



El Árbol de la Vida

Creció en mi frente un árbol
Creció hacia adentro.
Sus raíces son venas.
Nervios sus ramas.
Sus confusos follajes pensamientos.
Allá adentro, en mi frente,
El árbol habla.
Acércate, ¿lo oyes?
Árbol adentro, Octavio Paz

Desde la profundidad de la selva, la inmensidad del matorral y el abismo del océano, los investigadores persiguen al ancestro universal. Esa criatura unicelular de escasos rasgos, que habitó aguas hirvientes hace 3,5 millones de años y de la cual surgieron, durante la evolución, los grandes reinos que conforman la naturaleza. La ciencia aspira a pintar un retrato genético de los antepasados, levantar un árbol genealógico de la vida, en el cual todas las formas orgánicas visibles son los brotes delgados en la punta de la rama eucariota. La definición del organismo que existía en este punto de arranque -cuándo y dónde habitó- ayudará a la comprensión del origen de la vida terrestre, uno de los objetivos principales de la biología y uno de los mayores retos científicos de la humanidad para explicar incluso su propio origen.

Corría el año de 1873 cuando Charles Darwin dibujó en su libreta de notas un simple árbol con unas cuantas ramas, y en la parte superior de la hoja escribió: "*I think*". En este diagrama cada rama la identificó con una letra que representaba una especie y planteó que todas se relacionan, al evolucionar de un ancestro común. Veinte años después, Darwin presentó lo que se ha denominado, la genial y portentosa idea, del Árbol de la Vida en "*El Origen de las Especies*". Desde entonces, la biología evolutiva se ha dedicado a descubrir ramas y hojas, e incluso posibles raíces, de este árbol. Mediante ADN y fósiles, los científicos han establecido las relaciones de múltiples grupos de organismos, bocetos de este árbol de la vida, en el cual los animales y los hongos se localizan en una parte del árbol, por cierto muy lejos de las propias plantas.

La hoja de ruta para encontrar el ancestro universal; sin embargo, resulta a la luz de nuevos datos, un mapa de suma complejidad, que incluso ha dado direcciones erróneas; pero sobre todo, se proponen nuevas teorías acerca del rumbo que tomaron las primeras formas de vida. Trabajar con los antepasados, en un ejercicio basado en la secuencia de letras de ADN en los genes, se asemeja a la forma en que los filólogos reconstruyen las palabras de la desaparecida lengua materna, aquí se buscan las expresiones primigenias de sus descendientes vivos. Los genes que realizan la misma función tanto en las células humanas, como en las bacterianas; por ejemplo, puede tener una ortografía común reconocible y similar en sus cartas de ADN, lo que refleja que sus genes provienen de un ancestro común. En un gen tal, la similitud humana-bacteria es tan alta como 45 por ciento.

La esperanza de reconstruir el ancestro de los genes tuvo un nuevo impulso hace años, cuando el primer ADN completo, genoma, de una bacteria fue descifrado y leído. A partir de ese momento, los genomas de una docena de microbios han sido secuenciados, los cuales forman parte, al menos de una, de las tres ramas principales del árbol evolutivo. En palabras del Dr. Eugene Koonin: "Hace años estábamos muy confiados y arrogantes en nuestra ignorancia, ahora: "... estamos empezando a ver la verdadera complejidad de la vida."



Fuente: Cambridge University Library

Darwin esbozó un árbol en 1837 con una advertencia: "Creo."

A pesar de la ciénaga en la que los esfuerzos actuales se han empantanado, los biólogos mantienen la confianza de confirmar la tesis convencional de que la vida evolucionó en la tierra de los procesos químicos naturales. Sin embargo, un fermento de repensar y reagrupar está en marcha. Ahora, investigadores de todo el mundo están delineando, con todas las especies conocidas, un árbol

de la vida con cerca de dos millones de ramas, en un trabajo que se ha dado en denominar: "... un enorme paso para el conocimiento evolutivo". Hasta hace poco, un árbol completo de la vida habría sido inconcebible. Para averiguar cómo las especies están relacionadas entre sí, los científicos examinan cada forma posible y sus mutuas dependencias. Por cada especie adicional, el número de árboles posibles se expande. De hecho, los biólogos han determinado más árboles para tan solo 25 especies, que estrellas han identificado los astrónomos en el universo conocido.

Se ha superado este problema de expansión, mediante la programación para examinar la relación más probable entre los taxa. Con suficiente poder de procesamiento, las computadoras analizan decenas de miles de especies a la vez. Aunque estos estudios han generado resultados en pequeñas porciones del árbol de la vida: "Nadie ha tratado de poner todos los resultados juntos" sentencia la actual líder de la iniciativa, Karen Cranston investigadora del Centro Nacional de Síntesis Evolutiva en Durham, Carolina del Norte. En 2011, la doctora Cranston y otros expertos fueron convocados por la Fundación Nacional de Ciencias, para "plantar" la idea de un solo árbol de la vida.



Fuente: Galaxia de la Vía Láctea Condenado: Colisión con Andrómeda. [NAZA](#), [ESA](#), Z. Levay y R. van der Marel ([STScI](#)), y Mellinger A.

Se han determinado más árboles para tan solo 25 especies, que estrellas se han identificado en el universo.

El primer objetivo del proyecto, conocido como el Árbol de la Vida Abierto (*Tree of life web project*), es recopilar decenas de miles de árboles evolutivos para ejecutar su "injerto" en árboles paulatinamente más grandes, los cuales, hasta ahora, representan una pequeña fracción de todas las especies conocidas en la tierra. El resto, se clasifican en el antiguo sistema de Linneo, en el que se asignan a un género, que se refiere a una familia, que se estipula a un orden y así sucesivamente hasta conformar un reino. Se está usando dicha información, producto del trabajo de cientos de años, para colocarlas en el árbol.

Todas las especies de un género, por ejemplo, pertenecen a las ramas que descienden del mismo ancestro común. El

sistema de Linneo le dará al árbol una imagen aproximada de las verdaderas relaciones entre las especies. "Parte de ella será muy buena, aunque no tanto, como la suma de sus partes", refiere la comunidad de biólogos evolucionistas que se enfrentan a levantar el árbol. Para ello, se han puesto en marcha portales de internet donde los científicos suben sus estudios, que luego son utilizados de forma automática para revisar y confrontar todo el árbol.

Conforme el Árbol de la Vida sea más preciso, también seguirá creciendo y su complejidad aumentará. Cada año los científicos publican descripciones de 17,000 nuevas especies. ¿Cuántas faltan por descubrir? es una pregunta abierta: se estima un total de 8.7 millones, pero hay quien piensa, que bien podría multiplicarse por diez esta cantidad. Cuando los científicos publican los detalles de una nueva especie, por lo general se compara con las conocidas, para determinar sus parientes más cercanos y se carga esta información al Árbol. Los científicos que extraen el ADN de especies previamente desconocidas podrán también añadir su información. Las más conocidas, de animales y plantas, ocuparán sólo una pequeña parte del árbol, ya que la mayoría de la biodiversidad es microbiana, misma que constituye un desafío especial. Las ramas del Árbol de la Vida representan cómo los organismos transmiten sus genes a sus descendientes.

Los microbios pueden transferirse genes entre sí, y es posible que esas transmisiones se unan a las ramas separadas por miles de millones de años de evolución. Por eso se estudia la construcción de una base de datos que incluya esas transferencias de genes y la mejor manera de visualizarlos. Ese es un tema que los científicos tienen la intención de abordar en los próximos años, por lo que algunos se reservan su opinión sobre el proyecto, hasta que se puede vislumbrar el árbol en la pantalla de sus computadoras. De hecho, hay quienes, ante la complejidad, son aún más escépticos; en tanto que, ven a los árboles grandes solo como un problema difícil, cuya solución hasta ahora se ha resistido, y están a la espera del equivalente a un Google map.

Grupos de investigadores aguardan utilizar el árbol en la exploración de la historia de la vida y, así, resolver importantes incógnitas, como el por qué la evolución funciona a velocidades diferentes en distintos linajes. El árbol servirá para identificar las explosiones evolutivas y su estruendo a través de la crónica de la vida. También será factible visualizar cómo fenómenos tales como el cambio climático han llevado, en el pasado, a extinciones; además de hacer predicciones, sobre el particular. Otros confían en que el Árbol permitirá enfrentar cuestiones urgentes, que se extienden más allá de la biología evolutiva, como la formulación de nuevos fármacos, de tal manera que los intentos para el tratamiento de las bacterias infecciosas se halle en los hongos que hacen a los antibióticos más eficaces. Una gran parte del árbol de la vida, en realidad, no es de forma arbórea.

En la búsqueda universal del ancestro los investigadores han seguido un cuadro cuasi sagrado hasta ahora denominado el árbol de ARN ribosomal filogenético, el cual es un árbol genealógico elaborado por Woese y basado en un gen utilizado por todas las células vivas para especificar el ARN ribosomal, un componente de la maquinaria que traduce la información genética en partes de trabajo. Fue este árbol que llevó a Woese a reconocer la división tripartita de los seres vivos y darse cuenta de que uno de los tres reinos pertenecía a Archaea, supuestamente una especie rara de bacteria. Muchas de las ramas más profundas en el árbol resultaron pertenecer a los organismos que viven en lugares con altas temperaturas. Esa pista se adapta bien a las nuevas ideas de que la vida se originó en sitios con temperaturas volcánicas. A la luz de la evidencia se sugiere que la región más antigua de la ARN ribosomal del árbol está en la rama principal del reino bacteriano. Con la nueva capacidad de decodificar el ADN completo de un microbio, es que se descubrió que estos microbios de alta temperatura, que los biólogos han elegido para algunos de sus primeros objetivos. *Aquifex aeolicus*, un habitante de Parque de Yellowstone, que vive a cinco grados por debajo del punto de ebullición del agua, es el más profundo de la ramificación de todas las bacterias conocidas.

La transferencia horizontal de genes entre los reinos enredan gravemente las líneas de los árboles genealógicos. "Lo que me impresiona es que el patrón de genes que vemos entre los organismos no se reduce a un caos total", dijo un miembro del equipo de *Aquifex*, Gary Olsen, de la Universidad de Illinois. Es de suponer que debido al tránsito de genes hacia los lados en el pasado distante, tanto arqueas como eucariotas parecen depender de genes del tipo bacteriano para gestionar la mayor parte de su metabolismo químico. La mayor inquietud de algunos investigadores es, quizás, que la evolución sea indescifrable, por todos los cambios que tuvieron lugar al azar. La buena noticia es que eso no es claramente el caso. Creo que será completamente descifrable, pero debido a la transferencia horizontal, el árbol puede parecerse más a una red neuronal. Venter, pionero en la secuenciación de los genomas microbianos, estima que es necesario secuenciar entre 50 y 100 genomas más para ayudar a triangular, de nuevo, al último ancestro común.

Los biólogos evolutivos están trabajando en varios métodos para ver más allá de la confusión causada por la transferencia lateral. Los biólogos computacionales creen posible identificar a 100 o más genes que el ancestro común debe haber poseído - en su mayoría los que administran el ADN y su traducción en proteínas - y qué otros se pueden agregar con distintos grados de certeza. La mayoría de los biólogos, todavía, favorecen la visión convencional de que el ancestro universal era un organismo bastante sofisticado que había recorrido un largo camino desde el origen de la vida. Sin embargo, algunos genes eucariotas importantes no tienen antecedentes claros, ya sea en el

dominio Archaea o en las líneas bacterianas. La familia de genes que producen el marco rígido de las células eucariotas, conocido como el citoesqueleto, parece surgir de la nada.

"La ausencia de secuencias estrechamente relacionadas con las proteínas que cambian lentamente del citoesqueleto eucariota sigue siendo inquietante", escribió el doctor Russell Doolittle, de la Universidad de California en San Diego, en la revista *Nature*. Otros biólogos evolutivos, tiene una explicación, aunque admiten que todavía no disfrutan de pruebas. Él argumenta que podrían haber existido muchas ramas perdidas del árbol de la vida antes del ancestro universal. Una de estas ramas, el cuarto reino de la vida, podría haber contribuido con los genes del citoesqueleto a la Eukarya antes de extinguirse.

Una nueva teoría sobre el ancestro universal, fue desarrollada por Woese, quien argumenta que los tres reinos surgieron de forma independiente desde un fondo común de genes. La vida aparece con una rapidez sorprendente. Así el planeta se convirtió en habitable, solo hace unos 3,850 millones años atrás. Sin embargo, en 3,5 millones de años, de acuerdo con los primeros registros fósiles, las células vivas estaban floreciendo, y hay signos indirectos de la vida incluso antes, en las rocas que son de 3,8 millones de años. Los biólogos cada vez coinciden más con la opinión de que la vida aparece a partir de precursores químicos, como un evento que muy probablemente no requiere miles de millones de años para ponerse en marcha. Empero el conocimiento acerca de los albores de la vida, "evoluciona" rápidamente.

Si el ancestro fue un grupo de organismos, como Woese sugiere, y no una especie particular; puede ser aún más difícil de captar su imagen. Pero el conocimiento acerca de esta época lejana, en los albores de la vida, se mueve tan rápido que pocos biólogos están preocupados por los contratiempos.

Las ciencias forestales, sobre todo aquellas que se desarrollan en países megadiversos, como son por excelencia las naciones latinoamericanas, tienen la encomienda de sembrar muchos más de estos árboles de la vida a través de la descripción, taxonomía y análisis filogenético de las especies que pueblan los ecosistemas, bosques y biomas. La vigorosa investigación que se realiza en Brasil, Costa Rica y Colombia otorgan información relevante y la creación en México del Centro Nacional de Recursos Genéticos es una muestra de este interés por incrementar la información que se dispondrá en el mundo para construir su historia evolutiva.

La Revista Mexicana de Ciencias Forestales espera consolidarse como el medio de difusión de los resultados de muchas de estas investigaciones de frontera.

Carlos Mallén
Editor en Jefe



Imagen del Árbol de la Vida © 2007 Proyecto Web.

En la guía para la interpretación de la imagen del proyecto Árbol de la Vida se especifica que los hechos científicos están representados más no sus conclusiones; además se indican premisas: la vida en la tierra comparte una historia común genética con un origen complejo; las ramas corresponden a la diversificación, en estirpes descendientes, de los linajes de los organismos; y el árbol crece desde la parte inferior (el origen) a las puntas (las especies actuales). La historia temprana de la vida se mantiene oscura a propósito. La evidencia reciente indica que en lugar de descender de una sola "célula primordial", los primeros organismos podrían haber evolucionado en un entorno caracterizado por la organización celular y el frecuente intercambio de material genético, que se mantuvo entre organismos lejanamente relacionados, incluso después de que distintos linajes genéticos se establecieron. No se deben sacar conclusiones acerca de la diversidad relativa de los diferentes grupos de seres vivos, debido a que se trata de un diagrama general. Se recomienda imaginar el árbol en tres dimensiones y observarlo desde un ángulo, centrándose en algunos de los grupos con menor número de especies, como las plantas y los vertebrados. Las longitudes relativas de las ramas no son indicadores de los niveles del avance de la evolución, la colocación de las puntas de las ramas de eubacterias y archaea en la parte inferior del árbol no significa que estos son más primitivos. Todos los organismos en las puntas del árbol viven hoy, y por lo tanto, se deben mostrar en el mismo nivel de tiempo. Un resumen de todo el árbol en una imagen es bastante difícil, porque hay un gran número de especies (alrededor de 1,8 millones han sido descritas, pero muchas más se sabe que existen), y quedan aún muchas relaciones entre los grupos por resolver.

Fuentes:

Carl Zimmer, Tree of Life Project Aims for Every Twig and Leaf. New York Times, June 4, 2012

Nicholas Wade, Tree of Life Turns Out to Have Complex Roots. New York Times, April 1998.

<http://www.tolweb.org/tree/>