conocimiento de algunas curiosas características (y capacidades) de las cápsidas víricas, descubiertas recientemente, nos permitan valorar razonablemente la posibilidad de que éstas procedan de genes celulares: El 18 de Octubre de 2001, se publicó en Nature un artículo (Smith et al.) que por su gran espectacularidad fue portada en la citada revista. Su título: «El motor portal del bacteriófago Ф 29 puede empaquetar ADN contra una gran fuerza interna». La investigación mediante una (cada vez más necesaria) colaboración entre biólogos moleculares, microbiólogos y físicos consiguió medir, por medio de unas (misteriosas para los biólogos) «pinzas ópticas» la fuerza con que la cápsida del citado fago empaquetaba el ADN en su interior: «El bacteriófago Φ 29 empaqueta su doble cadena de ADN de 6,6 micrómetros de longitud en una cápsida de 45x54 nanómetros, por medio de un complejo portal que hidroliza ATP. Este proceso es remarcable, porque han de ser superadas energías entrópicas, electrostáticas y de plegamiento para empaquetar el ADN hasta un estado de densidad casi cristalina» (El subrrayado es mío). El equivalente, en términos «visualizables», sería objeto de cálculos mas afinados, pero de una forma grosera se aproximaría a introducir 100 sillas de brazo de un aula en la caja del proyector. «Este motor puede trabajar contra fuerzas de 55 piconewtons en media, convirtiéndole en uno de los más potentes motores moleculares reportados hasta la fecha/ .../ «Nuestros datos sugieren que ésta fuerza debe estar disponible para iniciar la eyección de ADN de la cápsida durante la infección». Al asombro que produce esta información se le pueden añadir serias dudas sobre la procedencia desde los conservados y específicos genes celulares (en este caso bacterianos) de ésta y otras sorprendentes y variadas cápsidas virales. ¿De qué procesos celulares pudieron los elementos móviles «adquirir» (¿también al azar?) estas cápsidas con estas propiedades?

Sin embargo, y volviendo al Informe, el hecho, tan plausible que es casi obvio, de que los virus endógenos son de origen exógeno y que en algún momento de la historia de la vida se han insertado en los genomas, y de que es mas lógico pensar que la progresiva conversión en elementos móviles y secuencias no autónomas (partículas virales «defectivas») haya sido por pérdidas de secuencias, que el camino inverso de «progresivas adquisiciones», no parece encajar en la perspectiva «ortodoxa»: En la página 887, y bajo el epígrafe «Transposones como una fuerza creativa», se puede leer: «La fuerza primaria para el origen y expansión de la mayoría de los transposones ha sido la **selección** para su habilidad para crear progenie,(?) y no una ventaja selectiva para el huésped. No obstante, estas piezas egoístas de ADN han sido responsables de importantes innovaciones en muchos genomas, por ejemplo, aportando elementos reguladores (¿de donde?) e incluso genes nuevos. Veinte genes humanos han sido reconocidos como probablemente derivados de transposones». Es más: «Mucho del restante ADN único debe también haber derivado de antiguas copias de elementos transponibles que han divergido demasiado para ser reconocibles como tales». (Los subrrayados son míos).

Abundantes interpretaciones de este tipo se pueden encontrar en el, por otra parte, magnífico informe. Porque siempre nos encontramos con el mismo problema: unos nuevos datos con una cantidad asombrosa (y muy significativa) de información, y unas interpretaciones basadas en los viejos conceptos. Pero, sobre todo, desligadas de las informaciones aportadas por otras disciplinas que sugieren una muy diferente interpretación, especialmente si las situamos en su contexto evolutivo. Así, por ejemplo, las «evidencias de transferencia horizontal de genes relativamente frecuentes» es decir, «genes transmitidos por vectores como virus», así como las «más de doscientas secuencias de orígen bacteriano», que les resultan sorprendentes, pueden tener una explicación coherente si Doolittle y Gupta no están equi vocados (y parece que no lo están). En el genoma humano y en todos los genomas animales y vegetales hay muchas más de doscientas secuencias de origen bacteriano.

La inevitable conclusión que se deriva de un simple cálculo, cuyos resultados pueden parecer heréticos (pero, en este caso, al culpable habría que buscarlo entre los primitivos matemáticos), es la siguiente: Si el 95% del genoma, (considerado inicialmente «no codificante», pero reconsiderado posteriormente, porque su actividad-inactividad puede depender de muchos factores), está constituido por secuencias repetidas (y ya sabemos quienes son los responsables de las repeticiones), elementos móviles, y un creciente número de virus endógenos, (el denominado por algunos «ADN basura»), y en el «genoma codificante» existen abundantes virus

endógenos y elementos móviles que participan activamente, «mucho del restante ADN único tiene que haber derivado de antiguas copias de elementos transponibles», y a esto le sumamos los genes responsables de la transmisión de información y los genes que controlan el metabolismo celular, cuyo origen es bacteriano, el resultado (con muy pocos genes de origen no identificado por el momento), es que, con muy poco riesgo de error, se puede concluir que serían los virus el «cuarto dominio», invocado por Doolittle, que aportó, por transferencia horizontal, los restantes genes de los eucariotas. Lo que, en definitiva, significa (afortunadamente los biólogos no tienen la costumbre de quemar a los herejes) que todo el ADN que no es de origen bacteriano, es, con toda probabilidad, de origen viral. Y también explicaría las «firmas» de Gupta (y su significado evolutivo), el fenómeno de las «numerosas inserciones y delecciones con un alto grado de conservación en diferentes genes/proteínas que, o bien son únicos para grupos específicos de especies, o son compartidos entre grupos determinados de organismos».

#### 4. Sobre el (confuso) origen de los virus

La concepción de los virus dentro del paradigma vigente constituye, junto con la de las bacterias, las dos paradojas más incoherentes, pero persistentes, de la Biología actual.

El hecho de que el descubrimiento de ambos fuera debido a su actividad patógena (Koch en el Antrax de vacas y Stanley en el mosaico del tabaco), junto con que esta cualidad concuerda perfectamente con la visión competitiva de los fenómenos biológicos, les ha cargado con el estigma de ser «nuestros peores competidores», atribuyendo a su carácter patógeno (real, pero minoritario y siempre por algún motivo) su condición fundamental y considerando los, cada vez más abundantes casos de actividades imprescindibles en distintos procesos biológicos, como excepcionales, justificados como «parasitismo», «genes egoístas», «aprovechamiento por parte del genoma»...

A pesar de esto, se están acumulando datos sobre las actividades normales de las bacterias que (al menos para algunos) están cambiando su situación dentro de la concepción de las relaciones entre los seres vivos. Hoy se sabe que los suelos terrestres están plagados de bacterias que cumplen funciones esenciales en la degradación de sustancias tóxicas, o en la fijación de Nitrógeno por las plantas y en la regeneración de suelos y ecosistemas terrestres y marinos. Que enormes cantidades de bacterias viven en el interior de los seres vivos, colaborando en funciones esencia-

les, como la degradación de sustancias que no pueden digerir o la producción de otras imprescindibles para el organismo. También se ha comprendido (no por todos) que su carácter patógeno se produce mediante transferencia horizontal de genes como respuesta a agresiones ambientales.

En cuanto a los virus, «Se han realizado muchos trabajos para comprender el funcionamiento de los virus, encontrar nuevos medios de combatirlos o, por el contrario, utilizarlos para transportar genes de medicamentos (terapia génica)» (Zillig y Arnold, 99). Lo sorprendente es que argumentos de éste tipo no resulten absurdos, pero lo cierto, es que los virus constituyen otro de los muchos pilares inconsistentes de la Biología actual. Otro de los muchos problemas «cerrados en falso»: «Aunque nuestros conocimientos sobre la biología molecular de los virus han progresado mucho, su origen sigue siendo, en cambio, uno de los grandes misterios de la biología. Dado que necesitan una célula para multiplicarse, los investigadores creyeron durante mucho tiempo que los virus tenían como origen genes celulares» (Zillig y Arnold, 99). Resulta llamativo el empleo del tiempo pasado como si ésta creencia hubiera sido abandonada en la actualidad cuando, en realidad, sigue siendo la dominante; pero no es más que un reflejo de la desconexión existente entre distintas especialidades y así, lo que para los genetistas se solventa con la «adquisición de un gen celular env», para los virólogos no resulta tan evidente: «La existencia de características específicas de los virus, como algunas proteínas de las envolturas, genomas en forma de ARN y ARN polimerasas especiales (aquí hay que resaltar a la Transcriptasa inversa, con su función tan especial y tan concreta), sugiere, por el contrario, que al menos una parte de los virus no tiene el mismo origen celular que sus células huésped».

Esta evidencia lleva inevitablemente a los autores a plantearse el origen y «evolución» de los virus: El estudio de los virus que «infectan» a las arqueas, ha puesto de manifiesto que no pertenecen a ninguna de las familias de los virus conocidos. Por ejemplo, el arqueófago O H tiene un genoma muy diferente del bacteriófago P 1. Sin embargo, su morfología es muy parecida, con una cabeza de forma geométrica y una cola que permite la fijación a la bacteria. Por lo tanto: «Si se supone que existió una forma ancestral de virus en el antepasado común de las arqueobacterias y de las bacterias, se puede ver sin dificultad a O H y P 1 como los productos de una evolución divergente a partir de un mismo antepasado».... «Si esto es así, los virus del mismo tipo – y por tanto, todos los fagos con cabeza y cola – ya existían en el antepasado común de los procariotas y los eucariotas, e incluso, quizá antes». El problema (no menor) de estas rela-

ciones es cómo puede evolucionar un virus que es inerte en ausencia de una célula y, sobre todo, qué tipo de mutación hace posible la elaboración del «motor molecular» de su mecanismo de inyección del ADN a partir de la «sopa primigenia». Pero lo más sorprendente de todo, es que esto ha tenido que ocurrir varias veces porque: «La notable variedad de los virus y su relativa simplicidad sugieren un origen polifilético: diferentes grupos de virus habrían derivado independientemente a partir de diferentes orígenes». Ésta parece la argumentación más sólida (basada en datos) de todo el discurso sobre su «evolución». Pero, ¿cómo explicarla?. Lo cierto es que los arqueófagos que «infectaban» a las primeras formas de vida ya deberían disponer del mecanismo inyector de su ADN.

Llegados a este punto, tal vez sea conveniente una recapitulación sobre los datos de que disponemos:

Tenemos datos sobre la extremada conservación de las formas ancestrales de vida, sobre la presencia de virus simultánea (o incluso, posiblemente anterior) a éstas. Sabemos que «no todos sus genes» pueden tener origen celular (Zillig y Arnold, 99). También conocemos la existencia de la integrasa, que sirve **para** que los virus integren su genoma en los genomas celulares, de la Transcriptasa inversa que utilizan **para** retrotranscribir el ARN en ADN, de un complejo y difícil de explicar «motor molecular» que los virus utilizan **para** inyectar en las células, o empaquetar, su material genético. Es decir, que los virus de incierta y «polifilética» procedencia poseen unas funciones que utilizan **para** algo, que tiene una evidente finalidad, y que intentar explicar la rápida aparición de cada una de ellas independientemente como consecuencia de mutaciones al azar a partir de una «sopa primigenia» o, incluso, de un supuesto « Mundo ARN» carece de sentido científico, como cualquier matemático podría fácilmente demostrar.

Probablemente, estos argumentos resulten menos ajustados al modo de razonar al que hemos sido acostumbrados los biólogos que las vagas y contradictorias explicaciones sobre la aparición por partes de la primera célula, con o sin ayuda de virus (de origen inexplicado), y con las «invenciones» de proteínas y ribosomas o la supuesta procedencia de los virus a partir de transposones (también «inventados» por el genoma), pero no hay que olvidar que estas «explicaciones» están basadas en la convicción (en la creencia) de **cómo han tenido que ser**, es decir, se han tenido que producir, **forzosamente**, de un modo gradual, al azar y, naturalmente, impulsados por la selección natural, y todos los argumentos se elaboran asumiendo estas únicas posibilidades. Estos axiomas (porque nunca se han demostrado), conducen a pasar por alto mediante vagas (o metafóricas, en su caso) explicaciones hechos con una información fun-

damental sobre la evolución en los que, muy probablemente, se encuentran las claves.

## 5. Sobre los «parásitos» creativos

En los últimos años, la información sobre las actividades de los virus, y sus derivados, los elementos móviles, tanto en procesos celulares normales, como en fenómenos con claras implicaciones evolutivas, ha crecido de un modo casi exponencial (Sandín, 95, 97, 98, 01). Las interpretaciones habituales de su presencia en los genomas animales y vegetales han incluido desde una «explotación» de sus inexplicadas capacidades por parte del genoma (Bromhan, 02) o un aprovechamiento de las respuestas ambientales de los transposones «cualquiera que sea su origen» (Grandbastien, 98), hasta un absoluto desconcierto por su presencia (Benoist y Mathis, 97: «Retrovirus as trigger precipitator or marker?»). Pero, si tenemos en cuenta que hoy estamos en condiciones de afirmar que la mayor parte del genoma de todos los seres vivos es de origen viral, resulta evidente que estas actividades no son ocasionales ni, mucho menos, excepcionales.

Pero, además, estudios recientes han revelado unas actividades de los virus que van a obligar, al igual que en el caso de las bacterias, a replantear su verdadero y fundamental papel en la Naturaleza. En aguas marinas superficiales hay un número de virus de 10.000 millones por litro. Su papel ecológico consiste en el mantenimiento del equilibrio entre las diferentes especies que componen el plancton (y, como consecuencia, del resto de la cadena trófica) y entre los distintos tipos de bacterias, destruyéndolas cuando hay un exceso (Fuhrman, 99).

Al mismo tiempo, la materia orgánica liberada tras la destrucción de sus huéspedes enriquece en nutrientes el agua. Pero, además, tienen un papel secundario sorprendente: los derivados sulfurosos producidos por sus actividades contribuyen a la nucleación de las nubes. Y, seguramente, no serán éstas las únicas sorpresas que nos van a deparar.

Hoy podemos afirmar que existen indicios más que suficientes para considerar a los virus, no sólo una parte del funcionamiento normal de los fenómenos biológicos, sino una parte fundamental. Hoy sabemos quienes son los responsables de las inserciones y delecciones que identifican grupos filéticos de organismos. También sabemos cómo es el mecanismo responsable de las duplicaciones, reordenamientos y remodelaciones de los genomas. Tenemos datos abundantes sobre su implicación en los fenómenos de transferencia horizontal de genes (Auxolabehere, 92; García et al., 95; Kim

et al., 95; Oosumi et al., 95; Galitski y Roth, 95). Pero, quizás, las más significativas actividades de las secuencias de origen viral sean las relacionadas con la regulación de la expresión génica (Patience et al., 97) y con la diferenciación y proliferación celular durante la embriogénesis (Brosius y Gould, 92, Dnig y Lipshitz, 94; Schulte et al., 98; Episkopou et al., 01).

Si a esta información sobre la actividad normal de los virus le añadimos su capacidad de activación (y «malignización») como respuesta a estímulos (estrés) ambientales (Gauntt y Tracy, 95, Ter-Grigorov et al., 97; Grandbastien, 98), fenómeno que está, sin duda, muy relacionado (y que podría explicar) con muchos de los problemas derivados de los xenotransplantes, los productos transgénicos, la terapia génica, el SIDA e, incluso, la investigación sobre el cáncer (Ver Sandín, 97; 98; 01) nos encontramos con una realidad muy diferente a la que nos ha inculcado el viejo paradigma: unos genomas caracterizados por una extremada conservación de los procesos fundamentales desde el mismo origen de la vida pero con una plasticidad, una capacidad de reacción a los estímulos ambientales que son totalmente incompatibles con la concepción tradicional de unos genomas rígida e irreversiblemente diferenciados mediante mutaciones aleatorias y aislados del ambiente.

Esta nueva visión está íntimamente ligada a la explicación de otro hecho fundamental de la evolución cuyos mecanismos implicados «siguen siendo sorprendentemente esquivos» (S. C. Morris, 00)

## 6. Sobre la «radiación» del Cámbrico y los genes homeóticos

La explicación del origen de los metazoos constituye otro significativo ejemplo de cómo la «vieja Biología» es capaz de cerrar en falso los problemas clave de la evolución mediante argumentos o interpretaciones caracterizadas por un predominio absoluto de las convicciones sobre las observaciones. La aparición de todos los planes de organización animal existentes en la actualidad en un corto periodo de tiempo y en la misma base de su origen, es totalmente contradictoria con la concepción darwinista de la evolución (en palabras de S. J. Gould(85), lo que cabría esperar «...serían unos pocos diseños generales y gran variabilidad (distintas adaptaciones) dentro de ellos. Sin embargo, encontramos exactamente lo contrario». A pesar de ello, el fenómeno también tiene cabida dentro de la elástica Teoría Sintética: se trataría de una «radiación adaptativa» (Liñán et al., 99), una supuesta explicación («radiación») que es, en realidad, una descripción (es decir: «un incremento en número y variedad dentro de un taxón, como consecuencia de un cambio ambiental,» etc.).

Pero veamos los datos: «Una gran variedad de philla de organismos tripoblásticos (Protostomia como anélidos, moluscos y artrópodos, y los Deutetostomia, equinodermos y cordados) han surgido en un «Big-Bang» entre 530 y 520 m.a. en la base del Cámbrico (550-500 m.a.) con una impresionante explosión de la diversidad y disparidad morfológica (Erwin, 1991, 1993, Erwin et al., 1997, Valentine et al., 1996, 1999). El registro fósil del Cámbrico incluye miembros de más de treinta phylla (planes corporales) correspondientes a unos hábitats bentónicos marinos de costa comparables a los actuales; unos hábitats aparentemente constantes y estables» (García Bellido, 99). Es decir, en un medio estable y homogéneo «aparecieron» prácticamente todos los mecanismos genéticos que controlan la morfogénesis de todos los grandes grupos animales existentes en la actualidad, sin la menor posibilidad de que la omnipresente y omnipotente selección natural tuviera la menor participación en ello: «la expansiva diversificación morfológica de la fauna en la base del Cámbrico ha ocurrido en animales viviendo en condiciones bióticas muy homogéneas, lo que indica que los determinantes externos han jugado un papel mínimo en esa disparidad (Valentine et al., 99.)» (Ga Bellido, 99).

Un problema añadido para la perspectiva convencional es el representado por los posibles antecesores de la fauna del Cámbrico, un puñado de organismos multicelulares conocidos como la «fauna de Ediacara» (por su lugar de descubrimiento en el Sur de Australia), datados en 600 millones de años, en el Véndico. Paleontólogos como Gould (85) y Seilacher (89), afirman que esta fauna constituye un «experimento fallido» en la evolución de los animales multicelulares, que no dejó descendientes. De hecho, al comienzo de Cámbrico, hace 543 millones de años, la Tierra sufrió la mayor y más extensa Edad de hielo de toda su historia (Kirschvink et al., 00). Pero el problema puede ser aún mayor: el paleontólogo Gregory Retallack (94) de la Universidad de Oregón, ha llegado a la conclusión de que los fósiles de Ediacara no eran en absoluto animales, sino muy probablemente líquenes: la forma en que han fosilizado, sin las deformaciones propias de cuerpos blandos, los patrones de crecimiento y su estructura microscópica los hace más compatibles con el hecho de que su gran tamaño (a veces más de un metro) y su forma de vida sésil se corresponda con organismos que obtienen su nutrición por simbiosis con organismos fotosintéticos. Una nutrición difícil de explicar en la «interpretación animal» de estas grandes formas sésiles.

En definitiva, nos encontramos de nuevo con un súbito salto de complejidad a partir de formas necesariamente muy sencillas y aún por descubrir. En palabras de S.C. Morris (2000): «Para concluir: la explosión Cámbrica es real y sus consecuencias ponen en marcha un maremoto en

la historia evolutiva. Mientras el patrón de evolución es muy claro, los procesos implicados todavía permanecen sorprendentemente esquivos.»

Desde el punto de vista de la genética del desarrollo, sabemos que en estos procesos están implicados unos complejos sistemas genéticos de genes/proteínas denominados homeoboxes que regulan a muchos otros genes y que coordinan el desarrollo embrionario de tejidos y órganos en todos los seres vivos. Lo que aún está por explicar, desde el punto de vista ortodoxo, es el origen de esos sistemas genéticos que, obviamente, no se han podido producir por mutaciones al azar de los conservados genes controladores de la replicación o del metabolismo. Pero quizá su descripción nos pueda dar alguna pista: los genes que los forman son secuencias repetidas en tandem, y ya sabemos que los responsables de las repeticiones génicas son los retrotransposones (y quedan pocas dudas razonables sobre el origen de los retrotransposones en los retrovirus). En general son secuencias de 180 pares de bases que codifican para un polipéptido básico de 60 aminoácidos al que se ha llamado homeodominio. Estas secuencias están situadas en el mismo orden en los cromosomas de muy diferentes grupos animales, y en todos ellos cumplen misiones extrañamente similares en el desarrollo embrionario: las secuencias responsables del desarrollo de las patas, ojos, sistema urogenital... de invertebrados, anfibios, reptiles, aves y mamíferos sólo se diferencian en el número de repeticiones. En el modo de controlar este desarrollo, están involucrados un conjunto de genes/proteínas en el que los genes HOX son los «selectores» que controlan la expresión de otros genes «realizadores» y regulados por proteínas específicas, conjunto al que el genetista del desarrollo A. García Bellido, ha denominado «sintagma». Y una vez más «... en un número creciente de casos, sintagmas casi completos están conservados en evolución (Botas, 93; Biggin and McGinnis, 97; Graba et al., 97).» (G. Bellido, 99).

El significado de estos datos (es decir, no especulaciones) merece un análisis especial: los genes homeóticos especifican el desarrollo de unos órganos de una forma que va más allá de su mecanismo bioquímico e, incluso, de su desarrollo embrionario: «los apéndices de vertebrados y artrópodos no son estrictamente órganos homólogos pero vemos que, en su morfogénesis, hacen uso de genes y sintagmas conservados Gynsen et al., 87; Carrol, 95)». Y esto se ha podido comprobar experimentalmente introduciendo los genes Hox «ojo» de ratón en drosophila y activándolos en diversas partes de su cuerpo tales como patas, alas, antenas, etc. El resultado fué que aparecieron ojos ectópicos en todas esas estructuras (Morata, 99). Es decir, a pesar de que el ojo compuesto de Drosophila se forma bajo el control de un conjunto de varios cientos de genes/proteínas

diferentes a los del ratón, la secuencia «ojo de mamífero» produce «ojo de invertebrado» dentro del desarrollo embrionario de una mosca. Todo esto quiere decir que en estas secuencias génicas está inscrito el **significado** (se podría decir: el concepto) «ojo», «patas», «alas», independientemente del tipo de ojo, patas o alas, de su control (regulación) genético o de su origen embrionario. Y este fenómeno (este hecho) es probablemente, el de más trascendencia y el de más profundo significado de todos los descubrimientos recientes en el campo de la biología.

Desgraciadamente (pero comprensiblemente), el peso del viejo paradigma, del vocabulario de la forma «ortodoxa» de razonar, impide a los propios descubridores asumir el significado de sus propios hallazgos. Así Antonio García Bellido, cuyas aportaciones en el campo de los homeoboxes han sido fundamentales, en su magnífico artículo «Los genes del Cámbrico» (1999) atribuve las interacciones ADN-proteínas v sus resultados a un fenómeno de «selección» y aunque, evidentemente, no se refiere a la selección natural, dado que, según él mismo escribe, el ambiente no ha jugado ningún papel en la generación de morfologías nuevas, no puede evitar la siguiente conclusión: «Así se inició una competición morfológica y de comportamiento entre organismos, elaboraciones que han continuado y diversificado desde entonces». Sin embargo: «las mutaciones clásicas en las regiones que codifican para proteínas deben haber sido de escasa relevancia inmediata para la evolución morfológica... variantes genéticas nuevas que resultan de cambios de secuencias reguladoras debieron y deben estar sujetas a una selección negativa mínima, porque se mantiene la función primaria del gen que asegura una morfogénesis normal (Averof et al., 96)».

Es decir, no importa que el ambiente no tenga el papel selectivo que le atribuye el darwinismo; no importa que las mutaciones «clásicas» tampoco... Pero tiene que existir una competencia y tiene que existir una selección. Aunque haya que buscarla infructuosamente. Sin embargo: «Si en los apéndices de tetrápodos y los de artrópodos se usan genes y aún sintagmas homólogos, ¿cuál era su expresión morfológica en los organismos precámbricos que no tenían apéndices visibles? (el subrayado es mío), ¿cómo eran los órganos incipientes (precursores), receptores de luz, de los ojos que se generan con genes homólogos en todas las formas derivadas?, ¿han precedido los sintagmas específicos a las formas a las que dan lugar?» Esta pregunta/afirmación es la clave, dentro de nuestros argumentos, porque parece evidente que la coordinación del desarrollo embrionario ha de ser previa a la aparición del organismo, pero: «si es así, ¿sobre qué formas ha operado la selección para dar lugar a la explosión evolutiva observable?».

A veces resulta desalentador observar cómo los científicos que aportan los datos más relevantes en el contexto de una nueva Biología, se esfuerzan para introducirlos, mediante una retórica, muchas veces contradictoria, en el viejo paradigma. Es decir, no parece existir ningún interés por articular coherentemente, racionalmente, todos estos nuevos y significativos datos. Lo que se puede observar es un verdadero esfuerzo para hacer posible su interpretación dentro de la ortodoxia dominante. Y así, cada especialista aporta su contribución. Por ejemplo, para los paleontólogos (Liñan et al., 99) la «explicación» de la repentina aparición de todos los tipos de organismos existentes en la actualidad se justificaría porque el fenómeno pudo no ser tan rápido como parece y las condiciones de fosilización darían una falsa impresión de aparición rápida, «...sería más propio hablar de la explosión cámbrica del registro fósil». Pero parece dudoso que una ampliación del tiempo explique el problema que planteaba Gould y más, teniendo en cuenta la ausencia de formas precedentes y «conectables».

Desde el punto de vista bioquímico los datos tienen un sentido opuesto, pero los argumentos tienen características similares: En un artículo publicado en Nature, Rutherford y Lindquist (98), han encontrado una explicación para la rápida diversificación morfológica del Cámbrico. Las proteínas antiestrés, también conocidas como chaperonas, son otro ejemplo, este va indiscutible, de proteínas con una finalidad muy especial. Se encuentran en las células de todos los organismos, y su misión es ayudar a las proteínas celulares que tienen distintas funciones esenciales, entre ellas el control de la proliferación celular y el desarrollo embrionario, a recuperar su estructura y, por tanto, su funcionalidad, en caso de que una agresión ambiental, como exceso de calor, falta de Oxígeno, sustancias químicas tóxicas o radicales libres, las desnaturalicen. Rutherford y Lindquist comprobaron que cuando aumentaban la temperatura de embriones de Drosophila o alimentaban a las moscas con un producto químico que bloquea la acción de la chaperona Hsp 90 nacían entre un 1% y un 3% de moscas con malformaciones en alas, patas y antenas. Esto les sugiere que «Hsp 90 sería el primero de estos mecanismos moleculares en ser la base del cambio morfológico drástico, más que los cambios pequeños y progresivos que se sabe ocurren en la evolución, y serviría para explicar la gran descarga de diversidad del periodo Cámbrico: Hsp 90 parece ser una vía rápida para la adaptación». Naturalmente, tampoco mencionan a partir de qué antecesores se pudieron producir las malformaciones llamadas «tubo digestivo», «ojos», «caparazones», etc...

Pero, una vez más, Antonio García Bellido nos ayuda (seguramente sin proponérselo) a rastrear el origen de esos programas embrionarios:

«Se puede afirmar que a lo largo de la evolución lo que ha aumentado asociado a la complejidad, son las regiones reguladoras de los genes. Esto conlleva a un aumento proporcional de genes reguladores sobre genes con funciones celulares básicas. Estos últimos son más del 90% en bacterias y menos del 40% del total en Drosophila o en el ratón». (Gª Bellido, 99).

## 7. Sobre extinciones y radiaciones

«La explosión del Cámbrico constituye uno de los hechos más inexplicables para la Biología evolutiva». Esta frase, repetida hasta la saciedad en textos sobre evolución, parece soslayar el hecho de que es, precisamente, el fenómeno fundamental de la evolución animal. Pero también puede dar la impresión de que los siguientes «hechos fundamentales de la evolución» (Crick, 81) sí son explicables por la teoría convencional. Lo cierto, sin embargo, es que las súbitas renovaciones de fauna que han dado lugar a las denominaciones de los siguientes grandes períodos geológicos no cuentan con muchos mas argumentos explicativos salvo que, obviamente, ya existían antecesores.

Los datos paleontológicos, cada día más abundantes y concluyentes, nos revelan una dinámica de grandes extinciones seguidas de súbitas «radiaciones» de nuevas formas de vida. Como observa T.S. Kemp (99), «Niveles muy altos de evolución morfológica, ocurren de forma característica a continuación de una extinción masiva». Las extinciones en masa mas drásticas, inician o finalizan los períodos Precámbrico, Cámbrico, Ordovícico, Devónico, Pérmico, Triásico y Cretácico. La que marca el final del Ordovícico acabó con gran cantidad de formas de braquiópodos y trilobites, pero aparecieron una gran variedad de peces y de plantas de ribera. El Devónico terminó con una gran extinción que afectó a todas las especies animales, que eran sólo marinas, especialmente a ammonites, trilobites, gasterópodos y peces, pero, inmediatamente, a principios del Carbonífero la tierra estaba poblada por una enorme variedad de invertebrados: arañas, escorpiones, caracoles y gusanos, y también los primeros anfibios y reptiles. Las plantas gimnospermas se diversificaron y aumentaron de tamaño. (Para una detallada revisión de la evolución de las plantas, véase «Botánica y evolución», en este monográfico). El Pérmico, y con él la era Paleozóica, terminó con una gran extinción que eliminó a más del 95% de las especies animales. Pero el Triásico comenzó con una espectacular «radiación» de los reptiles y la aparición de nuevas formas de vida marina, como los corales exacoralarios y las ostras, pero especialmente espectacular fue la aparición de las tortugas, con las que aparece un Orden nuevo

de reptiles, los Quelonios, como saben los especialistas, sin el menor rastro de formas intermedias. El final del Triásico contempló dos grandes extinciones separadas por unos 26 millones de años. La primera, aniquiló a la mayor parte de los reptiles terrestres, cuyos pocos supervivientes fueron el origen de la «radiación» de los dinosaurios. La segunda, que señala el inicio del Jurásico, afectó especialmente a la fauna marina, pero dio paso a los pequeños mamíferos. El Cretácico, que comenzó con una nueva extinción que afectó a algunas familias de dinosaurios, invertebrados marinos y plantas gimnospermas, y que también vio aparecer repentinamente a las angiospermas, finalizó con la, ya famosa extinción masiva (que, en términos absolutos, fue menor que muchas otras anteriores), que acabó con los dinosaurios y, con ellos, el Mesozoico. En un período no mayor de cinco millones de años (Kemp, 99), aparecieron los diversos géneros y familias (y algunos más) de los mamíferos actuales.

En conjunto, a gran escala, se puede observar, para los grandes taxones, un proceso que tiene muy poco que ver con la imagen arborescente tradicional. Pero este fenómeno también se manifiesta para los taxones de nivel inferior. Ya en 1983, Williamson realizó un magnífico estudio sobre moluscos fósiles en el lago Turkana, en África oriental. Es uno de los casos con archivos más completos que documentan ininterrumpidamente millones de años de evolución. El estudio de numerosas especies permitió comprobar la existencia de largos períodos de continuidad interrumpidos por apariciones repentinas de nuevas especies. Los fósiles se estratificaban ordenadamente, pero sin fases intermedias. Naturalmente, su trabajo fue duramente criticado por los defensores de la ortodoxia. Pero, mas recientemente, Kerr (95), intentó comprobar la especiación gradual en un registro fósil de briozoos que representaba, sin solución de continuidad, más de diez millones de años. Lo que encontró fue exactamente lo contrario: las nuevas especies surgían repentinamente y coexistían con sus predecesoras.

En definitiva, los estudios que permiten una buena documentación fósil revelan fenómenos que se ajustan a la «Teoría de los equilibrios puntuados» propuesta, en 1972 por Eldredge y Gould. (Aquí, quizás sea conveniente «puntualizar» que no es en realidad una teoría sino, dentro de la ya larga tradición de la Biología, una descripción): Las especies aparecen en el registro fósil con una apariencia muy similar a cuando desaparecen. Tras períodos de *estasis*, que pueden durar desde uno a diez millones de años, son sustituidas por una o varias especies hijas que siguen el mismo patrón. Éstas no surgen gradualmente, sino que aparecen de una vez y plenamente formadas. Y esto se ha podido constatar sistemáticamente en estudios a gran escala. (Jackson, 94; Prokoph et al., 00).

La tradicional excusa de «la imperfección del registro fósil» para justificar la ausencia de formas transicionales (que, por otra parte, deberían ser mucho más numerosas que las teóricas «formas finales») se ha quedado sin fundamento. Dos recientes trabajos (Foote & Sepkoski, 99; Benton et al., 00), en los que se analiza exhaustivamente el abundante registro fósil con el que contamos en la actualidad, han llegado a la conclusión de que, si bien no es (obviamente) completo, sí da una información adecuada. «La estabilidad de largos intervalos de tiempo, y grandes categorías taxonómicas reflejan un adecuado (si bien incompleto) registro fósil»... «Las más antiguas partes del registro fósil son claramente incompletas, pero pueden ser consideradas como adecuadas para ilustrar los amplios patrones de la historia de la vida». (Benton et al.,00). «Esas medidas son, no obstante, altamente correlacionadas, con significados bastante explicables, y encontramos que la completación del registro fósil es bastante alta para muchos grupos animales». (Foote & Sepkoski, 99)

En cuanto a las causas de las extinciones, ya hace tiempo que existen datos que permiten trabajar sobre hechos comprobables. En 1986, Sepkoski y Raup, en un amplio estudio sobre 567 familias de organismos marinos, comprobaron que en los últimos 250 millones de años se han producido extinciones de distintas magnitudes, aproximadamente, cada 26 millones de años. Rampino y Stotherd (84), habían estimado la periodicidad en 30 ± 1 millones de años. Estos fenómenos requieren de algún agente causal desencadenante de algún tipo de crisis ecológica. Pues bien; también existen datos sobre dicho desencadenante: caídas periódicas de meteoritos de tamaño variable. La datación de cráteres de impacto como el de Maniconagan en Canadá, de un diámetro de cerca de 70 km, correspondiente a un asteroide de no menos de 10 km de diámetro, caído hace unos 210 millones de años (final del Triásico), o el de Popigai, en Siberia, de más de 100 km de diámetro y datado en 40 millones de años, o el mas conocido, que marcó el final del Cretácico y que dejó su huella en el Golfo de Méjico, no serían mas que los indicios mas visibles de un fenómeno recurrente y periódico: lluvias de meteoritos de diferentes tamaños producidas por la desestabilización gravitacional de los asteroides situados en la llamada «Nube de Oort», en la periferia del sistema solar. El motivo de esta caídas es, para Rampino y Stoterd, el resultado del movimiento oscilatorio del sistema solar alrededor de la galaxia que, con una periodicidad de, aproximadamente, 67 millones de años, atraviesa el plano galáctico cada 33+3 millones de años. (Hipótesis compartida por Scwartz y James, (84). Para Raup y Sepkoski, la responsable sería una supuesta estrella enana asociada con el Sol en una órbita excéntrica que atravesaría la Nube de Oort, hipótesis apoyada por Whitmire y Jackson,

(84), y Davis, Hut y Muller (84). La causa de la periodicidad todavía está en discusión, pero los resultados, es decir, las extinciones periódicas y las dataciones de las huellas de los asteroides ya no son discutibles. Naturalmente, los impactos no tendrían porqué ser siempre de la misma dimensión, y muchos tendrán sus huellas ocultas por la vegetación o la erosión. Lo que sí parece totalmente comprobado es que los casos de grandes caídas han tenido consecuencias catastróficas para los ecosistemas terrestres y marinos.

A esto hay que añadir otro fenómeno, al parecer más irregular, pero también sistemático: las inversiones de los polos magnéticos terrestres, que se producen de modo irregular dos o tres veces cada millón de años, por causas, por el momento desconocidas. El campo magnético, que protege a la Tierra de las peligrosas radiaciones procedentes del Sol, pierde ese efecto protector durante la inversión, ya que la Magnetosfera (cinturones de Van Allen) se debilita o desaparece, con lo que la Tierra es sometida a un intenso bombardeo de radiaciones.

No se ha comprobado si las inversiones han coincidido siempre con caídas de meteoritos, pero sí se sabe que ocurrió con la que marcó el final del Cretácico, y el origen de los géneros y familias actuales de mamíferos (Erickson,92). El escenario de ésta aparición excede nuestra capacidad de imaginación: A las catastróficas consecuencias ecológicas del impacto del enorme meteorito, se sumó un drástico descenso de temperatura y un violento bombardeo de radiaciones. El resultado lo describía así el famoso paleontólogo George Gaylord Simpson en 1957, mucho antes de que se conocieran estos datos: «El más asombroso acontecimiento en la historia de la vida sobre la Tierra (una vez más), es el cambio que ocurrió del Mesozoico, edad de los reptiles, a la edad de los mamíferos. Parece como si el telón hubiese caído repentinamente sobre un escenario en el que todos los papeles habían sido desempeñados por los reptiles, especialmente los dinosaurios, en un número enorme y con una variedad sorprendente, y se hubiese vuelto a levantar inmediatamente para poner de manifiesto idéntica escenografía, pero con un reparto enteramente distinto». (Simpson et al., 57).

La forma en que se tuvo que producir este brusco cambio en el escenario de la vida es tan difícil de «visualizar», que nuestra cultura carece de metáforas para describirla. Pero, desde luego, está claro que toda la gama de morfologías y de nichos ecológicos no se pudo completar, en cinco millones de años, mediante sucesivas especiaciones, y menos si éstas siguen la pauta del equilibrio puntuado (ver Sandín, 97), a partir de unos pequeños mamíferos «de tipo insectívoro» que, según está constatado (Archibald et al., 01), fueron los únicos que sobrevivieron a la extinción.

Según estos últimos autores: «La subsecuente diversificación de Órdenes placentarios vivientes entre aquellos grupos superordinales placentarios del Cretácico tardío, no comenzó hasta hace sobre 65 millones de años, después de la extinción de los Dinosaurios».

El problema se complica con el hecho de que esta enorme explosión de diversidad, desde murciélagos hasta ballenas, se produjo en un entorno prácticamente vacío, lo que para S.J. Gould (85), significa que: «Si la mayor parte del tiempo se consume en períodos de recuperación, los modelos competitivos se vienen abajo /.../ «Sospecho que necesitamos una perspectiva vuelta del revés». Pero aún se puede complicar más mediante datos recientes: Dos estudios moleculares independientes (Madson et al., 01 y Murphy et al., 01) realizados sobre 64 especies de mamíferos, utilizando distintos segmentos cromosómicos arrojan unos idénticos y sorprendentes resultados que, según Henry Gee (Nature, 2001), «rompen los antiguos árboles filogenéticos»: Los resultados los agrupan en: Afrotheria (mamíferos de origen africano), Laurasiatheria (eurasiáticos), Xenartra (mamíferos de Centro y Sudamérica) y Euarchonta (primates jy roedores!). Según Madsen et al., «Han ocurrido radiaciones adaptativas paralalelas dentro de Laurasiatheria y Afrotheria. En cada grupo, hay formas acuáticas, unguladas y tipo insectívoro». (Si las llamadas «radiaciones adaptativas» resultan poco menos que un milagro desde la perspectiva del cambio gradual y al azar, la repetición del proceso en paralelo no tiene denominación. Pero dentro de nuestros argumentos, y según qué tipos de genes hayan usado en sus estudios, da mucho que pensar). No obstante, todo tiene explicación (desmentida por el trabajo antes citado): «Estimamos que Afrotheria y Laurasiatheria divergieron durante el Cretácico temprano, hace unos 111-118 millones de años». Este recurso a alargar la historia también lo necesitan los expertos en la evolución de tortugas, aves, murciélagos, ballenas... Lo cierto, es que debe de existir algún fenómeno biológico que justifique, tanto la rápida aparición, como estos «paralelismos» y «convergencias». De hecho, estos autores reconocen otro extraño (y difusamente explicado por la teoría convencional) fenómeno. «Placentarios y marsupiales sufrieron radiaciones adaptativas paralelas que resultaron en espectaculares casos de convergencia». En efecto, las morfologías «ardilla voladora marsupial», «jerbo marsupial», «lobo marsupial»... son «espectaculares», porque la distancia filogenética con sus correspondientes placentarios es mucho mayor que la que hay entre un murciélago y una ballena.

Todos estos hechos requieren la existencia de algún fenómeno material, es decir, susceptible de ser comprobado, y que sea capaz de explicarlos. Y ya sabemos que esos fenómenos existen: Ronshaugen et al.,

(02), han comprobado que la transición morfológica producida hace 400 millones de años «cuando los insectos exápodos divergieron de antecesores artrópodos tipo crustáceo con múltiples patas», está producida por la supresión de extremidades torácicas durante la embriogénesis por medio de proteínas reguladoras Hox. «Estudios previos nos llevan a proponer que la ganancia o pérdida de activación transcripcional y funciones de represión en proteínas Hox, ha sido un mecanismo plausible de diversificación morfológica durante la evolución animal». Aunque este fenómeno es denominado por los autores «mutación», lo cierto es que se trata de una reorganización genómica con «ganancia o pérdida» de activación, con un resultado concreto y viable que, por cierto, seguramente no afectaría sólo al número de extremidades.

Es decir, existen datos científicos que nos informan de que las remodelaciones bruscas se pueden producir (se tienen que producir) mediante cambios en la embriogénesis que afectan a un conjunto de órganos (Ver, además Kondo et al., 97 «On fingers toes and penises»). El problema que resta es: ¿En un solo individuo?. También tenemos datos materiales que permiten responder a esta pregunta: Sabemos que, tanto los elementos móviles como los virus endógenos se activan bajo condiciones de estrés ambiental, que pueden ser desde radiaciones ultravioleta hasta falta de nutrientes (Genome directory, 00; Grandbastien, 98; Gauntt y Tracy, 95). También sabemos que, tanto los virus endógenos, como ciertos elementos móviles, pueden reconstruir su cápsida e infectar otros individuos (Ter-Grigorov, 97; Kim et al., 94). Y también, que hay retrovirus cuyas proteínas (es decir, no «capturadas») están implicadas directamente en el control de la proliferación celular en el desarrollo embrionario de distintos tejidos y órganos (Dnig y Lipshitz, 94; Boyer, 99) y en la aparición de nuevas funciones interrelacionadas, de imposible adquisición a partir del material genético previamente existente (Sandín, 95), como es la placentación (Sha Mi et al., 00). En definitiva, tenemos datos materiales, no especulaciones, asunciones o creencias, que nos permitirán, antes o después, comprender estos fenómenos que, para cada especialista son excepcionales.

Pero, para ello, habrá que asumir que serán mas difíciles de «visualizar» que las variaciones de los animales domésticos. Porque también tenemos datos que indican que, necesariamente, estas grandes remodelaciones afectan simultáneamente a ecosistemas enteros, que es lo que nos indican esas misteriosas «radiaciones adaptativas paralelas», y lo que Niles Eldredge (97) encuentra realmente en el registro fósil: «Tanto las entidades ecológicas y genealógicas como los eventos y procesos están implicados en el proceso de la evolución. Todas las entidades parecen ser

individuos estables. Están jerárquicamente ordenadas. Existen procesos intrínsecos a cada nivel que no son reducibles a niveles más bajos (o subsumidos por los niveles más altos)». Es decir, lo que nos muestra el registro fósil es que la propia complejidad y dinámica de los ecosistemas implica, necesariamente, un cambio en conjunto (lo que se conoce como un fenómeno ocasional: la coevolución). Y esto es así, tanto para las extinciones como para las recuperaciones (Scheffer et al., 01).

En conclusión, disponemos de datos, estamos comenzando a disponer de modelos conceptuales susceptibles de acercarnos, cada vez más, a la inimaginable complejidad de los fenómenos biológicos, pero carecemos de metáforas para describirlos, porque quizás no se parezcan a nada que conozcamos.

## 8. Sobre evolución y adaptación

Llegados a este punto, quizás sea conveniente discutir otro legado del vocabulario de la vieja Biología: el concepto o, más bien, la confusión, de adaptación igual a evolución. El cambio de un medio al que una organización morfológica y fisiológica está perfectamente adaptada a otro al que no lo está, por ejemplo de medio acuático a medio terrestre, o de éste al vuelo, implica unas amplias y simultáneas remodelaciones en caracteres que son interdependientes (Sandín, 95), es decir, la condición tetrápodo no es una adaptación progresiva y al azar al medio terrestre (Véase Kondo et al., 97) al igual que el vuelo, que ha surgido en insectos, reptiles, aves y mamíferos, no es una «adaptación aleatoria al aire», porque igual que existe un complejo Hox que significa «extremidades de tetrápodo» existe otro que significa «alas». En este contexto las «mutaciones clásicas en las regiones que codifican para proteínas deben haber sido de escasa relevancia inmediata para la evolución morfológica» (García Bellido, 99). La adaptación tiene un sentido real totalmente opuesto a la evolución (Young, 73). En realidad, lo que significa es un aferramiento al medio, un ajuste (a veces tan sutil y tan perfecto que los mismos darwinistas usan con frecuencia terminología lamarckiana para describirlos), en todo caso posterior, tras la remodelación evolutiva. ¿Habremos encontrado un lugar (aunque sea secundario) para las «mutaciones al azar»? Desgraciadamente para los defensores del «chapucero» azar, parece que tampoco. Como saben los biólogos celulares, las proteínas funcionales no son combinaciones cualesquiera de aminoácidos, y no parece razonable pensar que sus propiedades, y sus interacciones en la célula sean el resultado de reacciones químicas establecidas al azar que puedan ser cambiadas o sustituidas por otras proteínas surgidas por error. Pero sí existe otro mecanismo de adaptación (de repuesta al ambiente) inherente a la interacción ADN-ARN-proteínas: «En eucariotas, los eventos de procesamiento de ARN, incluyendo splicing alternativo y edición de ARN pueden generar muchos mensajes diferentes de un gen simple, y como consecuencia, el pool de ARN, al que nos referimos como el «ribotipo» tendrá diferente contenido de información del genotipo y puede variar según cambien las circunstancias» (Herbert v Rich, 99). Posteriormente, mediante retrotranscripción por la transcriptasa inversa (cuyo origen ya nos puede resultar menos misterioso que a la Genética tradicional), esta nueva información es integrada en el genoma en forma de los llamados retrogenes y retropseudogenes, cuyas funciones reguladoras han sido constatadas (Brosius, 99). Las «mutaciones epigenéticas» como fuente de variación genotípica de respuesta al ambiente, han sido ampliamente documentadas (Jablonka y Lamb, 95; Whitelaw y Martin, 01). Lo que no ha podido ser constatado experimentalmente es la forma en que estas «mutaciones» somáticas pueden llegar a la línea germinal. Pero va hace tiempo (20 años) que Edward Steele («Somatic Selection and Adaptative Evolution», 1979) está proponiendo un mecanismo que explique la «herencia de la memoria inmunitaria»: El sistema inmunitario, cuyo mecanismo de producción de diferentes módulos de anticuerpos combinables para responder a nuevas y distintas moléculas ya es un claro indicio de una predisposición, de una capacidad de reacción ante algo nuevo, es explicado convencionalmente como una generación aleatoria en que la selección natural «decide» cual es el adecuado, lo que, teniendo en cuenta la clara especificidad antigénica, equivale a explicar, por medio de las queridas metáforas, que para la instalación del sistema de agua corriente en la construcción de una casa, la elección de un fontanero entre electricistas, carpinteros y albañiles la realiza la selección natural (¡naturalmente!). Lo cierto es que la constatable herencia de esta respuesta requiere de un «vehículo» capaz de transportar la información genética de la línea somática (linfocitos) a la germinal. Para Steele (98), los abundantes retrovirus endógenos producidos por los linfocitos, cuando son estimulados por contacto con antígenos, actuarían de «lanzaderas de genes» transportando las regiones V «mutadas» a las células germinales, opinión compartida por otros autores (Barth, Baltimor y Weissman, 94). Pero el proceso, seguramente, va más allá. Si tenemos en cuenta el origen de los genomas y qué elementos están implicados en la retrotransposición, lo que transportarían los retrovirus no serían genes «capturados», sino su propia secuencia de genes (Sandín, 95, 98,). Esto explicaría el porqué en ratones sometidos a estrés inmunitario, sus linfocitos «emiten partículas retrovirales «like-AIDS» con capacidad de infección, tanto vertical como horizontal» (Ter-Grigorov et al. 97).

Evidentemente, los sucesos de transmisión de mutaciones epigenéticas desde la vía somática a la germinal como mecanismo de adaptación no deben ser muy habituales, pero el hecho de que existan en la segunda un considerable número de retrogenes y retropseudogenes activos (Brosius, 99), indica claramente que ha ocurrido. Y este proceso sería tanto más plausible si fueran retrotransposones con su capacidad de respuesta al ambiente los directamente implicados en las mutaciones epigenéticas (Whitelaw y Martin, 2001), en casos de disturbios ecológicos, o de una presión ambiental nueva, «... porque cualesquiera que puedan ser las circunstancias, no operan directamente sobre la forma y sobre la organización de los animales ninguna modificación. Pero grandes cambios en las circunstancias producen en los animales grandes cambios en sus necesidades, y tales cambios en ellos los producen necesariamente en las acciones. Luego, si las nuevas necesidades llegan a ser constantes o muy duraderas, los animales adquieren entonces nuevos hábitos, que son tan durables como las necesidades que los han hecho nacer» (Lamarck, J. B., 1809).

## Un largo camino por recorrer

«La teoría de la evolución por selección natural es tan simple y, aparentemente, tan convincente que, una vez que la has asumido, te sientes en posesión de una verdad universal». Esta frase de B.Goodwin (99) en su libro «Las manchas del leopardo», una lúcida crítica a las simplificaciones del darwinismo, es una muy buena descripción del curioso mecanismo psicológico que hace que una supuesta explicación (en realidad una especulación) sobre cómo han tenido que ocurrir los hechos se haya convertido en un dogma. No importa que no sea coherente con los datos, es decir, no con algunos datos, sino con todos los datos fundamentales que tenemos sobre la evolución (porque es contradictoria con lo que nos revela el registro fósil, la embriología, la genética molecular, la bioquímica...). «Sabemos» cómo ha tenido que ser, lo cual satisface nuestra vanidad intelectual (y, posiblemente, mitiga nuestros temores).

La ventaja práctica de las creencias sobre las teorías científicas es que no son susceptibles (ni lo necesitan) a la contrastación. No son sucesos repetibles ni sometibles al «criterio de falsación». Y el darwinismo no es una teoría, porque es un relato de sucesos al azar. Una narración contingente en la que caben todos los datos o fenómenos, incluidos los ex-

cepcionales, porque es evidente que finalmente los individuos que sobreviven es porque son los «más aptos», es decir, los capaces de sobrevivir.

Parece que los biólogos tenemos un largo camino por delante hasta que consigamos desprendernos del lastre que constituyen los viejos conceptos (o prejuicios) que conforman una visión de la vida basada en una competencia sin fin, donde no hay sitio para los perdedores. Pero no va a ser fácil, dado el profundo arraigo de esta forma de pensamiento que se ha impuesto, prácticamente, en todos los ámbitos de la actividad humana de los países llamados «civilizados». El darwinismo se nos inculca en nuestra formación. Desde la escuela, los conceptos darwinistas forman parte del vocabulario de la Biología, y la evolución significa cambio al azar dirigido por la implacable selección natural. Los evolucionistas previos a Darwin, incluida la sólida escuela francesa, no existieron. Simplemente, evolución es darwinismo. Pero también está sustentado por unas profundas raíces culturales: tanto «El origen de las especies por Selección Natural o el mantenimiento de las razas favorecidas en la lucha por la existencia» como «El origen del hombre y su variación, en relación con el sexo» son un claro reflejo de la visión victoriana del mundo del siglo XIX (Sandín 00). B.Goodwin (99) en su crítica al darwinismo desde su propio contexto cultural, pone de manifiesto, de un modo difícilmente discutible, el marcado paralelismo entre sus conceptos centrales y los valores calvinistas, que por otra parte, como expuso Max Weber («La ética protestante y el espíritu del capitalismo») están en las raíces del modelo económico y social del libre mercado y la libre competencia que se ha impuesto en el mundo. Como todos sabemos, sin competencia no hay «progreso». Con estos axiomas, se nos bombardea sistemáticamente desde los medios de comunicación, tanto en las informaciones-explicaciones sobre la evolución del mercado, como en las noticias y documentales científicos, en los que las autoridades científicas y los divulgadores «reconocidos», es decir, ortodoxos, y por tanto darwinistas, tienen un importante papel. Y las explicaciones darwinistas son, dentro de todo este contexto, muy fáciles de asumir.

En el ámbito académico todos estos condicionantes se acentúan, porque a este entorno social, en el que los científicos forzosamente están inmersos, se añade un «adiestramiento» (Feyerabend, 89) en la visión darwinista de la naturaleza y cualquier intento de crítica al darwinismo ( y no hablemos de propuestas alternativas) es acogido con auténtica indignación. El mandato de la UNESCO y el Consejo Internacional para la Ciencia (99) según el cual: «El pensamiento científico consiste, esencialmente, en saber examinar los problemas desde diferentes ángulos, y en investigar las explicaciones de los fenómenos naturales y esenciales, some-

tiéndolos constantemente a un análisis crítico», no resulta fácil de seguir, al menos por el momento, en las facultades de Biología.

Por todo ello, los argumentos, y las conclusiones (naturalmente, provisionales) derivadas de ellos, que siguen a continuación no cuentan probablemente con un sustrato propenso a una acogida favorable. Precisamente por ello, esta falta de expectativas hace posible tomarse la libertad de someterlas a la valoración del lector, por si alguna de ellas, en algún momento, pudiera resultar digna de consideración.

La rápida aparición de la vida sobre la Tierra en forma de bacterias con sus prodigiosas capacidades de supervivencia, en unas condiciones ambientales totalmente incompatibles con la vida tal como la conocemos, hace absurda la extrapolación de un supuesto mecanismo evolutivo basado en la observación de organismos y procesos biológicos actuales a unas condiciones en las que estos organismos y estos procesos no podrían existir. La supuesta evolución gradual, individual y al azar de la enorme complejidad y de las especiales y distintivas características de los «Reinos» Archaea y Eubacteria en un corto tiempo a partir de un supuesto «Último antecesor común universal» (LUCA) es una construcción artificial que responde a la necesidad de atribuir al origen de la vida un carácter único y aleatorio. Las capacidades de las bacterias, su clara disposición para vivir en condiciones muy extremas y muy concretas, y los complicados mecanismos biológicos necesarios para ello, hacen inverosímil la calificación de «procesos químicos aparecidos por mutaciones al azar».

<u>Primera conclusión</u>: La vida es un fenómeno inherente al universo. No es un fenómeno aleatorio y único y es capaz de prosperar donde las condiciones sean adecuadas.

En cuanto a la «aparición» del Reino Eucariota, cuyo origen, que se puede admitir como demostrado, es totalmente incompatible con el mecanismo evolutivo convencional, los datos de que disponemos nos informan de la extremada conservación de los procesos biológicos fundamentales. Si los cambios genéticos fueran aleatorios, los organismos actuales tendrían muy poco que ver genéticamente con los primeros seres vivos que habitaron la Tierra. Lo mismo se puede deducir de los procesos implicados en la «Explosión del Cámbrico». El hecho de que los sistemas genes/proteínas responsables de la generación de tejidos y órganos estén «conservados desde el origen» y que la misma secuencia genética que hace 550 millones de años era responsable del desarrollo de los ojos de artrópodos sea la que dirige la formación de nuestros ojos tan diferentes, implica que su significado va más allá de su traducción en términos biológicos. Implica que contienen **el concepto** ojo (o extremidades, o alas...).

La responsabilidad de los transposones en las inserciones y delecciones y de los retrotransposones en las duplicaciones, éstas últimas causantes de las secuencias repetidas en tándem que constituyen las secuencias Hox, y su, ya evidente, origen viral, nos dirige, inevitablemente a los virus (también de origen desconocido) como el «cuarto dominio» capaz de aportar los genes coordinadores del desarrollo embrionario. Esta hipótesis (Sandín, 95, 97, 98) cada día más reforzada por los descubrimientos de secuencias virales en distintos procesos embrionarios y fisiológicos normales, implica que la información genética contenida en los virus también tendría un contenido biológico concreto y específico, es decir, un significado.

Segunda conclusión: El lenguaje de la vida es preciso y definido. Es decir, no es el resultado más o menos aleatorio de interacciones moleculares que pudieran tener otros componentes, sino que tienen unas propiedades concretas derivadas de las de sus especialísimas unidades constitutivas. En otras palabras: la vida sólo puede ser como es, tanto en sus limitaciones como en su creatividad.

La forma en que ha evolucionado la vida (es decir, no los procesos microevolutivos o demográficos) deriva forzosamente de estas características. Las bruscas remodelaciones morfológicas que nos revela el registro fósil y las adquisiciones de nuevas morfologías o capacidades sólo pueden ser explicadas bajo el prisma de la actuación integrada de estos sistemas con contenido biológico concreto. Dada la extremada conservación del funcionamiento de todos los procesos biológicos, y su estrecha interdependencia en los organismos, resulta absurdo pensar que las mutaciones (desorganizaciones) «aleatorias» sean la fuente de estas complicadas remodelaciones que afectan a todo el organismo. Igualmente, las sofisticadas adaptaciones posteriores a las grandes remodelaciones, difícilmente se pueden atribuir a «errores» de la compleja maquinaria genética, sino a la plasticidad de los genomas y a la capacidad de la respuesta la ambiente, no aleatoria, de sus unidades constituyentes (ADN, ARN y proteínas). La evolución (el cambio de organización) pues, se produce por Integración de Sistemas Complejos (Sandín, 97), que se organizan en sistemas de mayor complejidad. Es decir, es un fenómeno de cooperación entre distintas unidades, de modo que el todo es más que la suma de sus partes, característica que se puede aplicar a todos los fenómenos biológicos, desde la célula a los tejidos y órganos, desde los individuos a los ecosistemas, desde la Tierra al Universo.

<u>Tercera conclusión</u>: La tendencia a una mayor complejidad es inherente a la vida. Su constitución en unidades que forman sistemas complejos con demostrada capacidad para integrarse en sistemas con

nuevas propiedades, revela una tendencia (la denostada concepción teleológica) hacia una mayor complejidad, de la que el cerebro humano es (por el momento) su máximo exponente.

Estas reorganizaciones, tanto genéticas, como orgánicas, como ecológicas, no son ni graduales ni aleatorias, como se deriva de la observación del registro fósil y de sus propiedades como sistemas determinados estructuralmente. Es decir, el cambio, producido necesariamente durante la morfogénesis, ha de ser brusco, lo que requiere que se produzca simultáneamente en un número suficiente de individuos para hacer posible su reproducción.

<u>Cuarta conclusión</u>: **Habría que replantearse, incluso, la aplicación del término** «**evolución**» **para designar este cambio**. En efecto, el significado de «evolución» es «*Acción de desarrollarse o de transformarse las cosas pasando gradualmente de un estado a otro*». A la luz de los datos existentes, el término *Transformación* empleado por Lamarck describe mas adecuadamente el proceso de cambio orgánico.

Es posible que tanto los argumentos como las conclusiones aquí expuestas puedan resultar interpretaciones parcial o totalmente erróneas (para muchos, seguro que descabelladas). Los fenómenos que conforman la vida son de tan abrumadora complejidad que desbordan nuestra capacidad de análisis, mediante los esquemas lineales y reduccionistas a que estamos acostumbrados los biólogos. Tal vez (como sugiere Philip Ball) tengamos que recurrir a conceptos desarrollados en otras disciplinas científicas; a teorías de sistemas, a procesos no lineales, redes de información... Pero sin perder de vista las especiales características de estos sistemas vivos capaces de reproducirse y de interactuar con otros, es decir, cuidando de que las interpretaciones no se conviertan, de nuevo, en metáforas.

En cualquier caso, parece claro que a la nueva Biología le queda un largo camino por recorrer. Los recientes descubrimientos han sacado a la luz nuestra enorme ignorancia sobre los procesos biológicos más básicos. Los avances en el estudio del Proteoma están poniendo de manifiesto fenómenos que desbordan las previsiones más pesimistas, porque ponen en evidencia lo lejos que estamos de entender los mecanismos de control de la mayoría de las funciones celulares. Dos numerosos equipos (Gavin, A. C. et al, 02 y Ho, Y. et al. 02) están estudiando los patrones de interacción entre las proteínas celulares y han encontrado que alrededor del 85% de las proteínas se asocian con otras para realizar sus funciones, en un número de al menos 96 «asociadas». Cada combinación determina sus estructuras y funciones características (esta capacidad de combinación es seguramente la causa de la confusión en las estimaciones del número de proteínas celula-

res, que según las fuentes, pueden variar entre más de 30.000 y 250.000). Según los autores «La célula está organizada en una forma para la que no estamos preparados». El modo «tradicional» de trabajar consistía en la identificación de las proteínas y la determinación de sus interacciones una a una. El utilizado aquí consiste en el uso de marcadores que permiten aislar los complejos, e identificar a sus miembros por espectrometría de masas. «Pero el método todavía arroja falsas interacciones». Los investigadores intentan conseguir descifrar las reglas que gobiernan las interacciones entre proteínas (si las hay), pero reconocen que el proceso «desafía la imaginación» (H. Pearson, Nature Science Update 12-1-2002).

Pero esto es solamente una parte del trabajo. Queda por descifrar completamente el genoma (incluida la función del llamado ADN «basura» y la identificación y caracterización de los elementos móviles y virus endógenos) y el transcriptoma (conjunto de ARNm que una célula produce en un momento dado), las interacciones entre todos ellos y, sobre todo, la influencia del ambiente en estas interacciones.

Lo que sí resulta cada día más claro, a medida que mejoran los métodos de estudio es que la arraigada concepción reduccionista y lineal de los procesos y fenómenos biológicos, heredada de la suma de simplificaciones darwinista-mendeliana, no es sólo una visión parcial. Ni siquiera vacía (en terminología de H. Gee), sino una auténtica deformación constituida por medias verdades (que, a menudo, son más engañosas que las mentiras) e interpretaciones antropocentristas (para ser más exactos, etnocentristas), cuyo mismo vocabulario no es más que una proyección de unos determinados valores o prejuicios culturales y sociales sobre los procesos naturales, que, insisto, lleva a convertir fenómenos ocasionales o intrascendentes en fundamentales.

En el primer aspecto, muchas de las observaciones (en realidad interpretaciones) indirectas de resultados finales o de pasos intermedios «detenidos» para su observación o realizadas en condiciones artificiales, han mostrado que ocultaban una complejidad y una plasticidad en sus condiciones naturales que «desafían la imaginación», pero sobre todo nuestras más sólidas convicciones: El ADN no es autorreplicable\_en sí mismo. Sólo lo puede hacer mediante las complejas interacciones de, a su vez, complejísimas y muy específicas proteínas. No existe una relación simple entre el «mensaje» codificado en el ADN y los productos derivados de él, porque el proceso de «edición de ARN» introduce un importante factor dependiente del contexto ambiental en el sentido más amplio. Tampoco contiene la capacidad de su propia interpretación, especialmente a la hora de construir un organismo, porque esta capacidad está integrada en el citoplasma del huevo fertilizado.

En cuanto al segundo aspecto, la concepción individualista de los fenómenos biológicos, en la que todos compiten contra todos (las moléculas, los genes, los individuos, los grupos o las poblaciones) en una «carrera armamentística» sin fin, en la que el resultado es el triunfo de los «más aptos» seleccionados entre los perdedores por el implacable ambiente, se ha revelado como una pobre caricatura de un determinado modo de ver la sociedad humana. Tanto la vida como su historia, se desarrolla en un contexto ecológico, lo que implica que la supuesta «evolución» de una especie es, en realidad, «coevolución», porque hasta en el más elemental (que no simple) proceso de los sistemas vivientes, desde la actividad celular y la diferenciación de tejidos, hasta las relaciones entre los organismos, poblaciones o ecosistemas, están involucradas complejas redes de procesamiento y comunicación de información y una estrecha (e imprescindible) interdependencia, en el más estricto y material sentido, en el que están relacionados tanto factores bióticos como abióticos, que, en definitiva, disuelven la frontera organismo-entorno.

Los nuevos datos están descubriendo una Naturaleza que resulta de unas características y un significado radicalmente opuestos a los de la vieja Biología: de cooperación frente a competencia, de comunidades (sistemas) frente a individuos, de integración en el ambiente frente a lucha contra él, de procesos explicables científicamente frente al absurdo azar sin sentido. Desde luego son, posiblemente, interpretaciones difíciles de compaginar con los valores dominantes (que parafraseando a Bertoldt Bretch, suelen ser los valores de los que dominan), y requieren unos métodos de análisis y unos conceptos más complejos que los heredados de la rancia e hipócrita visión malthusiana de «la lucha por la vida», concebida desde la óptica de los vencedores. Pero están basadas en observaciones y conceptos científicos, no en convicciones o metáforas, y cuentan, en la actualidad, con una creciente aportación de nuevos enfoques desde la perspectiva de la complejidad y fenómenos no lineales, provenientes de disciplinas cuyas bases teóricas han profundizado en la descripción y la comprensión de los fenómenos naturales hasta un extremo inconcebible para la mentalidad social (incluso científica) del siglo XIX, en las que permanece anclada la base de la Biología.

Científicos como Ilya Prigogine, Stuart Kauffmann, Varela y Maturana, L. Margullis, M. Behe o B. Goodwin, están mostrando desde distintos campos de estudio, la manifiesta incompatibilidad de los procesos químicos, físicos, genéticos, matemáticos, bioquímicos o ecológicos, con la visión reduccionista y lineal de la vieja Biología. La puesta en común, la integración de estas diferentes perspectivas puede conseguir, finalmente, dotar a la Nueva Biología de una base teórica realmente científica. Será,

sin duda, una ardua tarea, como lo será la necesaria revisión de tantas interpretaciones admitidas como «verdades científicas» que figuran en los textos científicos y didácticos y que están basadas en observaciones, experimentos o modelos con poca (o ninguna) relación con su verdadero funcionamiento en la Naturaleza.

En definitiva, se trata, nada menos, que de rehacer la Biología. Pero, en este largo camino, parece necesaria una profunda reflexión sobre la necesidad de eliminar del vocabulario científico, de una vez por todas, los términos que, lo que contienen en realidad, son valores o prejuicios que están tan fuertemente arraigados en nuestro entorno social y cultural que resulta casi impensable otra posible explicación.

Tal vez sea imposible desligar totalmente las interpretaciones de la realidad del sustrato histórico, cultural y social del que proceden. Pero, si esto es así, también hay que considerar que unos determinados valores culturales pueden ser los dominantes en una época, pero nunca son los únicos. Afortunadamente, en todas las sociedades siempre han existido diferencias en la interpretación de la realidad, caracterizadas por distintas dosis de agudeza o de sensibilidad. En una misma cultura han dominado los valores de Adam Smith o Thomas Malthus, pero también han existido Oscar Wilde o Patrick Mathew. Han triunfado las tesis de Herbert Spencer, pero también han resistido pensadores como George Bernard Shaw: «El darwinismo proclamó que nuestra verdadera relación es de competidores y combatientes por la mera sobrevivencia, y que todo acto de compasión o lealtad al antiguo compañerismo es una vana y pícara alternativa para amenguar la severidad de la lucha y preservar variedades inferiores frente a los esfuerzos de la Naturaleza para extirparlas / ... / cuando se predicaba la doctrina neodarwiniana yo no intentaba ocultar mi desdén intelectual hacia su ciega tosquedad y su superficialidad lógica, ni mi natural aborrecimiento de lo que tiene de asqueantemente inhumana/ .../porque la selección natural carece de significación moral: trata de la parte de la evolución que carece de propósito y de inteligencia y a la que mejor se le podría llamar selección accidental y, aún mejor, Selección No Natural, pues nada hay menos natural que un accidente. Si se pudiera demostrar que todo el Universo es producto de una selección así, sólo los tontos y los granujas podrían soportar la vida».

AGRADECIMIENTOS: A mi colega María Sandín, por su desinteresada (¡y tanto!) colaboración. A. Félix Martínez, por su apoyo «a distancia» y, muy especialmente, a Juan; un verdadero amigo.

## Bibliografía

- ADAMI, Ch. OFRIA, Ch. y COLLIER, T. C. 2000. Evolution of biological complexity. PNAS, VOL. 97. N° 9, 4463-4468.
- ARAVIND, L. y Subramanian, G. 1999. Origin of multicellular eukariotes insights from proteome comparisons. Current Opinion in Genetics & Development, 9: 688-694.
- ARCHIBALD, J. D., AVERIANOV, A. O. y EKDALE, E. G. 2001. Late cretaceous relatives of rabbits, rodents, and other extant eutherian mammals. Nature, 414: 62-65.
- AUXOLABEHERE, D. 1992: L'elément transposable P en Drosophila melanogaster: Un transfer horizontal. C. R. Soc. Biol. 186: 641.
- AYALA, F. J. 1999. La teoría de la evolución. De Darwin a los últimos avances de la genética. Temas de hoy. Madrid.
- ARSUAGA, J. L. 2001. El enigma de la esfinge. Las causas, el curso y el propósito de la evolución. Plaza Janés. Barcelona.
- BALL, P. 2001. Ideas for a new biology. Nature science update. 12 Feb.
- BALL, P. 2001. La turbulenta infancia de la Tierra no impidió la aparición de la vida. Nature science update. 3 Oct. (Trad. El País).
- BARRENO, E. 1999. Russian biologists and the role of Symbiosis in Evolution. International Lichenological Newsletter. Vol. 32, N° 1.
- BENOIST, Ch. y MATHIS, D. 1997. Retrovirus as trigger, precipitator or marker?. Nature, Vol. 388: 833-834.
- Behe, M. J. 1999. La caja negra de Darwin. El reto de la bioquímica a la evolución. Editorial Andrés Bello. Barcelona.
- Benton, M. J. Wills, M. A. y Hitchin, R. 2000. Quality of the fossil record through time. Nature, 403: 535-537.
- BOYD, R. y SILK, J. B. 2001: Cómo evolucionaron los humanos. Ariel Ciencia. Barcelona.
- BOYER, T. et al., 1999. Mammalian Srb/Mediator complex is targeted by adenovirus E1A protein. Nature, 399: 276-279.
- Bromhan, L. 2002. The human zoo: endogenous retroviruses in the human genome. Trends in ecology & Evolution. Vol. 17 N° 2:91-97.
- BROSIUS, J. y GOULD, S. J. 1992. On «Genenomenclature»: a comprehensive (and respectful) taxonomy for pseudogenes and other «Junk DNA». PNAS, 89: 10706-10710.
- BROSIUS, J. 1999. RNAs from all categories generate retrosequences that may be exapted as novel genes or regulatory elements. Gene, 238: 115-134.
- CHYBA, C. F. y PHILLIPS, C. 2001. Possible ecosystems and the search for life on Europa. PNAS, 3: 801-804.
- CRICK, F. 1981: Life itself. Oxford University Press.
- DAVIS, M., HUT, P. y MULLER, R. A. 1984. Extinction of species by periodic comet showers. Nature, 308: 715-717.
- DAWKINS, R. 1993: El gen egoísta. Biblioteca Científica Salvat.
- DECLARACIÓN SOBRE LA CIENCIA Y LA UTILIZACIÓN DEL CONOCIMIENTO CIENTÍFICO (Conferencia Mundial sobre la Ciencia). 1999. Budapest. En Encuentros Multidisciplinares, Vol. I, Nº 2. 1999.
- De Duve, C. 1995. Vital dust. Life as a Cosmic Imperative. Basic Books. Harper Collins.
- DNIG, D. y LIPSHITZ, H. D. 1994. Spatially regulated expression of retrovirus-like transposons during Drosophila melanogaster embryogenesis. Genetical Research, 64: 3
- DOOLITTLE, W. F.2000. Nuevo árbol de la vida. Investigación y Ciencia. Abril. 26-32.

- ELDREDGE, N. y GOULD, S. J. 1972. Models in Paleobiology. T.J.M. Schopf (ed.) W.M. Freeman.
- ELDREDGE, N. 1997. Síntesis inacabada. Fondo de cultura económica. México.
- EPISKOPOU, V. et al. 2001. Induction of the mammalian node requires Arkadia function in the extraembrionic lineages. Nature, 410: 825-830.
- FEYERABEND, P. K. 1989. Contra el método. Ariel, Barcelona.
- FOOTE, M. y SEPKOSKI, J. J. 1999. Absolute measures of the completeness of the fossil record. Nature, 398: 415-417.
- FORTERRE, P. 2001. El origen del genoma. Mundo científico. Nº 219.
- FUHRMAN, J. A. 1999. Marine viruses and their biogeochemical and ecological effects. Nature, 399:541-548.
- GALEANO, E. 1998. Patas arriba. La escuela del mundo al revés. Siglo XXI de España Editores.
- GALITSKI, T. y ROTH, J. R. 1995. Evidence that F plasmid transfer replication underlies apparent adaptative mutation. Science, 268: 421-423.
- GARCÍA BELLIDO, A. 1999. Los genes del Cámbrico. Rev. R. Acad. Cienc. Exact. Fis. Nat. (Esp). Vol. 93, Nº 4: 511-528.
- GARCÍA et al., 1995 High copy number of highly similar mariner-like transposons in planarian (Platyhelminthe) evidence for a trans-phyla horizontal transfer. Molecular Biology and Evolution, 12: 3.
- GAUNT, Ch. y TRACY, S. 1995. Deficient diet evokes nasty heart virus. Nature Medicine, 1 (5): 405-406.
- GAVIN, A. C. et al., 2002. Functional organization of the yeast proteome by systematic analysis of protein complexes. Nature, 415: 141-147.
- GESTELAND, R. F. y ATKINS, J. F. 1993. The RNA World. Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- GEE, H. 2000. Of Goethe, genomes an how babies are made. Nature science update. 10 Feb.
- $\mbox{\rm Gee}, \mbox{\rm H.}\ 2001.$  Life but not as we know it. Nature science update.
- GEE, H. 2001. Evolution: Shaking the family tree. Nature science update. 1 Feb.
- GOODWIN, B. 1999. Las manchas del leopardo: La evolución de la complejidad. Tusquets. Barcelona.
- GOULD, S. J. 1985. La sonrisa del flamenco. H. Blume Editores. Madrid.
- GOULD, S. J. 1999. La grandeza de la vida. Crítica. Grigalbo Mondadori. Barcelona.
- GUPTA, R. S. 2000. The natural evolutionary relationships among prokaryotes. Crit. Rev. Microbiol. 26: 111-131.
- HERBERT, A. y RICH, A. 1999. RNA processing and the evolution of eukaryotes. Nature Genetics, Vol 21: 265-269.
- Ho, Y, et al., 2002. Systematic identification of protein complexes in Saccharomyces cerevisiae by mass spectrometry. Nature, 415: 180-183.
- Jablonka, E. y Lamb, M. J. 1995. Epigenetic Inheritance and Evolution. The Lamarckian Dimension. Oxford University Press.
- JACKSON, J. B. 1994. Constancy and change of life in the sea. Phil. Trans. R. Soc. Lond. B. 344: 55-60.
- KEMP, T. S. 1999. Fossils and Evolution. Oxford University Press.
- KERR, R. A. 1995. Did Darwin get it All Right? Science, 267: 1421.
- KIRSCHVINK, J. et al., 2000. Paleoproterozoic snowball Earth: Extreme climatic and geochemical global change and its biological consequences. PNAS, Vol. 97, N° 4: 1400-1405.

- KONDO, T. et al., 1997. On fingers, toes and penises. Nature, 390: 29.
- LIÑÁN, E. y GÁMEZ-VINTANED, J.A. 1999. La radiación cámbrica: ¿Explosión de biodiversidad o de fosilización?. Bol. S.E.A., Nº 26: 133-143.
- LAMARCK, J. B. 1809. Filosofía zoológica. Edición facsímil de Editorial Alta Fulla (1986). Barcelona.
- MADSEN, O. et al., 2001. Parallel adaptative radiations in two major clades of placental mammals. Nature, 409: 610-614.
- MARGULIS, L. y SAGAN, D. 1995. What is life?. Simon & Schuster. New York, London.
- McDonald, J. F. 1983. The molecular basis of adaptation. Annual Rewiew of Ecology and Systematics, 19. 397.
- MIKLOS, G. L. G. 1993. Emergence of organizational complexities during metazoan evolution: Perspectives from molecular biology, paleontology and neodarwinism. Memoirs of the Association of Australasian Paleontologist, 15, 28.
- MIVART, St. G. 1871. On the genesis of species. Macmillan & Co., Londres.
- MORATA, G. 1999. Biología Molecular, desarrollo y Evolución del Reino Animal. Origen y Evolución. Fundación Marcelino Botín. Santander.
- MORRIS, S. C. 2000. The Cambrian «explosion»: Slow-fuse or megatonnage?. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. Vol. 97, Issue 9: 4426-4429.
- MURPHY, W. J. et al., 2001. Molecular phylogenetics and the origin of placental mammals. Nature, 409: 614-618.
- Oosumi, T., Belknap, W. R. y Garlick, B. 1995. Mariner transposons in humans. Nature, 378: 672.
- PATIENCE, C., WILKINSON, D. A. y WEISS, R. 1997. Our retroviral heritage. Trends Genet. 13: 116-120.
- PEARSON, H. 2002. Proteome reveals promiscuity. Nature Science Update, 12 Enero.
- PROKOPH, A., FOWLER, A. D. y PATTERSON, R. T. 2000. Evidence for periodicity and nonlinearity in a high-resolution fossil record of long-term evolution. Geology, Vol. 28; N° 10: 867-870.
- RAMPINO, M. R. y Stothers, R. B. 1984. Terrestrial mass extinctions, cometary impacts and the sun's motions perpendicular to the galactic plane. Nature, 308: 709-712.
- RASMUSSEN, B. 2000. Filamentous microfossils in a 3.235-million-year-old volcanogenic massive sulphide deposit. Nature, 405, 676-679.
- RETALLACK, G. J. 1994. Were the Ediacaran fossils lichens?. Paleobiology, 20: 532-544.
- RONSHAUGEN, M., McGINNIS, N. y McGINNIS, W. 2002. Hox protein mutation and macroevolution of the insect body plan. Nature. Advance online publication.
- RUSE, M. 2001. El misterio de los misterios. ¿Es la evolución una construción social?. Metatemas. Tusquets, Barcelona.
- RUSELL, B. 1935. Religion and Science, Oxford Univ. Press.
- RUTHERFORD, S. L. y LINDQUIST, S. 1998. Hsp90 as a capacitor for morphological evolution. Nature, 396: 336-342.
- SANDÍN, M. 1995. Lamarck y los mensajeros. La función de los virus en la evolución. Editorial Istmo, Madrid.
- SANDÍN, M. 1997. Teoría sintética: crisis y revolución. Arbor, CLVIII, 623-624: 269-303.
- SANDÍN, M. 1998. La función de los virus en la evolución. Bol. R. Soc. Hist. Nat. (Actas)95:17-22.
- SANDÍN, M. 2000. Sobre una redundancia: El darwinismo social. Asclepio. Vol. LII, 2: 27-50.
  SANDÍN, M. 2001. Las «sorpresas» del genoma. Bol. R. Soc. Hist. Nat. (Sec. Biol.), 96 (3-4), 345-352.

- SHAW, G. B. 1958. Vuelta a Matusalén. Editorial Sudamericana. Buenos Aires.
- Schefer, M. et al., 2001. Catastrophic shifts in ecosystems. Nature, 413: 591-596.
- SCHULTE, A.M. et al., 1996. Human trophoblast and choriocarcinoma expression of the growth factor pleiotrophin attributable to germline insertion of an endogenous retrovirus. PNAS.93: 14759-14764.
- Schwartz, R. D. y James, P. B. 1984. Periodic mass extinctions and the sun's oscillation about the galactic plane. Nature, 308: 712-713.
- SEILACHER, A. 1989. Vendozoa: Organismic construction in the Proterozoic biosphere. Letaia, 22: 229-239.
- SEPKOSKI, J. J. y RAUP, D. M. 1986. Periodicity in marine extinction events. En Dynamics of Extinction, Elliot, Willey and Sons (ed.) NY.
- SIMPSON, G. G. 1966. The biological nature of man. Science 152, 472-478.
- SHA MI et al., 2000. Syncitin is a captive retroviral envelope protein involved in human placental morphogenesis. Nature, 403: 785-789.
- SIMPSON, G. G. et al., 1957 Life: An Introduction to Biology. Harcourt, Brace. NY.
- SMITH, D. E. et al., 2001. The bacteriophage  $\Phi$ 29 portal motor can package DNA against a large internal force, Nature, 413: 748-751.
- SPRINGER, M. S.et al. 2001. Parallel adaptative radiations in two major clades of placental mammals. Nature, 409: 610-614.
- Schützemberger, M. P. 1967. Algorythms and the neo-darwinian theory of evolution. P.S. Moorhead y M.M. Kaplan, Filadelfia, Wistar Institute Press.
- STEELE, E. J. 1979. Somatic Selection and Adaptative Evolution. Williams and Wallace, Toronto.
- STEELE, E. J., LINDLEY, R. A. y BLANDEN, R. V. 1998. Lamarck's Signature: How Retrogenes are Changing Darwin's Natural Selection Paradigm. Allen and Unwin, Sydney.
- STRATHERN, P. 1999. Darwin y la evolución. Siglo XXI de España, Editores.
- TER-GRIGOROV, S. V., et al., 1997. A new transmissible AIDS-like disease in mice induced by alloinmune stimuli. Nature Medicine, 3 (1): 37-41.
- THE GENOME SEQUENCING CONSORTIUM 2001. Initial sequencing and analysis of the human genome. Nature, 409: 860-921.
- WAN-Ho. M. 2001. Ingeniería genética: ¿Sueño o pesadilla?. Gedisa.Barcelona.
- WEBER, M. 1994. La ética protestante y el espíritu del capitalismo. Ed. Península, Barcelona
- WHITELAW, E. y MARTIN, D. I. K., 2001. Retrotransposons as epigenetic mediators of phenotipic variation in mammals. Nature genetics, 27:361-365.
- WILLIAMSON, P. G. 1983. Speciation in molluscs from Turkana Basin. Nature, 302: 659-663.
- WITMIRE, D. P. y JACKSON, A. A. 1984. Are periodic mass extinctions driven by a distant solar companion?. Nature, 308: 713-715.
- Young, R. M. 1973. The historiographic and ideological contexts of the nineteenth century debate on man's place in nature. En: Changing perspectives in the history of Science, Ed. M. Teich y R.M. Young, Reidel, Boston.
- ZILLIG, W. y ARNOLD, P. 1999. Tras la pista de los virus primordiales. Mundo Científico. Nº 200.