

LAS SORPRESAS DEL GENOMA
Máximo Sandín
Departamento de Biología
Facultad de Ciencias. Universidad Autónoma de Madrid.

Bol. R. Soc. Esp. Hist. Nat. (Sec. Biol.), 96 (3-4), 2001, 345-352.

A lo largo de la historia de la Ciencia (de nuestra historia y de nuestra ciencia), hemos asistido a una sucesión de cambios drásticos en la concepción (interpretación) de la realidad, a medida que aumentaba el "poder de resolución" de las técnicas e instrumentos con que se la observaba. Con el microscopio, "aparecieron" las células, unidades básicas de todos los seres vivos. También "nos encontramos" de golpe, con los microorganismos "inexistentes" hasta entonces. Con el telescopio, la Tierra "saltó" del centro del Universo a la periferia... Resulta sorprendente (para los filósofos o los físicos tal vez no), cómo la descripción "objetiva" de un mismo objeto o fenómeno, y en última instancia, de la realidad, puede cambiar en función de la perspectiva desde la que se observe.

Las nuevas técnicas genéticas han desbaratado la vieja concepción de "gen" y, sobre todo, el binomio un gen-un carácter en el que se sustentaba la base teórica de la Biología desde el "redescubrimiento" de las leyes de Mendel. El gen también ha sufrido su particular metamorfosis y ha pasado de ser una supuesta entidad responsable directa de un carácter fenotípico, ya sea morfológico, fisiológico o, incluso, de comportamiento (se ha hablado del "gen" de la homosexualidad), pasando por una unidad responsable de la codificación de una proteína, hasta llegar a convertirse en una mareante variedad de posibilidades de tamaño, composición, interacciones y actividades: hay genes formados por unos pocos miles de pares de bases y genes de millones de pares de bases, sin "intrones", con unos pocos, o con muchos "intrones" dentro. Hay genes con genes dentro, otros que codifican para una proteína, están repartidos en trozos dispersos por el Genoma. Hay proteínas codificadas por varios genes independientes, y también un mismo gen (una misma secuencia) tiene significados diferentes, según la zona del genoma en que esté. Por otra parte, hay genes que pueden codificar proteínas distintas (lo que se conoce como "splicing" alternativo), y hay genes que regulan a otros genes. Finalmente (por el momento) los genes pueden leerse de formas diversas, en distintas posiciones, en diferentes direcciones y en distintos niveles...

Todos estos fenómenos están sometidos, a su vez, a varios niveles de regulación por miles de proteínas (se han estimado unas 250.000, cuyas actividades son en su mayor parte desconocidas), que se regulan entre sí, regulación controlada por retroacción desde la fisiología del organismo y, por tanto, desde la relación de este con el ambiente externo.

Pero, además, cuando hablamos de actividades de los genes, hay que tener en cuenta de qué células estamos hablando, de qué momento de la actividad celular e, incluso de la vida del organismo de que se trate. En efecto, las células de distintos tejidos tienen distintos genes activados y otros bloqueados en relación con las funciones específicas de cada tejido. También dentro de un tejido concreto, en cada momento, se activan y desactivan miles de genes siguiendo complejos, y aún no descifrados, patrones. Por último, la actividad de los genes durante el desarrollo embrionario no es

igual que durante la adolescencia o el estado adulto... Desde luego "el gen" está resultando menos simple de lo que se creía.

El espectacular aumento del "poder de resolución" producido en los últimos años ha desbordado las viejas concepciones sobre la naturaleza de los fenómenos biológicos, hasta el extremo de que, como afirma Philip Ball en Nature (12 de febrero): *"La Biología carece de un marco teórico para describir este tipo de situación"/.../ "puede que para hacer algún progreso los biólogos tengan que importar algunos conceptos desarrollados en Física"*.

Algo así llevan cierto tiempo intentando biólogos como los chilenos Varela y Maturana, o el norteamericano Stuart Kauffman que están elaborando modelos biológicos basados en las teorías de sistemas (una célula, un organismo o un ecosistema son "sistemas complejos", sistemas abiertos que intercambian información con el exterior) en las que los conceptos de "procesos no lineales", "retroalimentación", "redes de información", "autoorganización"... se constituyen en herramientas capaces de proporcionar, por fin, una descripción más real de los fenómenos biológicos. Una descripción científica, que permita avanzar por el camino del conocimiento. Incluso, que, eventualmente, permita hacer predicciones como la Física, la Química, las Matemáticas... Como reclama Philip Ball: *"Los biólogos van a tener que construir una nueva Biología"*.

En este camino, en este contexto, ¿cuáles han sido las consecuencias más destacables de la secuenciación (parcial, quizás muy parcial) del genoma humano?: La sensación mayoritaria parece ser de estímulo, pero también se ha percibido una reacción de decepción.

Decepción, (especialmente para algunos), porque lo que parecía prometerse como una meta con posibles aplicaciones inmediatas, se ha revelado como un punto de partida: De lo que se dispone realmente es de una especie de diccionario incompleto del lenguaje de los genes. Queda por delante completar el "diccionario", tanto el 40% de los genes secuenciados, cuyos productos son desconocidos, como el 20% que quedan por secuenciar, así como los de la enorme cantidad de genes, aparentemente silenciosos y, sobre todo, la ingente tarea de comprender las complejísimas interacciones entre ADN y ARN, entre ADN y ADN, entre proteínas y proteínas, entre proteínas y ADN...y la, cada vez más patente, influencia del ambiente en estos procesos. Como dice Sidney Brenner, desde la perspectiva de su larga experiencia, pero sobre todo, de contemplar las competencias y las "carreras de patentes" desde fuera: *"La mayor parte de la gente cree que la secuenciación del genoma humano va a ser una especie de mensaje llegado de los cielos. Pero, lo cierto, es que ese mensaje nos va a decir muy poco. Nos va a decir algo como: "mira, esto es lo que tienes que entender ahora"*.

Pero éste es precisamente el mayor estímulo para los científicos, el desafío de intentar resolver los enigmas de la Naturaleza. Albert Einstein decía: *"La sensación más bella que podemos experimentar es la de lo misterioso... Es la fuente del arte y de la ciencia"*.

Y, la realidad, es que el informe científico sobre el desciframiento del genoma humano, (Nature, 2001) está plagado de términos como "misterioso", "función desconocida", "enigma no resuelto"... A sus autores les resultan sorprendentes las "más

de doscientas secuencias de origen bacteriano" que han encontrado, así como las evidencias de transferencia horizontal de genes "relativamente frecuentes ", es decir, genes "transmitidos por vectores como virus". También han resultado sorprendentes las enormes cantidades de elementos móviles (transposones y retrotransposones), secuencias genéticas que pueden "saltar" de una parte a otra del genoma, bien mediante inserción directa en otra zona, o bien mediante una duplicación previa de su secuencia. Este último fenómeno es el responsable de una enorme cantidad de secuencias repetidas (que constituyen el 45% del genoma) y que antes se consideraban "ADN basura", pero que según la opinión de los autores del informe: "Como agentes activos, las repeticiones han remodelado el genoma causando reordenamientos, creando genes enteramente nuevos, modificando y barajando genes existentes y modulando el contenido total de Guanina-Citosina ".

Otra conclusión sorprendente es que: ***"Mucho del restante ADN único debe también haber derivado de antiguas copias de elementos transponibles que han divergido demasiado para ser reconocibles como tales"***. Y este último aspecto se repite en el hallazgo de elementos de origen viral, "*retrovirus-like elements*": 450.000 copias que constituyen (por el momento) el 8% del total del genoma corresponden a secuencias retrovirales "*reconocibles como tales*". Unas tienen las secuencias genéticas que producen proteínas que hacen capaces a los retrovirus de hacer copias de sí mismos (de su ARN); traducir el ARN a ADN, e integrarse en el ADN celular, además de una secuencia responsable de la producción de sus propias proteínas específicas. Además tienen la secuencia "*env*", que es la que produce la cápsida vírica (en la que están los receptores que reconocen el sitio de la membrana de la célula que infectan). El otro tipo de secuencias de origen retroviral sólo tiene las secuencias correspondientes a sus proteínas específicas.

Todas estas abundantes, complejas, trascendentales secuencias "autónomas" tienen un evidente origen común: Según los autores: "*Los elementos autónomos (retrotransposones) contienen los genes "gag" y "pol" que codifican una proteasa, transcriptasa inversa, ARNasa e integrasa. Los retrovirus exógenos parecen provenir de retrotransposones endógenos por adquisición de un gen celular "env"(cápsida)"*.

Al llegar a este punto del cúmulo de sorpresas que nos está deparando el genoma humano, parece necesario un momento de reflexión: ¿Porqué los retrovirus exógenos, con sus variadas y, a veces sorprendentes cápsidas, que contienen receptores capaces de localizar el punto de la membrana celular por la que penetran y el punto del ADN donde se insertan, "parecen" provenir de retrotransposones endógenos que han "**adquirido**", (¿al azar?, ¿por qué?) un gen celular, (¿de dónde?), envelope? ¿No podría ser, por el contrario, que los retrotransposones fueran derivados de retrovirus que han **perdido** el gen viral envelope?

Parece que nos hemos encontrado con uno de los (muchos y trascendentales) puntos a reinterpretar a la luz de la "Nueva Biología": pero, para ello, tal vez haya necesidad de cambiar de lenguaje (el lenguaje es, a la vez, resultado y constructor de la realidad). Y no parece razonable continuar interpretando los nuevos datos con el antiguo vocabulario, un lastre (no aparente), del que la Biología debe desprenderse ineludiblemente para cambiar de perspectiva. Y es que el magnífico informe de Nature, a pesar de sus innovadoras conclusiones sobre la implicación de los elementos móviles en cambios evolutivos bruscos, o sobre la influencia de factores ambientales en la

activación de elementos móviles, que hacen tambalear a la vieja visión de pequeños cambios graduales y "al azar", no puede evitar el empleo de viejos términos tan arraigados en el vocabulario biológico que, a menudo se emplean para describir fenómenos totalmente opuestos al significado del término empleado. (Un ejemplo: En su magnífico libro *"El árbol del conocimiento"* Varela y Maturana escriben: "...*En efecto, a menudo pensamos en un proceso de selección como el acto de escoger voluntariamente entre muchas alternativas . / ...Es justamente lo contrario lo que ocurre y sería contradictorio con el hecho de que estamos tratando con **sistemas determinados estructuralmente** (el subrayado es mío). /...Hay otras expresiones que podrían usarse para describir este fenómeno. Nuestro motivo, sin embargo, para referirnos a él en términos de selección de caminos de cambio estructural es que la palabra ya es indisociable de la historia de la biología después que Darwin la utilizara.*

Es decir: "por motivos históricos" usamos un término, (selección), para describir "justamente lo contrario". Y así, nos encontramos a lo largo del informe, y en referencia a los elementos móviles, con "*estrategias para asegurar su supervivencia*", "*valor adaptativo*", "*competencias*", "*invenciones exitosas* ", "*colonización de genomas*"... Términos trufados de reminiscencias de las viejas interpretaciones antropocentristas, (etnocentristas más bien), de lucha por la vida, y supervivencia del "mas apto", cuya quintaesencia moderna, la teoría del "gen egoísta" afirma que "*los genes compiten entre sí para asegurarse la supremacía de unos sobre otros*". Bajo este prisma deforme, no es extraño que las secuencias repetidas, cuya función, (probablemente muy importante) se desconoce, sean degradadas por muchos genetistas con la denominación de "ADN basura", (otro viejo "tic" cultural, el de denominar "basura" a lo que no se conoce o no se comprende).

Quizás la forma de escapar de este círculo vicioso de preconceptos, datos, e interpretaciones, sea cambiar de perspectiva, dejar de mirar los ladrillos y observar, desde lejos, cómo se construyó la catedral, desde el principio. Es decir, qué datos nuevos tenemos sobre la evolución de la vida. Porque el aumento del poder de resolución no sólo ha afectado a los campos de la Biología con "posibles aplicaciones prácticas". La llamada investigación básica, es decir, la profundización en el conocimiento, está aportando descubrimientos absolutamente revolucionarios pero que naturalmente, no reciben el mismo tratamiento informativo (ni siquiera por parte de las revistas científicas) que los descubrimientos de los "genes de interés comercial", como la del supuesto "gen del sabor dulce", que "*...puede ayudar a los investigadores a producir edulcorantes libres de calorías*" Nature (2001).

Para comenzar con los datos, (no especulaciones), que tenemos sobre el principio de la vida, los primeros **sistemas** vivos que nos encontramos son las misteriosas bacterias, que fueron las responsables no sólo de la creación de las condiciones atmosféricas adecuadas para la vida tal como la conocemos, sino también de la vida misma. La teoría endosimbionte de Lynn Margulis, según la cual las células eucariotas (las que constituyen los organismos animales y vegetales) se produjeron como consecuencia de una agregación de bacterias, se ha podido constatar con la secuenciación del genoma de la bacteria *Richetsia*, que ha resultado extraordinariamente semejante al de las mitocondrias. Pero eso no es todo: W. Ford Doolittle, en su magnífico artículo "*Nuevo árbol de la vida*" (Investigación y Ciencia, Abril, 2000), nos muestra que los genes celulares básicos, los actualmente implicados en la replicación, respiración, producción de energía, son una composición de genes provenientes de

eubacterias, arqueobacterias y cianobacterias. Para los otros genes de los organismos eucariotas, reivindica la necesidad de "**un cuarto dominio**" que aportara, por transferencia horizontal los nuevos genes. Unos genes que "*se ignora de dónde pudieron haber venido*".

Bien, ya tenemos algunos datos que parecen ajustarse a la terminología de la Nueva Biología: Las complejas células que nos constituyen se han formado por integración de sistemas que ya en sí mismos eran complejos y que "*se han conservado*", hasta el extremo de que Radhey S. Gupta (2000) ha podido identificar la procedencia de conjuntos **genes/proteínas** de los organismos eucariotas: los relacionados con la información genética, provienen de arqueobacterias. Los responsables de las funciones metabólicas, de eubacterias. (Es decir, hay en nuestro genoma muchas más de "*doscientas secuencias de origen bacteriano*"). Falta por identificar el "**cuarto dominio**" que aportó los genes responsables de otros procesos, como por ejemplo, los que controlan el desarrollo embrionario de los organismos multicelulares. Y un indicio muy significativo puede estar en uno de los fenómenos más misteriosos de la evolución de la vida: La "Explosión del Cámbrico"; la asombrosa aparición, de una manera repentina, (es decir, no rápida ni "aparentemente repentina"), hace más de 540 millones de años, de todos los grandes tipos de organización animal existentes en la actualidad (moluscos, gusanos, artrópodos, vertebrados) con estructuras tan complejas como patas articuladas, aletas, ojos, tubo digestivo. El significado de este hecho constatado, lo resalta Simon Conway Morris en su artículo "*The Cambrian explosion: Slow-fuse or megatonnage?*" (2000), en el que concluye: *la explosión cámbrica es real y sus consecuencias ponen en marcha un maremoto en la historia evolutiva. Mientras que el patrón de evolución es muy claro, los procesos involucrados siguen todavía sorprendentemente esquivos*".

Los responsables de estos "esquivos" procesos son unos sistemas genéticos denominados "Homeoboxes". Unas **secuencias repetidas en tandem** que funcionan reguladas por unas proteínas específicas (conjunto al que el genetista del desarrollo Antonio García Bellido ha denominado "sintagma", cuya definición en Lingüística es: "*Combinación de diversos elementos en un sólo complejo en la cadena fónica*"): Hay "Homeoboxes" que codifican (significan) ojo, sistema urogenital, oído, proceso de gastrulación. La diferencia entre los "Homeoboxes" de mosca, ratón y hombre, estriba en el número de **duplicaciones** de las secuencias y "*unos cientos de proteínas específicas*" (Morata, 99). En el artículo "*Los genes del Cámbrico*" publicado en la Revista de la Real Academia de Ciencias (99), García Bellido, nos habla de que "*sintagmas completos, en un número creciente de casos, están conservados desde su origen*". Pero, ¿qué organismo, qué "**cuarto dominio**" con capacidad de producir duplicaciones aportó los genes y las proteínas necesarios para la regulación del programa embrionario? No parece razonable, dada la extremada especificidad y conservación de los procesos celulares, que estos últimos se produzcan por mutaciones "al azar" en los genes responsables de la respiración, movilización de energía, etc. Es decir: ¿surgieron los elementos móviles de mutaciones "al azar" de los genes bacterianos para posteriormente, y naturalmente "al azar", adquirir la compleja cápsida vírica, o son los virus el "cuarto dominio" del que proceden los genes del desarrollo?

Recientes (y, al parecer, menospreciados) descubrimientos científicos están mostrando que los fenómenos biológicos son mucho más complejos de lo que las vagas explicaciones del azar y la competencia de la visión tradicional nos habían hecho creer. En mayo de 1999, se publicó en la revista Nature un artículo de J.A. Fuhrman que, a

pesar de su impresionante información, pasó totalmente desapercibido. Su título: "*Virus marinos y sus efectos biogeoquímicos y ecológicos*". Sus conclusiones: En las aguas superficiales del mar hay un valor medio de 10.000 millones de diferentes tipos de virus por litro. Su densidad depende de la riqueza en nutrientes del agua y de la profundidad, pero siguen siendo muy abundantes en aguas abisales. Su papel ecológico consiste en el mantenimiento del equilibrio entre las diferentes especies que componen el placton marino (y como consecuencia del resto de la cadena alimenticia) y entre los diferentes tipos de bacterias, destruyéndolas cuando las hay en exceso. Como los virus son inertes, y se difunden pasivamente, cuando sus "huéspedes" específicos son demasiado abundantes son más susceptibles de ser infectados. Así evitan los excesos de bacterias y algas, cuya enorme capacidad de reproducción podría provocar graves desequilibrios ecológicos, llegando a cubrir grandes superficies marinas. Al mismo tiempo, la materia orgánica liberada tras la destrucción de sus huéspedes, enriquece en nutrientes el agua.

Su papel biogeoquímico es que los derivados sulfurosos producidos por sus actividades, contribuye... ¡a la nucleación de las nubes!. A su vez, los virus son controlados por la luz del sol (principalmente por los rayos ultravioleta) que los deteriora, y cuya intensidad depende de la profundidad del agua y de la densidad de materia orgánica en la superficie, con lo que todo el sistema se regula a sí mismo.

Actividades ecológicas virales de éste tipo se están estudiando en los suelos terrestres, unos suelos también plagados de bacterias, en su mayor parte desconocidas, que cumplen funciones esenciales en la degradación de sustancias tóxicas en la Naturaleza, o en la fijación de Nitrógeno por las plantas, y en la regeneración de suelos y ecosistemas marinos y terrestres. Pero, además, enormes colonias de bacterias viven en el interior de los seres vivos colaborando en funciones fundamentales, como la degradación de sustancias que no pueden digerir o la producción de otras imprescindibles para el organismo. Se ha calculado que el 10% del peso en seco de nuestro organismo corresponde a bacterias. Recientemente, se ha intentado elaborar un cálculo aproximado de su número total (es decir, las que conviven con nosotros en nuestro interior y en el exterior). La aproximación, que tal vez se queda corta (por ejemplo, solo en el intestino de una termita hay cerca de tres millones de bacterias), ha estimado una cifra para toda la Tierra que oscila entre 4 y 6 x 10³⁰ que equivale a cincuenta mil millones de veces el número de estrellas calculado para el universo. ¡Y siempre han estado aquí, incluso cuando para los científicos no existían!: renovando los suelos, colaborando con las plantas, intercambiando genes... En palabra de Lynn Margulis: "*Los organismos vivos visibles funcionan sólo gracias a sus bien desarrolladas conexiones con la red de vida bacteriana /.../ toda la vida está embebida en una red bacteriana autoorganizadora, que incluye complicadas redes de sistemas sensores y de control que tan sólo empezamos a percibir*"

Parece que, por fin, empezamos a disponer de un lenguaje adecuado para describir los fenómenos biológicos. Un lenguaje susceptible de ser aplicado a los fenómenos **observados**, que es lo que echa de menos el prestigioso paleontólogo Niles Eldredge en su magnífico libro "*Síntesis inacabada*"(1997): "*Hay biólogos, que trabajan con otros fenómenos distintos de las especies y los grupos monofiléticos, que experimentan dificultades epistemológicas y ontológicas al tener que explicar sus datos con los instrumentos aportados por la teoría sintética*". Los "**datos**", lo que se observa en el registro fósil, no son individuos o especies evolucionando gradualmente y al azar, sino ecosistemas de gran estabilidad y duración en los que todos los individuos,

estrechamente interrelacionados, cambian súbitamente en relación con bruscos cambios ambientales. Eldredge nos habla de una relación de "*procesos jerárquicos*" en la Naturaleza: "*Nada, (literalmente ninguna cosa, ninguna entidad) existe por separado en ninguno de los sistemas de procesos jerárquicos*". Y éste fenómeno, que para los militantes de la "vieja Biología" puede resultar una figura retórica, acaba de "aparecer" súbitamente como un misterio más de la evolución que "*rompe los antiguos árboles filogenéticos*" (Nature, 2001). Dos trabajos, realizados independientemente, y publicados en Nature (febrero 2001) han llegado a las mismas conclusiones: han estudiado secuencias de genes de una gran cantidad de mamíferos salvajes. A pesar de que las secuencias estudiadas eran diferentes en los dos trabajos, los resultados, semejantes, eran los siguientes: las estrechas semejanzas en sus secuencias separa a los mamíferos en cuatro grupos: Afrotheria (Mamíferos africanos), Laurasiatheria (Eurasíaticos), Xenartra (mamíferos de Centro y Sudamérica) y Euarchonta + Glires, (¡Primates, incluido el hombre, y roedores!). Los dos grandes grupos independientes de los dos primeros continentes poseen formas de ungulados, carnívoros, acuáticos... Es decir, para ellos, no parecen haber evolucionado agrupados según el criterio tradicional (ungulados, carnívoros, etc) sino que, en cada continente, han "surgido" las distintas morfologías y las distintas funciones en la pirámide ecológica. La "explicación" del extraño fenómeno es que "*Muchas adaptaciones de los mamíferos placentados, abarcando desde acuáticos a voladores, han evolucionado muchas veces independientemente*" (si ya resulta difícilmente explicable que una de las "adaptaciones" como, por ejemplo, el vuelo, surja una vez como consecuencia de la selección natural actuando sobre mutaciones al azar, qué decir de todas esas "*muchas adaptaciones*"). Aunque el fenómeno se califica en la revista como "*radiaciones adaptativas paralelas*", un "relicto" de la vieja Biología consistente en poner un nombre a un fenómeno como si eso lo explicase, lo cierto es que parece ajustarse más a las observaciones de Eldredge: *evolución de ecosistemas*, en la que tienen que estar forzosamente implicados mecanismos de transferencia horizontal de genes, incluidos los del desarrollo.

¿Extraño? Veamos una pista: En diciembre del año 2000, Nature publicó "*el primer genoma completo de una planta que se libera a la comunidad científica*": *Arabidopsis thaliana*. Una herbácea elegida por su genoma pequeño (5 cromosomas), pero con un número de genes próximo a los 25.000, de los que casi el 80% están duplicados. Además de la existencia de una gran cantidad de "elementos móviles", se ha podido constatar que cerca del 60% de los genes de *Arabidopsis* los comparte con otras plantas, animales y hombre (entre estos el "famoso" gen *BRCA2*, considerado "uno" de los responsables del cáncer de mama). Y es sólo el primer genoma vegetal "liberado" por las empresas privadas a la comunidad científica...

Llegados a este punto, quizás sea conveniente detenernos en otra pequeña reflexión. Estamos comenzando lo que se ha dado en llamar "El siglo de la Biología", en referencia a las "mágicas" aplicaciones de ella que iban a producir grandes mejoras en la calidad de vida de "la Humanidad". Pero, justo al comienzo, nos hemos encontrado con que lo que se abre ante nosotros es un punto de partida para una nueva visión de la Naturaleza, que hay que comenzar a reinterpretar, a comprender. Las perspectivas más optimistas, como las de Francis Collins, predicen un mínimo de 20 años para comprender realmente el genoma (para otros, cien). Solo entonces "*se podrán realizar de forma segura cambios genéticos en la línea hereditaria*". Y éste es el problema. La necesidad, al parecer perentoria, de manipular los genes, de introducir

cambios genéticos artificiales en la Naturaleza. Un proceso que ya ha comenzado con la manipulación de procesos mal conocidos, siempre con el lastre de las viejas interpretaciones y muchos de ellos ocultos bajo el oscuro manto de fuertes intereses comerciales:

"La terapia génica es todavía arriesgada, pero los intentos siguen en marcha" , advierte el Comité de Ética de la Organización del Genoma Humano, -HUGO-, (Nature, 2001). Porque no parece, por el momento, que las empresas patentadoras de "genes" y de metodologías, tengan gran interés en compartir gratuitamente con la comunidad científica los resultados de sus grandes inversiones, (al parecer, el 25% de las acciones de Wall Street pertenecen a empresas de Biotecnología).

Un principio científico básico es que hasta que no se conoce totalmente un fenómeno no se pueden establecer predicciones. Y el fenómeno de que estamos hablando, la vida, es de tal complejidad que necesita de puesta en común no sólo de la información proveniente de paleontólogos, microbiólogos, ecólogos... sino, como vimos al principio, de físicos, químicos, matemáticos... Se está empezando a comprender la dinámica de los sistemas complejos. Según A.L. Barabasi, físico estadounidense, los sistemas complejos se establecen en redes que distan mucho de ser aleatorias: *"Presentan un elevado grado de orden y universalidad que, en todos los aspectos, ha sido algo bastante inesperado. Redes tan aparentemente diversas como el metabolismo, los ecosistemas, o Internet, son generalmente muy estables y resistentes , aunque sean propensas a ocasionales colapsos catastróficos"* (la "complejidad al borde del caos" de los físicos).

Una reflexión dentro de la reflexión: estamos comenzando a percibir los desastrosos resultados de la visión economicista y reduccionista de la Naturaleza. Para completar el cuadro, sólo falta la emisión de "contaminación biológica" incontrolable y de duración indefinida...

La nueva Biología tiene, desde luego, mucho trabajo por delante. Pero ya tenemos un punto de partida con una base científica y con datos que parecen ajustarse a ella: Nuestros componentes básicos, las células, se autoorganizaron mediante la **"integración de sistemas complejos"**: las bacterias. El siguiente "salto" de nivel de complejidad, los organismos multicelulares, (los programas embrionarios), se tuvo que producir mediante la **"transferencia horizontal"** (integración) de sistemas que contuvieran los genes y proteínas específicos procedentes de **"un cuarto dominio"** (quizás algún día se les reconozcan sus derechos a los virus). Los siguientes "saltos" evolutivos produjeron unas misteriosas "radiaciones paralelas" que implicaban a ecosistemas enteros. Todavía las bacterias y los virus (estos últimos olvidados por Margulis) continúan intercambiando genes, regulando ecosistemas, manteniendo la complejidad, "embebiendo la red de la vida".

Sí, parece que queda mucho trabajo por delante. La cifra de veinte años para *"hacer cambios genéticos con seguridad"* puede ser muy optimista, como posiblemente lo son las afirmaciones sobre la inminente "medicina individualizada", o la generación de expectativas muy lejanas por el momento, cuando no de un futuro delirante: *"Podremos crear vida"; "Si conseguimos limpiar el ADN, podremos sobrepasar los 120 años"...* Pero, quizás la primera necesidad sea detener este camino irracional y reflexionar sobre la patente incongruencia entre realidad, necesidades (prioridades) y

expectativas. Unas expectativas creadas con anterioridad a estos nuevos descubrimientos, basadas en una concepción reduccionista y determinista de los "mecanismos" genéticos, y dirigidas por intereses con muy poco de científicos (muchos de los "problemas" que pretenden solucionar no son, obviamente, los principales problemas de la Humanidad).

Parece que se impone una profunda reflexión, una puesta en común (sin ocultamientos ni "patentes"), de los nuevos descubrimientos, algunos tan impresionantes que hacen pensar que los fenómenos fundamentales de la historia de la vida escapan a nuestra capacidad de imaginación, acotada por la forma de pensamiento reduccionista y "lineal" de la vieja Biología.

Sin duda, será difícil desprendernos de las interpretaciones científicas (y del vocabulario) del viejo paradigma tan imbricado, desde su origen, con el modelo económico y social del azar como fuente de variación (oportunidades) y la competencia como motor de cambio (progreso), concepto, éste último, que impone la necesidad de "competidores" en la Naturaleza, ya sean imaginarios o creados previamente por nosotros, pero que, sobre todo, induce a la realización de preguntas inadecuadas, con lo que es probable que obtengamos respuestas inadecuadas. Es decir, quizás no se trate, por ejemplo, de "cómo acabar con los peligrosos virus y bacterias patógenos", sino preguntarnos qué es lo que los convierte en patógenos.

Pero el recurso al "azar" de la vieja Biología que, en su origen, era en realidad desconocimiento, se ha convertido en una panacea paralizadora, resistente al cambio de interpretación mediante su capacidad de asimilar cualquier nuevo descubrimiento sobre "mecanismos" de cambio genético, por complejos que sean, como "otra" modalidad de mutación al azar. Y, al mismo tiempo, (y esto quizás sea mas grave), la idea de cambio aleatorio y sin sentido libera de responsabilidad a los manipuladores de fenómenos de la vida, cuya complejidad y cuyo sentido desconocemos.

Sin embargo, precisamente es el aumento de la capacidad de manipulación de procesos biológicos (y sobre todo, la urgencia de su rentabilización), las que suponen una gran responsabilidad para sus practicantes: la de interferir en la "red de la vida", en la que están implicados microorganismos cuyas actividades y capacidades sólo estamos comenzando a comprender, pero de los que desconocemos hasta donde pueden llegar en su respuesta a nuestras agresiones.

La Nueva Biología se ha de construir sobre una visión de la Naturaleza en la que todo, hasta el menor microorganismo y la última molécula, están involucrados en el mantenimiento y regulación de la vida sobre la Tierra, en la que no sobra nada, (ni nadie), porque probablemente, todos tienen su función y, si es así, no sólo tienen "derecho" a existir (un derecho que nadie tiene la prerrogativa de concederles ni quitarles), sino que es muy posible que sean imprescindibles.

Sin duda, este cambio de concepción será difícil, porque no depende sólo de una reinterpretación científica de la Naturaleza. Los términos "competencia", "explotación de recursos", "coste-beneficio", "rentabilidad"... son parte constituyente de la "realidad" dominante. Y la situación y la dinámica actuales del Mundo no parecen caracterizadas ni dirigidas precisamente por la reflexión...

BIBLIOGRAFÍA

- BALL, P. 2001. Ideas for a new biology. *Nature science update*. **12 Feb.**
- DOOLITTLE, W. F. 2000. Nuevo árbol de la vida. *Investigación y Ciencia*. **Abril**. 26-32.
- ELDREDGE, N. 1997. Síntesis inacabada. *Fondo de cultura económica*. México.
- FUHRMAN, J. A. 1999. Marine viruses and their biogeochemical and ecological effects. *Nature*. **399**,541-548.
- GARCÍA BELLIDO, A. 1999. Los genes del Cámbrico. *Rev.R.Acad.Cienc.Exact.Fis.Nat. (Esp)*. Vol. **93**, N° 4.
- GEE, H. 2001. Evolution: Shaking the family tree. *Nature science update*. **1 Feb.**
- GUPTA, R. S. 2000. The natural evolutionary relationships among prokaryotes. *Crit. Rev. Microbiol.* **26**: 111-131.
- LOK, C. 2001. Sweet tooth gene found. *Nature science update*. **23 Ap.**
- 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.
- O'BRIEN, S.J. *et al.* 2001. Molecular phylogenetics and the origins of placental mammals. *Nature*. **409**,614-618
- PEARSON, H. 2001. Human gene therapy worth the risk. *Nature science update*. **20 Ap.**
- SPRINGER, M.S. *et al.* 2001. Parallel adaptative radiations in two major clades of placental mammals. *Nature*. **409** ,610-614.
- THE ARABIDOPSIS GENOME INITIATIVE 2000. Analysis of the genome sequence of the flowering plant *Arabidopsis thaliana*. *Nature*. **408**,796-815.
- THE GENOME SEQUENCING CONSORTIUM 2001. Initial sequencing and analysis of the human genome. *Nature*. **409**,860-921.