

Carl Woese y las Nuevas Perspectivas en la Evolución

Los científicos se sienten orgullosos cuando descubren nuevas especies o géneros biológicos, pero solo un biólogo molecular, Carl Woese, tiene el honor de haber descubierto un dominio entero de formas de vida, las archaea.

Este descubrimiento, y las herramientas de biología molecular que lo hicieron posible, han revolucionado nuestra visión de la historia evolutiva. Este hombre es Carl Woese, de la Universidad de Illinois, quien el año 2003 recibió el Premio Crafoord. Este galardón es una especie de “Nóbel flotante”, presentado anualmente por el Rey de Suecia a un científico que merece un premio Nóbel, pero cuyo trabajo no encaja en ninguna de las categorías del más prestigioso de los premios. Woese es miembro de la Academia Nacional de Ciencias, y ha recibido con anterioridad el Premio “Genio” MacArthur y la Medalla Leeuwenhoek, entre otras muchas distinciones.

Quizás más que ningún otro científico, Carl Woese ha hecho que centremos nuestra atención sobre el invisible pero influyente mundo microbiológico, que se extiende mucho más allá de las bacterias patógenas estudiadas por la ciencia médica. Naturalmente, la mayoría de los biólogos tienen que vérselas con criaturas más grandes, las cuales se agrupan en los famosos tres “reinos” de plantas, animales y hongos. Allá por el año 1970, era bastante usual pensar en términos de dos reinos microbiológicos adicionales, los procariotas - o bacterias - (células simples sin estructura interna compleja), y los protistas eucariotas (incluyendo a organismos tales como amebas y paramecios), que poseen núcleo y otros componentes celulares internos. A efectos prácticos, para distinguir a los procariotas de los eucariotas se utilizaban técnicas de tinción en el laboratorio, ya que sus paredes celulares tienen una estructura química diferente.

La tecnología emergente de la biología molecular (que nos ha conducido hasta el estudio actual del genoma) permite observar de un modo diferente los fundamentos de la vida. Toda la vida en la Tierra, en cada uno de estos cinco reinos, está basada en la misma bioquímica. Todas las formas de vida utilizan el mismo código genético almacenado en forma de largas cadenas de ácidos nucleicos de ADN y ARN. La gran variedad de formas de vida indica que hay diferencias en las secuencias de pares de bases en el ADN y ARN. Desde esta perspectiva, los científicos quieren encontrar una forma de clasificación biológica basada en las secuencias genéticas en vez de en la apariencia exterior, es decir, quieren lograr una taxonomía molecular.

Tras una gran labor experimental, Woese se centró en un conjunto de información genética en particular, descubierto en el llamado 'ARN ribosómico 16s'. Esta secuencia genética aparece en todos los seres vivos. Es una secuencia perfectamente conservada, lo cual significa que ha evolucionado muy lentamente, por lo que puede ser utilizada para rastrear los cambios evolutivos sucedidos a lo largo de períodos de tiempo muy largos. Y quizás lo más importante, es una secuencia que podemos medir en el laboratorio.

La forma más útil de visualizar las diferencias en el 'rARN 16s' entre los diferentes organismos es mostrarlos gráficamente en el “árbol filogenético molecular de la vida” o “árbol universal de la vida”, como ha sido llamado algunas veces. En este dibujo, la distancia entre dos especies cualesquiera, trazada a lo largo de las líneas que las conectan, es proporcional a las diferencias entre su ARN ribosómico. Las especies con secuencias prácticamente idénticas están presumiblemente relacionadas y son representadas en el gráfico unas cerca de las otras. Aquellas que están ampliamente separadas, son parientes más lejanos, y cuando se combina cierta cantidad de datos es posible inferir linajes, para estimar las relaciones entre especies y para determinar cuando una línea diverge a partir de otra. Cuando se emplea este método con nuestras familiares plantas y animales, estos trazos en el “árbol de la vida” son muy similares a los de los árboles evolutivos deducidos de la anatomía estructural. Pero la gran sorpresa llegó cuando se aplicó esta técnica al mundo microbiológico.

En una publicación de 1977 compartida con su colega Ralph Wolff, Woese mostró que un grupo de microbios previamente poco conocidos, llamados arqueobacterias, estaban en realidad mucho más emparentados con el dominio Eucaria que con el resto de bacterias auténticas. Trazando su posición en el árbol de la vida, estos oscuros microbios ocupan un espacio muy grande, distinto de aquel que ocupan tanto los eucariotas como las bacterias. Basándose en estos descubrimientos, Woese propuso en 1990 una nueva clasificación, aceptada hoy en día, de las formas de vida, en un trabajo titulado “*Hacia un sistema natural de organismos: Propuesta de los dominios Archaea, Bacteria y Eucaria*”. A pesar de su nombre, el dominio Archaea no es más antiguo que el Bacteria, aunque se trate también de un linaje ancestral, en el que muchos de sus miembros evitan el oxígeno (son anaeróbicos) y buscan las altas temperaturas (son termófilos).

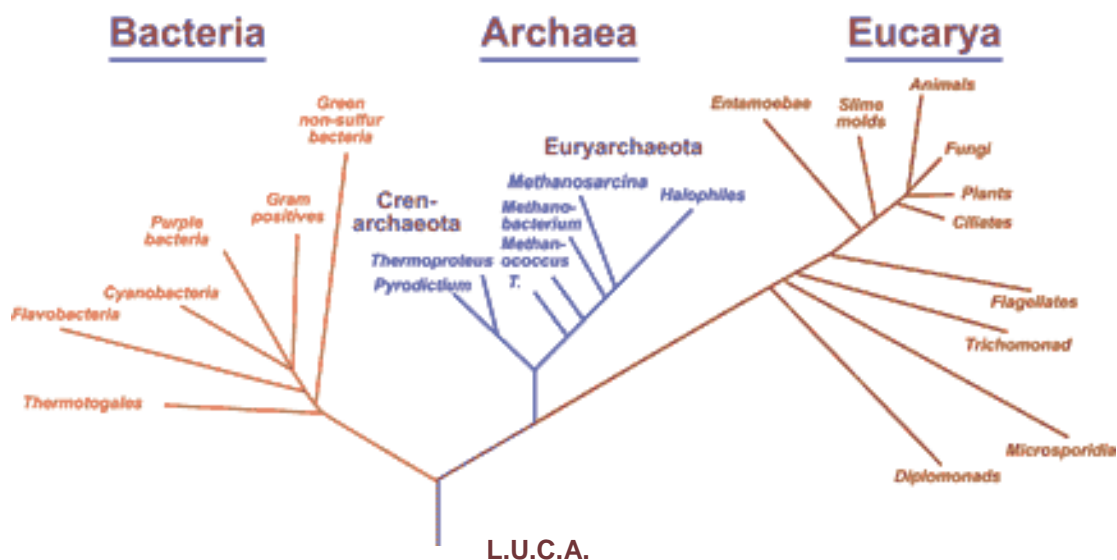
El árbol de la vida que desarrollaron Woese y sus colaboradores merece un estudio cuidadoso por parte de los astrobiólogos, ya que nos cuenta un par de cosas sorprendentes. La amplitud en la separación entre las diversas especies microbiológicas, que es aproximadamente proporcional al paso del tiempo, nos muestra el tremendo alcance del cambio evolutivo que ha tenido lugar dentro del mundo microbiológico. En contra de las ideas de la biología convencional, la vida en la Tierra no permanece inactiva durante los 3.000 millones de años que precedieron al boom evolutivo que supuso la “explosión Cámbrica”, hace 600 millones de años. La gran diversidad fisiológica que asociamos a las plantas y los animales representa apenas un pequeño cambio si lo medimos en función de estas secuencias de ARN. De hecho, los tres reinos de plantas, animales y hongos están confinados en unas pocas ramitas circundantes del gran árbol de la vida microbiológica.

Una mirada al nuevo árbol de la vida debería evitar que catalogásemos de primitivos a cualquiera de estos microbios. Todas las especies vivas hoy en día han seguido una larga trayectoria evolutiva a partir de esos primigenios ancestros comunes.

A pesar de que el árbol de la vida puede aportar nuevas y ricas percepciones acerca de la evolución, es importante recordar que solo nos muestra las relaciones genéticas entre especies existentes hoy en día. No hay especies extinguidas en este árbol de la vida, ya que no podemos extraer cadenas de rARN 16s de los fósiles. Por ello, a pesar de las semejanzas en la presentación, este no es un árbol evolutivo a la manera tradicional en el que se muestra nuestra descendencia partiendo de especies anteriores. Gracias a este árbol podemos aprender quienes son nuestros parientes, pero no necesariamente como hemos llegado al punto en que nos encontramos en la actualidad. Este árbol es pues, complementario al tradicional, en el que se muestran los linajes evolutivos que se derivan de los fósiles.

El trabajo de pionero efectuado por Woese y sus colaboradores, está recibiendo información adicional partiendo de otras técnicas con las que comparar los genomas de especies diferentes. La revolución en la tecnología genómica permite ahora secuenciar y comparar otras secciones, tanto de ADN como de ARN. Cada una de estas técnicas está produciendo su propio árbol de la vida, generalmente muy parecido al basado en el rARN 16s, pero no idéntico. De hecho, hemos alcanzado un nivel que nos permite comparar genomas completos.

Woese continúa trabajando en los laboratorios de microbiología de la Universidad de Illinois, en Urbana-Champaign. En 1996 tomó parte del equipo que secuenció el genoma de la primera archaea, y gran parte de su trabajo actual está relacionado con los esfuerzos encaminados a definir el “último ancestro común” L.U.C.A. (last universal common ancestor), si es que realmente hubo tal cosa. En la actualidad Woese se autodefine como un biólogo evolutivo. El objetivo final de la taxonomía (la clasificación de los organismos y sus relaciones de parentesco) es lograr un mayor entendimiento de los procesos evolutivos a través de los cuales la vida se ha expandido durante los últimos 4.000 millones de años hasta crear nuestro actual mundo viviente.



Modificado de <http://astrobiologia.astroseti.org>

Cuestiones:

1. Glosario: taxonomía, bioquímica, filogenético, ribosómico, astrobiólogo.
2. ¿Cuál ha sido el descubrimiento de Carl Woese en el campo de la Microbiología?
3. Hasta el año 1970 solo se pensaba en la existencia de dos dominios de seres vivos, ¿cuáles eran las dos formas de organización de las células hasta esa fecha? ¿en qué se diferencian? ¿y a partir del descubrimiento de Woese?
4. ¿Qué quieren lograr los científicos al realizar estudios de taxonomía molecular?
5. ¿En qué componente molecular se basó Woese en sus estudios y qué significado evolutivo tiene?
6. ¿Qué nos indica el “árbol filogenético molecular de la vida” o “árbol universal de la vida”?
7. ¿Qué encontró al aplicar estas técnicas moleculares al mundo microbiológico y que supuso esto para la clasificación de los seres vivos?
8. ¿Qué caracteriza al dominio Archaea?
9. ¿En qué se diferencia el “árbol filogenético de la vida” de Woese de un árbol evolutivo tradicional?
10. ¿Qué es L.U.C.A.?