



EL GENOMA UNIVERSAL

La evolución, tal como ha sido tradicionalmente entendida, ha comenzado en los seres más simples, dirigiéndose hacia una mayor complejidad. Un trabajo publicado por el periódico científico "Cell Cycle" propone que lo opuesto es el caso de un **Genoma Universal** como origen del árbol de la vida. Este artículo es de **Michael Sherman de la Escuela Médica de la Universidad de Boston**, el cual introduce una hipótesis acerca de la evolución que parece ridícula desde el punto de vista de la teoría clásica darwinista de la evolución. Esta nueva visión se basa en la idea de un antiguo Genoma Universal.

Esta hipótesis, supone que los progenitores del desarrollo animal incorporaban más o menos **un completo genoma universal**, que contenía las instrucciones no sólo para los organismos que incorporaban ese genoma, sino también **para todos los animales que pudieran desarrollarse más tarde**. Animales complejos, desarrollados a partir de formas primitivas o iniciales, según esta hipótesis de Sherman, no llegaron a esta nueva morfología porque adquirieran nueva información genética, sino porque se habrían activado genes **que estaban presentes, pero dormidos en las formas primitivas**.

Esta idea se encuentra tan lejos de las teorías desarrolladas sobre la evolución que necesita ser considerada con un sano escepticismo. Sin embargo Sherman hace un análisis tan serio y convincente que esta posibilidad debe ser investigada. Éste científico afirma que su hipótesis proporciona **dos predicciones: la primera**, que los precursores iniciales de la evolución tenían una gran cantidad de ADN no funcional en ellos, pero funcionales en animales futuros mucho más complejos. **La segunda** es que esta parte de ADN no funcional debe ser posible activarla en los organismos sencillos, y en consecuencia iniciar el desarrollo de características presentes en organismo mucho más evolucionados.

El registro fósil muestra una tremenda rapidez en la aparición de la mayoría de los grupos de animales en un corto periodo de tiempo, hablando geológicamente, lo que es difícil de explicar según la teoría del Darwinismo tradicional. El modelo del Genoma Universal, sin embargo, puede explicar este hecho más fácilmente. Si los genes para todas las formas de animales futuros estuvieran presentes en un organismo unicelular o multicelular primitivo, un poco anterior al periodo Cámbrico, la diversificación podría ocurrir mucho más rápidamente y con menos intermediarios, que si toda la complejidad añadida a través de mutaciones y cambios sucesivos en los genomas de los organismos, tuviera que ser producida a partir de un inicial precursor primitivo.

El modelo también ofrece una explicación para las dos desconcertantes características de los genomas de los animales. – **La presencia de genes para la creación de estructuras en organismos que no tienen esas estructuras y la**

aparentemente no correspondencia del tamaño del genoma con la complejidad del animal.

Sherman muestra un ejemplo de ello: **Una medusa** de la clase Cubozoa, con un tamaño del cuerpo del tamaño de la cabeza de un hombre. Esta medusa (invertebrado) tiene ojos que se parecen a los de los cordados (*todos los animales vertebrados son cordados*), tanto morfológica como genéticamente.



Sherman señala **la falta de concordancia en eficiencia** de las diferentes partes del ojo de la medusa Cubozoa, como una evidencia de programas genéticos preexistentes en este animal, en parte sin funcionalidad. La medusa tiene **lentes en sus ojos altamente eficientes**, que no tienen uso, porque el resto de sus ojos no están tan avanzados; **sería como poner un motor a reacción en un avión de los hermanos Wright**.

Tal discordancia es desconcertante para la teoría darwinista de la evolución, porque la selección natural no puede actuar sobre una característica, **si ésta no confiere una ventaja o desventaja**, según la idea de la supervivencia del más apto. Es difícil hacerse una idea de cómo la selección natural podría llegar a obtener un órgano (el ojo de la medusa) sin uso eficiente, pero estructuralmente dotado de lentes óptimas. **La idea de lentes prediseñadas en el genoma de un ancestro inicial y primitivo** podría resolver el problema.

El estudio también señala que la complejidad total de los genomas no varía mucho entre diferentes formas de animales **(1)**. **En muchos casos organismos simples tienen genomas complejos**. Esto es desconcertante para la teoría de la evolución, pero tiene sentido si comenzando por un genoma universal completo éste se va recortando o reduciendo, al producir nuevos y diferentes grupos del reino animal, más que si se parte de un simple genoma que se vuelve complejo poco a poco.

Síntesis de "Universal Genome in the Origin of Metazoa: Thoughts About Evolution". Michael Sherman. CellCycle August 1, 2007.

(1) NOTA La especie humana posee un número mucho menor de genes que lo que se había supuesto previamente. Los últimos datos, sitúan el número de genes humanos en unos 20.500. La pulga de agua, tiene 31.000 genes, el ratón 23.000, el gusano (*C. elegans*) más de 21.000, el perro 19.300, la mosca, posee 17.000. El 60% de los genes de la mosca, el 90% de los de las ratas, y el 99% de los del chimpancé son similares a nuestros genes.

Parece que la superioridad o complejidad, no está dada precisamente por el número de genes. Posiblemente juega un papel muy importante, en la complejidad, el número de pares de bases del genoma, y quizás más aún, cuántas proteínas pueden codificarse por un mismo gen, y cómo los genes se pueden activar o desactivar para interactuar entre sí, hasta llegar a la complejidad de un ser humano.

En los dos próximos números de Especial Jóvenes, expondremos algunas ideas y opiniones de dos relevantes científicos españoles en este campo.