

Selección Natural, Genómica y la “Otra Evolución”

Eric Cosio

Un comentario a “La Otra Evolución” desde el punto de vista molecular

1. Nuestros primos los chimpancés

“Entre 5 y 7 millones de años atrás los humanos tenemos un encuentro significativo con el antecesor común de las dos especies mas cercanas a nosotros, el chimpancé y su hermano el bonobo”. Cito libremente a Richard Dawkins de su libro “La historia del ancestro” (2004) en el capítulo sobre el chimpancé. En el árbol de la vida, el chimpancé es nuestro primo hermano, algo limitado en sus habilidades mentales, pero con un 98% de similitud genómica. Usando el termino de Dawkins, poseemos un “concestro”, un ancestro, común. No existe nada más cercano desde un punto de vista genómico/familiar. Nuestros hermanos evolutivos, que sí los tuvimos, ya no existen. Somos lo que se denomina la única “especie extante” (actual) del género *Homo*. Esto trae consigo problemas si es que deseamos, de alguna manera, trazar la ruta que nos deparó la evolución para convertirnos en la única especie que ha llevado la percepción de sí mismo, la autocognoscencia, a un nivel no visto en la historia del planeta.

El propósito de mi comentario es el describir, desde el punto de vista de un biólogo con algo de experiencia molecular, la escenografía asociada a ese metaprocso que Pablo Quintanilla ha denominado como “La otra Evolución”. Intentarlo es un asunto complicado porque vivimos en tiempos turbulentos. A los 200 años del nacimiento de Darwin, los avances en la secuenciación completa de genomas de seres vivos han sido espectaculares. Esto no se debe a que tengamos un gran número de ellos ya listos sino porque ha habido un desarrollo significativo en las técnicas para poder hacerlo, y mejor aún, en las herramientas para interpretar lo que registramos. Por ello, en las próximas décadas el flujo de información, y la calidad de las interpretaciones, va a mejorar y nos va a permitir discernir cuáles han sido esos, muy sutiles por cierto, mecanismos por los que se ha generado esa variedad de seres vivientes que son actualmente competitivos en nuestra biosfera.

2. Los docemil, el gran salto adelante y la revolución cultural

Los términos Maoístas provienen del libro de Jared Diamond “El Tercer Chimpancé” (1991, 2006) y se les atribuye a aquellos eventos que pueden considerarse, desde un punto de vista biológico, como aquellos donde algo debe haber ocurrido que resultó en un salto cualitativo en el desarrollo humano.

Son por lo menos 160,000 años desde que se tiene al *Homo sapiens* arcaico. Un espécimen igual a nosotros desde un punto de vista anatómico grueso, es decir lo que puede deducirse del registro fósil. Evidencia genómica de poblaciones humanas actuales sugiere que este hombre fue ya el resultado de una catástrofe ambiental que redujo sus números a menos de 12,000 individuos y que este evento es responsable de que, en líneas generales, la diversidad genética de los humanos sea menor a la del promedio de poblaciones del chimpancé. La adversidad caracterizó el inicio de los humanos y puede especularse que definió una posible línea de desarrollo en el momento en que se perdieron todos esos alelos (“genes”) alternativos o “futuros posibles”. Desde el hombre arcaico pasan unos 100,000 años antes de que se pueda observar evidencia arqueológica del hombre como artista. Esto es lo que Diamond denominó “el gran salto adelante”. Antes de ese periodo se carece de evidencia, aparte de herramientas muy rústicas, de que las capacidades del humano fueran muy diferentes a las del chimpancé. Desde ese punto tienen que transcurrir aproximadamente 30,000 años para que ocurra la verdadera revolución cultural, el advenimiento de la agricultura, el sedentarismo y el incremento poblacional masivo de los humanos. Todos abren el camino a las sociedades modernas.

La pregunta que cabe plantearse es: ¿Por qué 100,000 años para que un hombre técnicamente equivalente al moderno se declare artista y, después, moral? Con el debido perdón de los artistas en el público por la secuencia propuesta. ¿Intervienen durante ese periodo de la “otra evolución” procesos genómicos demasiado sutiles para verse en el registro fósil/arqueológico?

Antes que esa pregunta debemos hacernos otras que se han hecho relevantes en estos tiempos turbulentos. ¿Qué papel juega la selección natural en el surgimiento de superestructura mental humana? ¿Existen medios, aparte de la investigación social/psicológica, de poder distinguir las fuerzas selectivas en juego, si es que las hubo?

3. ¿”Darwin Classic”, la síntesis moderna o la decepción postmoderna?

El título alude a las tres edades del pensamiento evolutivo. La teoría clásica era elegante y estaba libre del bagaje de la teoría genético de la herencia. El árbol de la vida alude a un ancestro común universal y está imbuido de un pensamiento gradualista, una refinación constante en pequeños pasos a lo largo del tiempo promovida implacablemente por la selección natural. El redescubrimiento de Mendel y sus teorías de la herencia y los avances bioquímicos en la elucidación de las biomoléculas responsables de guardar esa información puso a la teoría de Darwin en otra perspectiva.

La síntesis moderna deja clara, y predominante a la selección natural como el proceso primario que mueve a la evolución y al producto de los genes, “el fenotipo”, como el objeto de esta selección. El fenotipo puede referirse al fenotipo molecular o al fenotipo extendido (lo visible y otros metaniveles). Los cambios ocurren por eliminación de las características que no conllevan una ventaja selectiva. A esto se le denomina selección positiva. Sólo aquellos alelos que

resultan en una mejor adaptación al entorno incrementan su frecuencia en las poblaciones y pasan a dominar el panorama.

Dicen que las decepciones son aquellas que llevan a fenómenos culturales postmodernos. En el caso científico, la acumulación de información sobre secuencias de proteínas y genes y el desarrollo de técnicas de secuenciación comparativas empezó a generar dudas sobre los procesos en juego. La primera observación era que las diferencias entre genes no eran tan dramáticas como uno pensaría. El desarrollo de lo que podemos llamar como “cladística molecular” hace ver el grado significativo de conservación que hay a nivel de genes relevantes en todos los seres vivos. La cladística molecular es la disciplina que ordena secuencias genómicas y trata de predecir el tiempo en que ocurrieron las divergencias observadas basada en el principio de que a mayor diferencia en secuencia mayor distancia hay en el tiempo en que ocurrió la separación (o ramificación). El descubrimiento de grandes porciones de ADN que parecen no contener gen funcional alguno, el famoso “junk DNA”, es difícil de interpretar a la luz de la selección positiva. La otra observación es que la complejidad de los seres vivos no correlaciona con la longitud de su genoma. Organismos muy complicados tiene genomas considerablemente mas pequeños que los de especies mucho mas “sencillas”. A finales de los 70 aparece la primera versión de la teoría molecular neutralista de Kimura, la cual se ha ido refinando en las últimas tres décadas. La versión más moderna de esta teoría postula que los procesos evolutivos son el producto de una selección natural por la cual sólo aquellos cambios que son extremadamente nocivos resultan eliminados de una población. Según esta versión, la acumulación de genes literalmente” mediocres” no es objeto de selección a no ser que el individuo que los posee sea claramente inferior. Esto explica la acumulación de gran cantidad de ADN que no ha sido objeto de este cribado positivo y la diversidad genética de las especies que no podía explicarse bien usando sólo selección positiva (Kimura, 1983). ¿Es esta la base sobre la cual se construye “la otra evolución”?

4. ¿Neutral, gradual o saltado?

Si la teoría clásica de Darwin implica un refinamiento y adaptación gradual al entorno por medio de la selección natural positiva, los paleontólogos ya tenían sus reservas respecto a la gradualidad de los cambios. Cuando, en 1972, Niels Eldredge y Stephen Jay Gould propusieron su teoría del equilibrio puntuado basada en el registro fósil se expusieron a muchas críticas sobre lo débil que es basar una teoría sobre el hecho que un ser vivo deje restos fósiles. Dawkins fue un crítico muy duro de esta primera versión. Sin embargo, la acumulación de información genómica empezó a dar más luz al tema. El gradualismo evolutivo empezó a ceder espacio a una combinación de tres procesos movidos por selección natural negativa (en la mayoría) y positiva (para un minoría de caracteres). Por esta síntesis postmoderna se explica que la acumulación de cambios en el genoma, procesos espontáneos de duplicación de genes tanto funcionales como regulatorios se genera la complejidad necesaria que resulta en la aparición de los seres vivos multicelulares, los tejidos, la simetría, los cordados, los vertebrados y seres autocognoscentes. Estos procesos ocurren por la

acumulación gradual de cambios aparentemente “neutros” que determinan, en algún momento, y por cambios ambientales, grandes saltos evolutivos como la aparición de los primeros individuos multicelulares. Lo curioso es que estos saltos resultan en niveles de regulación cada vez más complejos y sólo son posibles en la ausencia de una selección natural positiva que hubiera determinado modelos mucho más sencillos. Los saltos en complejidad regulatoria añaden una variable adicional al proceso evolutivo, lo que en inglés se denomina “developmental bias” o un sesgo en el desarrollo. Esto implica que cambios pequeños pueden no descarrilar un tren de desarrollo que tiene suficiente momento en una dirección determinada (Psujeck y Beer, 2008) ¿Se ha añadido entonces lo que podría considerarse inercia evolutiva y un ladrillo más a un edificio ya sesgado hacia el campo neutralista?

5. ¿Es nuestra mente el producto de presión selectiva positiva?

En base a lo anterior podríamos decir que el proceso neurogenético que posibilita el desarrollo mental humano, y que a su vez posibilita “La Otra Evolución” es el producto de la acumulación de cambios neutros, o poco nocivos, seguido de saltos en organización morfológica y funcional que ponen al proceso en otro metanivel. Cada salto de valla nos lleva a un nivel con diferentes criterios de selección. Podríamos especular sobre metaselección y dejar el asunto en paz. Sin embargo, la genómica vuelve a la carga con la identificación de secuencias regulatorias cortas de ADN, denominadas microADN y de varios genes regulatorios que son directamente responsables de procesos neurogenéticos. El papel de microADNs en neurogénesis ya es conocido y se ha identificado una variedad de ellos que juegan un rol preponderante en el desarrollo del cerebro en vertebrados y, más específicamente, en primates. Por otra parte, se han identificado genes regulatorios responsables del volumen cerebral en humanos, estos son genes más convencionales.

En el 2005 aparecieron dos publicaciones bastante controvertidas sobre la evolución de dos genes responsables de volumen cerebral (Meckel-Bobrov y colaboradores). Se presentaba evidencia aparente de que un gen, *ASPM*, el cual es un gen regulador del volumen cerebral, había sido objeto de selección natural positiva durante la evolución humana. Incluso, una variante (un alelo) de este gen había aparecido tan recientemente como hace 5,800 años y se convirtió en un alelo de alta frecuencia en la especie humana. De ser correcto, este descubrimiento pondría a la evolución de las características neurológicas complejas de los seres humanos, y de sus productos colaterales, en el terreno neo darwinista original. Cambios basados en selección positiva que se imponen en las poblaciones en periodos cortos.

La controversia se debe a la existencia de una potencial fuente de distorsión en los estudios genómicos que, por necesidad se realizan con individuos en poblaciones actuales, el de los cambios demográficos (Nielsen y colaboradores, 2009). El refinamiento de técnicas que permiten distinguir entre presión selectiva de tipo Darwiniano y efectos que distorsionan el análisis genómico, como el factor demográfico, está permitiendo distinguir aquellos genes que sí están sometidos a

selección positiva. Los genes reguladores del desarrollo encefálico parecen caer dentro de esta categoría y, por ende, y aunque de manera muy preliminar, me animaría a opinar tentativamente que los procesos que resultan en el desarrollo de características complejas de la mente humana, tienen una base molecular verificable en un futuro no muy lejano y han surgido por selección natural clásica, es decir, positiva.

"They flutter behind you, your possible pasts, some bright-eyed and crazy, some frightened and lost, a warning to anyone still in command of their possible futures to take care"

Pink Floyd, The Final Cut

Bibliografía

Akey, JM (2009) Constructing genomic maps of positive selection in humans: Where do we go from here? *Genome Research* 19, 711-722.

Dawkins, R (2004) *The Ancestor's Tale, a pilgrimage to the dawn of life.* Weidenfeld & Nicholson, Londres. 450 pp

Diamond, J (2006) *The Third Chimpanzee: The evolution and future of the human animal.* Harper Perennial. Nueva York. 432 pp.

Eldredge, N, Gould, J (1972). "Punctuated equilibria: an alternative to phyletic gradualism". En T.J.M. Schopf, ed., *Models in Paleobiology.* Freeman Cooper, San Francisco. pp. 82-115

Kimura, M. (1983). *The Neutral Theory of Molecular Evolution.* Cambridge University Press, Cambridge.

Koonin, EV (2009) Darwinian evolution in the light of genomics. *Nucleic Acids Research* 37, 1011-1034

Mekel-Bobrov, N, Gilbert, SL, Evans, PD, Vallender, EJ, Anderson, JR, Hudson, RR, Tishkoff, SA, Lahn, BT. (2005) Ongoing adaptive evolution of *ASPM*, a brain size determinant in *Homo sapiens* *Science* 309, 1720 –1722.

Nielsen, R, Hubisz, MJ, Hellmann, I, Torgerson, D, Andrés AM, Albrechtsen, A, Gutenkunst, R, Adams, MD, Cargill, M, Boyko, A, Indap, A, Bustamante, CD, Clark, AG (2009) Darwinian and demographic forces affecting human protein coding genes. *Genome Research* 19, 838 – 849.

Psujek, S. Beer, RD (2008) Developmental bias in evolution: evolutionary accessibility of phenotypes in a model evo-devo system. *Evolution & Development* 10, 375-390.