

Darwin 200 y Genética Evolutiva

Por Patricia Linn*

En el marco de las celebraciones del 200 aniversario del nacimiento de Darwin se llevó a cabo, a principios de setiembre de 2009, en Punta del Este, un congreso sobre Evolución. La propuesta incluía una cabalgata por lugares por donde pasó Darwin durante su estadía en Maldonado, lo que atrajo a investigadores muy destacados, a nivel internacional en el área de la evolución, quienes participaron en la misma además de en el congreso.

Los organizadores del congreso, investigadores de Facultad de Ciencias, de Medicina, de Humanidades, del Centro de Investigaciones Nucleares, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Institut Pasteur y otras instituciones, son biólogos evolucionistas, probablemente el grupo de evolucionistas más numeroso de la región. Estudian áreas tan diversas como evolución molecular, evolución morfológica, paleontología y virología. El alto nivel académico de los mismos es reconocido mundialmente por sus numerosas publicaciones, habiendo sido varios de ellos invitados a trabajar como editores de revistas científicas internacionales. Entre ellos Fernando Álvarez*, docente de la Facultad de Ciencias. Uruguay Ciencia lo entrevistó en su laboratorio, ocasión en que se refirió al congreso y a la importancia de la evolución en Uruguay y en el conocimiento humano.



Enrique Lessa, Ministra de Educación y Cultura, María Simón, y Fernando Álvarez

¿Qué tuvo de particular este congreso “Darwin 200”, realizado en Uruguay para celebrar el aniversario del nacimiento de Darwin y los 150 años de la publicación de su libro “La evolución de las Especies”?

El congreso se realizó en el marco de las celebraciones a nivel mundial y, en Uruguay, de una “movida” por medio de la cual se propuso poner el pensamiento de Darwin en un contexto más amplio que el biológico, ya que sus ideas no se circunscriben solamente a la biología, sino que permearon fuera de ella. Darwin es uno de los pocos científicos en la historia de la humanidad cuyas ideas salieron más allá del área específica y tuvieron gran impacto, por ejemplo, en lo social, la religión, en la economía.

El lanzamiento de las actividades conmemorativas del “Año Darwin” se llevó a cabo en el salón Azul de la Intendencia de Montevideo, ocasión en que también se presentaron los sellos postales emitidos por el Correo Uruguayo alusivos a la conmemoración. Además se dieron charlas durante la semana de la ciencia y la tecnología, se coorganizó con los Centros MEC (del Ministerio de Educación y Cultura) una cacería fotográfica de flora y fauna, en la que

los escolares, utilizando las cámaras de las computadoras XO del Plan Ceibal, tomaron fotos de animales y plantas y posteriormente trabajaron en la clasificación taxonómica del material obtenido. Las fotos que resultaron seleccionadas se presentaron en el congreso.

El objetivo principal de un congreso es el establecimiento de vínculos entre investigadores que trabajan en el área y la divulgación del trabajo que produce cada uno. En esta ocasión, debido a que fue acompañado de actividades que hicieron la propuesta interesante, una de ellas muy original: una cabalgata en la que repetimos el camino recorrido por Darwin cuando estuvo en Uruguay, y un curso taller de genética evolutiva, la concurrencia fue numerosa y valiosa.

Entre las figuras relevantes que asistieron al congreso están Daniel Dennet, Douglas Futuyma, Giorgio Bernardi, presidente de la Unión Internacional de Ciencias Biológicas (IUBS por sus siglas en inglés), Gastón Gonnet, uruguayo radicado en Suiza dedicado a la bioinformática, y Scott Edwards.

Como dije antes, la cabalgata que hicimos pretendía rehacer parte del camino que Darwin recorrió durante su estadía en la zona sureste de la Banda Oriental. El H.M.S Beagle, barco en el que viajaba Darwin alrededor del mundo,

sufrió daños en una tormenta en la zona de Isla de Lobos, por lo que tuvo que dirigirse al puerto más cercano, el de Maldonado, donde quedó varado unas 10 semanas, para su reparación. Darwin aprovechó ese periodo de tiempo para recorrer la zona a caballo.

La cabalgata que organizamos se inició en Minas y el primer día llegó a Puntas de Pan de Azúcar, tras recorrer unos 30 km, bajo tormenta: la tormenta de Santa Rosa, de fin de agosto. El segundo día salimos de Piriápolis en camino a Punta del Este, pero debido al excesivo frío en la playa desviamos y terminamos en Laguna del Sauce. En la cabalgata participaron unas 30 personas, entre ellas unos 15 científicos extranjeros, todos de primer nivel, los que quedaron muy contentos.

El público general conoce a Darwin y las ideas de la evolución, sabe que Darwin estuvo en Uruguay, aún así cómo se da la evolución o, a veces, incluso el significado preciso del término lo desconoce. ¿Este desconocimiento de los individuos puede traer problemas como son los conflictos sociales generados por la instalación de pasteras en el país, o en el tema de los alimentos transgénicos?

Bueno, un ejemplo puede ser el tema de los organismos transgénicos. Cualquiera que tenga conocimientos de la evolución puede opinar con más base sobre lo que ocurre o puede ocurrir. Por ejemplo, se sostiene que la transferencia de genes de una especie a otra es un acto antinatural, que se están introduciendo genes extraños en una especie y sin saber cuál va a ser el resultado, pudiendo resultar en algo nuevo e incontrolable. Esto no necesariamente es así, la naturaleza está produciendo transgénicos en una tasa 100 veces superior a lo que hacen todos los laboratorios productores de OGM (Organismos Genéticamente Modificados) en el mundo. Sabemos que el 25% del genoma de algunas especies de bacterias tiene origen en eventos "transgénicos". Es lo que se llama transferencia horizontal de genes, es decir entre distintas especies, la transferencia vertical es la de padres a hijos de la misma especie. Ocurre no sólo entre bacterias sino también, por ejemplo, entre las esponjas y las bacterias que éstas absorben y entre muchos otros organismos.

La mayoría de estos organismos transgénicos "naturales" mueren. Permanecen los organismos que fueron seleccionados a favor, porque son exitosos o tuvieron suerte. Los que se ven son los ganadores, los perdedores no dejan descendencia, o sea, se extinguieron. En la mayoría de los casos los cambios no funcionan. De cada evento de transferencia horizontal de genes que se ve hoy, puede haber 200 mil que no tuvieron éxito.

Un caso de transgénesis natural bien conocido y exitoso es el de las bacterias resistentes a los antibióticos. ¿Por qué en los hospitales se encuentran las cepas más resistentes? Es el resultado de la transferencia de genes y de la selección. Esta selección ocurre al enfrentarse, en el medio de un hospital, a los antibióticos. Acoto que en general el ambiente de un hospital no es el aire, sino las manos de los enfermeros y los médicos que manipulan los antibióticos y a los pacientes. Las cepas que viven en ese medio intercambian genes y las que resisten a los antibióticos sobreviven. Cada cepa puede tener resistencia a un antibió-



Cabalgata tras los pasos de Darwin

tico, pero al intercambiar genes puede adquirir resistencia a otros, y así volverse resistente a varios antibióticos y por ende potencialmente peligrosa.

Los conceptos evolutivos no son sólo de libros, tienen que ver con la práctica diaria de la medicina, la biotecnología, la agronomía, etc. No trabajamos sólo para interpretar cómo fue el pasado, sino también para hacer predicciones a futuro.

¿Puedes darnos un ejemplo de estas predicciones?

Un ejemplo concreto se da con la posibilidad que hay hoy de secuenciar el ADN de una persona en poco tiempo. Se dice que estamos en los albores de una nueva era de la biotecnología, dada la posibilidad que hay hoy de secuenciar genomas a muy bajo costo. Hace tres años se introdujo una nueva tecnología llamada secuenciación de ultra alto rendimiento, que permite hoy secuenciar un genoma humano a un costo de 60.000 dólares en 2 o 3 semanas. El primer genoma humano presentado al público en el año 2000 por Bill Clinton y Tony Blair tomó 13 años y 3 mil millones de dólares.

En un año, o año y medio, se podrá hacer en horas por menos de 1.000 dólares. Esto quiere decir que la secuenciación genómica se va a transformar eventualmente en una técnica clínica de rutina, nace un bebé y se obtiene la secuencia de su genoma. Esto permitirá hacer una hoja de ruta, se estudian cuáles son las posibles enfermedades de base genética que puede desarrollar, lo que da la posibilidad de actuar anticipadamente. Para poder hacerlo es necesario interpretar los datos que se obtuvieron. Por ejemplo, uno encuentra una mutación en un gen y se pregunta si esta mutación es dañina, si vale la pena prestarle

atención o no. Supongamos que es una variante nueva ¿cómo se sabe qué efecto tendrá? Una forma de saber es esperar y ver qué pasa. La otra, más razonable, es utilizar las herramientas teóricas que entre otras nos aporta la teoría de la evolución. Se hacen interpretaciones evolutivas en base a lo que pasó, porque la evolución probó todas las variantes, no en la historia de un organismo específico, pero en la historia de los mamíferos, o en los vertebrados, o en lo que sea, se investiga cuándo ocurrió esa variante y cuál fue la suerte de ese individuo que la llevaba. Eso se hace comparando organismos, es decir utilizando la teoría evolutiva, que es el marco interpretativo.

Por ejemplo, sabemos que aquellas partes de las proteínas o de los genes que son importantes -desde el punto de vista de la función- se mantienen incambiables en todas las especies. Si se elige un gen del genoma humano y se lo compara con el del perro, el del gorila, la mulita, etc., se encuentra que generalmente las zonas que son importantes desde el punto de vista de la función están incambiables, no evolucionaron. Entonces, si se tiene una mutación que afecta una de esas zonas, probablemente sea una mutación con un efecto perjudicial. Los mutantes que eventualmente hayan aparecido afectando estas zonas no sobrevivieron o no dejaron descendencia y, por tanto, son mutantes que no contribuyeron a la evolución.

¿Es fácil identificar un gen? Hace un tiempo era usual enterarse, por los medios, que se había descubierto el gen de la cleptomanía, o de la adicción al chocolate, u otras características del estilo, ¿es fácil encontrar cuál es el gen que causa la adicción?

En realidad esos anuncios tienen un gran impacto mediático, después muchas veces se ve que no es tan así, el gen encontrado no contribuye a provocar dicha característica o, si lo hace, no es el único ni es determinante.

Para encontrar un gen de este tipo se hace un estudio de tipo poblacional, se eligen individuos que tienen la característica de interés, cleptómanos por ejemplo, y se compara su genoma con el del resto de la población y se ve qué tiene en común y qué es diferente.

Pero en general las características comportamentales (y no sólo éstas) si es que tienen base genética ésta es compleja; decir que hay una relación de tipo "un gen - una característica" no se corresponde con la realidad en la gran



Participantes de la cabalgata tomando fotos a una niña con su XO

mayoría de los casos. Puede ser así para características sencillas, pero en general la mayoría de las características son multigénicas, son de base multifactorial.

Para características como, por ejemplo, la sordera, alteraciones metabólicas, albinismo, etc., basta con que falle un gen para que se observe la característica, basta con tener un único gen alterado para producir el daño.

Hoy hay maneras diferentes de investigar los genes. El tema es que las nuevas tecnologías aportan volúmenes de datos enormes y hay que trabajar con todos al mismo tiempo para ser eficiente; manejar esos datos, interpretarlos, es todo un desafío. La biología está desarrollando un área teórica importante basada en el procesamiento de datos con matemática estadística, tan importante que se acaba de crear en Uruguay la carrera de Bioinformática en el PEDECIBA (Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas), es la interfase entre la biología y la informática.

En resumen, la teoría de la evolución no sólo nos explica cómo se desarrollaron las especies, sino que se usa hoy como marco teórico para resolver problemas, por ejemplo, de producción agronómica, transgénicos y de salud, etc.

Sí, de hecho hay una frase célebre de Theodosius Dobzhansky que dice:

"En biología nada tiene sentido si no es a la luz de la evolución"

Es una frase fuerte y, aunque tiene sus años, cada vez tiene más sentido, porque hoy una parte muy importante de la interpretación en la biología se hace en base a estudios evolutivos. Te permite predecir qué es lo que va a pasar, es decir además de interpretativa (hacia atrás), es predictiva. Bueno, eso tiene mucha fuerza.



Al terminar el congreso se entregaron tazas como recordatorio

***Fernando Álvarez se doctoró en la Universidad de la República especializándose en Evolución Molecular. Ha obtenido becas para realizar estancias en el Instituto Jaques Monod de París, y ha realizado estancias periódicas en la Estación Zoológica de Nápoles, Italia, y Fundación Oswaldo Cruz de Rio de Janeiro, Brasil. Ha publicado numerosos artículos científicos y además es editor de la revista científica internacional arbitrada GENE de la editorial Elsevier y de la revista Bioinformatics and Biological Insights; también actuó como revisor para varias revistas arbitradas.**