

Per molts anys, Mr. Darwin!

Sobre l'origen de les espècies (de llagosta)

Ferran Palero i Pastor

Departament de Genètica
Universitat de Barcelona
Av. Diagonal, 645
08028 Barcelona

Article presentat al: Premi de Comunicació Científica JOAN LLUÍS VIVES
Modalitat B (Ciències bàsiques, Ciències de la salut, enginyeries i architectures)

(Basat en el projecte de tesi “Genètica evolutiva en llagostes de l’infraordre Achelata”
del mateix autor, subvencionat per la Generalitat de Catalunya amb la beca 2004 FI
00835)

Per molts anys, Mr. Darwin! Sembla que va ser ahir quan vosté salpava amb el HMS Beagle per a fer la volta al món i ja han passat 200 anys del seu naixement! Les experiències que vosté va viure i les dades que va recollir en aquell viatge van ser fonamentals per a la redacció de “L'origen de les espècies” , publicat ara fa 150 anys. Prenent profit de la perspectiva que ens dóna el temps, es pot afirmar que amb el seu viatge en el Beagle vosté va realment “donar la volta al món”. Probablement no s'esperava que avui en dia la seua obra encara fóra considerada com una peça clau en el desenvolupament del coneixement humà, una espenta decisiva que va capgirar la societat occidental i gràcies a la qual es va poder posar en un context objectiu la realitat sobre l'origen de la diversitat biològica.

Quan els biòlegs estudiem amb detall qualsevol grup d'organismes, ens hi trobem molts tipus de diversitat: diversitat morfològica, ecològica, comportamental, etc. La veritat és que aquesta diversitat és tan gran que no ens hem d'estranyar que molts pensaren que sols un Déu totpoderós podria crear tanta riquesa. Tanmateix, gràcies al seu treball de síntesi, ens va demostrar que l'evolució de la vida a la terra està governada per causes que són comprensibles per a la ment humana. Gràcies a vosté ara sabem que tota aquesta diversitat no va aparèixer de cop i volta i que no és deguda simplement a l'atzar, sinó que és principalment el resultat d'un procés gradual d'adaptació dels éssers vius a la diversitat de medis que es troben a la natura.

El raonament que vosté ens va plantejar és tan senzill que tothom el pot entendre. Si partim del fet que les característiques d'un individu tendeixen a passar als seus descendents de forma més o menys constant i que alguns individus aporten més descendents que altres a la següent generació, les característiques genètiques d'aquests individus seran més freqüents dins la població al llarg del temps i la composició genètica de la població canviarà paulatinament.

Vosté va predir que, a mesura que aquest procés continuara al llarg de les generacions, es produirien noves espècies. Així, la gran varietat d'espècies actuals s'hauria generat per un procés continuu de divergència i separació de llinatges, a partir d'avantpassats comuns, com si tots els éssers vius formaren una gran família.

Probablement li alegre saber que la seva teoria s'ha vist recolzada al llarg del segle XX amb el descobriment de les molècules fonamentals per a la transmissió dels caràcters hereditaris. Aquestes molècules s'anomenen àcids nucleics i la més famosa és l'àcid deoxiribonucleic (ADN). L'ADN és com una cadena que presenta quatre tipus diferents de molècules ordenades seqüencialment (els nucleòtids: A-C-T-G). És la seqüència d'aquestes quatre bases la que codifica la informació, així que el "missatge" GATACA és diferent de TACATA. Fins i tot hem sigut capaços de crear màquines que realitzen moltes còpies de l'ADN d'un ser viu i així som capaços de "llegir" la informació genètica de cada individu. Veritat que sembla increïble que els homes hagen pogut arribar a relacionar les seues idees sobre l'evolució de la vida amb el contingut d'unes simples molècules? Això és un bon regal d'anniversari, no li sembla?

Doncs hi ha molt més al darrere d'aquestes tècniques. El fet que podem comparar les seqüències d'ADN d'un individu amb un altre ens serveix per a reconstruir les relacions evolutives entre ells. Així, les tècniques d'anàlisi molecular ens permeten "fer un viatge cap al passat" i reconstruir aquest procés de divergència entre grups d'organismes, el que anomenem reconstruir la seua filogènia (filo = fulla, branca; gènesi = origen, naixement). A més a més, aquestes eines d'anàlisi molecular ens permeten estudiar la diversitat genètica a diferents nivells evolutius, des de divergències que van ocórrer fa centenars de milions d'anys fins a divergències entre les poblacions actuals d'una mateixa espècie.

Com es pot aconseguir això? Estarà preguntant-se. Doncs tot depèn de la taxa d'acumulació de canvis en cada tipus de seqüència d'ADN, és clar. Hi ha algunes seqüències d'ADN que tenen taxes de mutació més baixes, és a dir, que canvien més a poc a poc, i per tant ens permeten estudiar les relacions evolutives més antigues. Per altra banda, quan volem estudiar les relacions evolutives entre espècies que han divergit fa relativament poc de temps, usem marcadors genètics o seqüències d'ADN que tinguen una taxa de mutació major, és a dir, que acumulen canvis més ràpidament.

L'ORIGEN DE LES ESPÈCIES (de llagosta)

També li agradarà saber que en el grup de biologia evolutiva de la Universitat de Barcelona utilitzem totes aquestes noves tècniques d'anàlisi molecular per tal de continuar la seva recerca sobre l'origen de les espècies. En concret, sobre l'origen de les espècies de llagosta marina. Igual que vosté va treballar els cirrípedes o percebes per les seues característiques biològiques, l'elecció de les llagostes per a desenvolupar un treball de recerca en genètica evolutiva està clarament justificada. Tothom sap que les llagostes són una “delicatessen” molt apreciada, però potser no és tan conegut el fet que les llagostes marines són uns éssers vius amb unes característiques biològiques úniques. Les llagostes es diferencien de la resta de crustacis marins principalment per la presència d'una larva molt especialitzada per a la dispersió pels oceans, la larva filosoma. De fet, la larva filosoma és tan diferent de la llagosta adulta que, en la majoria dels casos, encara no s'ha pogut identificar a quina espècie correspon cada larva (Fig. 1).



Fig. 1. Larva filosoma.

En algunes espècies de llagosta, la larva filosoma pot passar fins a 24 mesos (2 anys!) en aigües oceàniques, arribant a desplaçar-se milers de kilòmetres. En teoria, aquest mecanisme tan especialitzat de dispersió fa que l'intercanvi genètic (flux gènic) entre poblacions dins d'una espècie siga molt elevat, i per tant, que la diferenciació genètica siga molt baixa. Tot i això, hi ha una gran diversitat d'espècies i això fa d'aquest grup d'organismes un cas paradigmàtic i molt interessant per a estudiar el procés evolutiu.

Les llagostes tenen una història evolutiva relativament llarga, ja que estan entre els primers crustacis decàpodes que apareixen al registre fòssil. Actualment, les llagostes es classifiquen en tres famílies principals (ja sap vosté com ens agraden els noms en llatí als biòlegs!): Palinuridae (llagostes o palinúrids), Scyllaridae (castanyoles o escil·làrids) i Synaxidae (llagostes del corall o sinàxids). S'havien proposat diferents relacions evolutives entre les famílies de llagosta en base a la seua morfologia i el registre fòssil, però fins avui encara no s'havia pogut concloure de forma objectiva quin és l'origen d'aquests organismes tan peculiars i interessants.

La inclusió de gens d'evolució lenta i gens d'evolució ràpida i un mostreig ample d'espècies ens ha permès resoldre algunes de les incerteses en les relacions entre grups de llagosta. Així, la classificació habitualment més acceptada, amb la presència de tres famílies no queda ben suportada per l'evidència genètica, ja que els Synaxidae sempre es troben agrupats dins dels Palinuridae. Hem pogut descobrir que, en realitat, les llagostes de corall només són llagostes palinúrid especialitzades per a viure en esculls de corall. A més a més, les noves tècniques d'anàlisi genètica ens han permès també datar l'origen dels principals grups de llagosta en el període Cenomanià, fa aproximadament 100 milions d'anys. Val a dir que el Cenomanià va suposar el nivell del mar més alt observat durant els darrers sis-cents milions d'anys, quan la mar estava aproximadament 150 metres per damunt del nivell actual. Així, és lògic pensar que el procés de diversificació dels grans grups de llagosta actuals s'hauria originat amb l'aparició de nous hàbitats disponibles per a espècies marines.

ESPECIACIÓ RECENT

Estudiar processos tan antics és formidable, però se'ns fa molt difícil identificar exactament quines eren les condicions exactes en què es va produir el procés evolutiu. La reconstrucció evolutiva a partir de dades moleculars pot ajudar a documentar el patró geogràfic i cronològic de la formació d'espècies, sempre que estiga acoblat amb informació sobre la història geològica de les regions i els corrents oceànics passats i presents que poden proporcionar corredors de dispersió. Aquests esdeveniments d'especiació recent proporcionen una gran oportunitat per a analitzar el procés evolutiu en

organismes marins, i permeten que una combinació de dades genètiques, morfològiques i geogràfiques siguin utilitzades per contestar diferents qüestions sobre els mecanismes d'especiació. Li alegrarà saber que les llagostes també ens han servit per a estudiar les seves hipòtesis sobre la influència de les glaciacions en la colonització de Sud-Àfrica.

El gènere de llagosta marina *Palinurus* representa un cas especialment interessant per tal d'estudiar el procés d'especiació en el medi marí, ja que compta amb tres espècies que viuen a l'hemisferi nord (*P. elephas* Fabricius, 1787, *P. mauritanicus* Gruvel, 1911 i *P. charlestoni* Forest & Postel, 1964) i tres a l'hemisferi sud (*P. gilchristi* Stebbing, 1900, *P. delagoae* Barnard, 1926 i *P. barbarae* Groeneveld et al., 2006). S'havia suggerit que la distribució geogràfica actual d'aquestes espècies indica una divergència molt antiga, pre-Miocènica (fa uns 14-23 milions d'anys), amb dos llinatges principals separant-se amb el tancament de la connexió marina que unia Mar Mediterrània amb Oceà Índic. Nogensmenys, els nostres estudis a la Universitat de Barcelona i en col.laboració amb investigadors de la Universitat de Reading, assenyalen que un patró d'especiació Nord-Sud com el que vosté va proposar a "L'origen de les espècies" és més coherent amb les dades moleculars. Així, els temps de divergència obtinguts utilitzant les seqüències d'ADN d'espècies de *Palinurus* coincideixen amb processos relacionats amb les glaciacions ocorregudes durant els darrers 2 milions d'anys. Gràcies als paleoclimatòlegs marins, que ens diuen com era el clima en temps passats, sabem que la temperatura superficial mitjana en aigües sudafricanes va baixar des de 26°C en el Pliocè mitjà (fa 3.5 milions d'anys) fins als 18°C en l'actualitat. Això ens porta a concloure que la temperatura de l'aigua a Sud-Àfrica no hauria permès la supervivència d'un gènere d'aigua freda com *Palinurus* fins fa "només" mig milió d'anys. En efecte, segons les estimes de divergència obtingudes pel nostre grup de recerca, els *Palinurus* haurien arribat a Sud-Àfrica just després que les aigües africanes es tornessin adequades per a la seva supervivència.

Així, ja veu que és més probable que les petjades sobre la formació de les espècies s'identifiquin quan comparem espècies que han divergit fa poc, perquè la diferenciació genètica es pot relacionar amb els diferents processos d'especiació proposats.

L'EVOLUCIÓ EN ACCIÓ

Finalment, l'estudi de la variabilitat genètica dins d'una mateixa espècie ens apropa de forma directa al món de la genètica de poblacions i a l'àmbit més actual de l'evolució. Definir els patrons geogràfics de distribució de diversitat genètica i estudiar els patrons d'estructuració d'aquesta variabilitat ens ajuda a entendre quin ha estat l'origen i quin pot ser l'impacte de diferents factors sobre la variabilitat genètica d'una espècie. És com estudiar l'evolució en acció. Avui en dia sabem que l'intercanvi genètic o la migració entre poblacions d'una espècie actua homogeneïtzant les poblacions i reduïnt les diferències entre elles. Per tant, definir els patrons de connectivitat entre poblacions d'una espècie té una importància fonamental per tal de mantenir i gestionar la seua diversitat biològica.

De fet, en els plans de conservació dels recursos marins, cal tenir en compte les relacions d'intercanvi genètic entre poblacions a fi de localitzar àrees protegides allà on l'efecte positiu siga major. En la pràctica, sembla més convenient preservar aquelles poblacions que tenen una capacitat reproductiva major i que són capaces d'exportar individus de forma efectiva cap a altres àrees. Els marcadors genètics poden proporcionar-nos evidències molt fortes del fet que una població no estiga tancada a l'intercanvi genètic perquè la diferenciació genètica és molt sensible a la migració. Així, un grau elevat de dispersió es troba habitualment associat amb un menor grau de diferenciació genètica al llarg de l'àrea de distribució de l'espècie.

Des d'un punt de vist econòmic, tota aquesta informació té un pes molt més important quan tractem de gestionar espècies sotmeses a explotació pesquera, com és el cas de la llagosta europea. La llagosta europea (*Palinurus elephas* Fabricius, 1787) és una espècie comercial present a la Mediterrània i a la costa de l'Atlàntic Occidental entre Marroc i Noruega. Les captures de llagosta han minvat de forma continuada durant els darrers anys, amb la mitjana de captures descendent de forma alarmant tot al llarg de la seua distribució geogràfica. Estudiar l'estructuració poblacional és un pas fonamental per definir l'existència d'unitats de gestió genèticament diferenciades i a més a més, l'existència d'una fase larval de tan llarga duració com la larva filosoma ens permet

utilitzar *P.elephas* com a model per tal de testar la relació entre la durada de la fase larval i l'estructuració genètica en les poblacions d'organismes marins.

Els nostres treballs amb mostres de poblacions de llagosta recollides des d'Escòcia fins a Grècia, ens demostren que els processos oceanogràfics actuals i la història paleoecològica (p.e. les glaciacions) tenen un paper fonamental en la formació dels patrons de variabilitat genètica i estructuració poblacional. Finalment, hem pogut observar que, malgrat una reducció en la variabilitat genètica global i la seva llarga duració larval, el flux gènic sembla estar restringit en poblacions de *P. elephas*, causant diferenciació genètica entre les regions atlàntica i mediterrània i entre àrees diferents dins de cada conca. L'exemple de *Palinurus elephas* ens indica que els patrons de circulació de les aigües poden ser responsables de diferenciació genètica dins d'una espècie, i subratlla la influència dels processos històrics en la distribució de la variabilitat genètica. Així, podem veure que l'aïllament entre poblacions d'una espècie també es produeix en un medi aparentment sense barreres com és el medi marí.

PER MOLTS ANYS

Segur que com a regal d'anniversari li ha agradat saber que avui en dia encara seguim treballant per descobrir més coses sobre "L'origen de les espècies". Haig de dir-li que, per tenir més de cent anys d'història, la seua teoria fa molt bona cara, la veritat! Gràcies a l'impuls que va donar el seu treball i al descobriment de l'ADN com a molècula fonamental en la transmissió de caràcters de pares a fills som capaços d'afrontar nous reptes que abans eren inimaginables. Podem identificar quin ha sigut el camí que van seguir els nostres avantpassats en sortir del continent africà, estudiar les relacions entre diferents patògens per a donar tractaments més eficients per als malalts i, fins i tot, descobrir la implicació d'un acusat en un crim d'assassinat sense que hi haja cap testimoni. Veritat que sembla increïble? Doncs tot això li ho devem a vosté. Compartim amb T. Dobzhansky les paraules d'agraïment quan diu que l'èxit més gran de Darwin és demostrar que la gran diversitat d'èssers vius és un producte de l'evolució, resultat d'un llarg procés històric. La biologia no pot afirmar si la vida forma part d'algun Disseny

Còsmic, però ens fa saber que l'evolució de la vida a la terra està governada per causes que poden ser enteses per la raó humana.