

Evidencias de la Evolución

Sentido en el estudio de la Biología

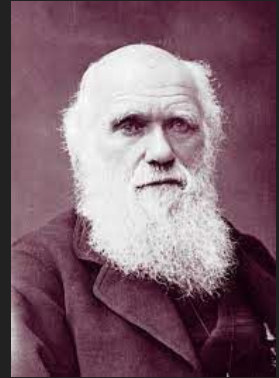


Prof. Dra Ana Julia Velez Rueda
SFBG - CONICET

Tras los pasos de la Evolución

Cambio de paradigmas: del creacionismo y fijismo a la teoría de Darwin. Este establece:

- Población como unidad de cambio.
- El concepto de selección natural → reproducción diferencial.
- La vida con Historia: la idea de descendencia con modificaciones. Herencia → Gradualismo.
- La revolución de la biología evolutiva con descubrimiento de Watson y Crick y el advenimiento de las técnicas de biología molecular.



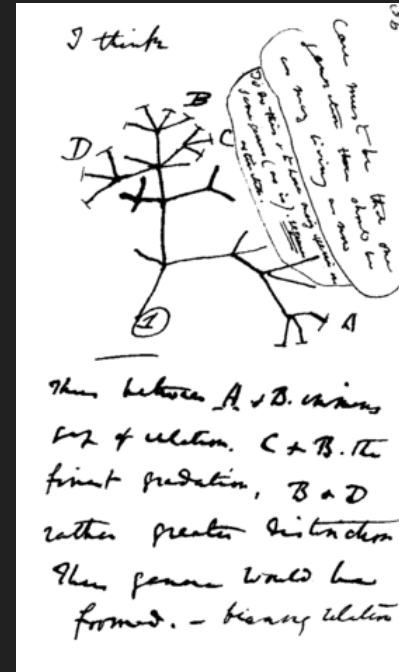
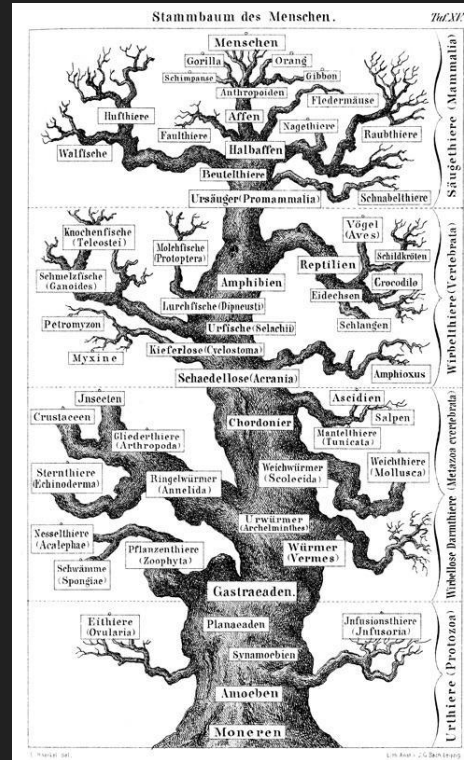
Evolución 1 - Fijismo 0

Teoría de la Evolución

Funda 5 premisas:

- Los organismos engendran organismos similares → hay **estabilidad en la reproducción**.
- El número de individuos de una especie que sobreviven y se reproducen por generación es menor al número inicial.
- En las poblaciones ocurren **variaciones aleatorias entre los organismos individuales, variaciones no ocasionadas por el ambiente, y algunas de estas son heredables**.
- La interacción de las variaciones al azar y el ambiente determina el grado significativo en el que los organismos se reproducen y sobreviven → **selección natural**.
- Dado suficiente tiempo, la selección natural lleva a la acumulación de cambios que diferencian los grupos de organismos.

La idea más importante de comprender la biología desde un punto de vista evolutivo, es que toda la diversidad biológica de la Tierra proviene de un ancestro común



El hecho que en la actualidad entendamos la biología dentro de un contexto evolutivo, es algo reciente en la historia de la humanidad. Este proceso comenzó en el siglo XVII y se formalizó con la teoría de Darwin hace poco más de 100 años atrás.

La teoría de la evolución no sólo ha afectado nuestra comprensión de la historia biológica de los organismos, sino que al ubicar al hombre en un contexto natural, ha impactado en ciencias humanísticas como la sociología, filosofía y psicología.

Darwin presenta una teoría dentro de un contexto natural y racional. No utilizó conceptos o fuerzas teleológicas o tendencias evolutivas hacia la perfección (suponiendo la existencia de un creador).

Propuso un mecanismo para la evolución (basado en la variabilidad y selección natural).



Lynn Margulis establece la “COOPERACIÓN NATURAL” como otro factor de cambio evolutivo, además de la mutación y la selección natural. Margulis postuló que la evolución de los organismos se daba no por competencia, sino por cooperación. No sobrevive el más fuerte, sino el que coopera.

Además gracias a la teoría endosimbiótica permitió explicar la gran variabilidad de organismos que existen en la naturaleza.

Evolución

Nothing in Biology Makes Sense Except in the Light of Evolution

THEODOSIUS DOBZHANSKY

AS RECENTLY AS 1966, sheik Abd el Aziz bin Baz asked the king of Saudi Arabia to suppress a heresy that was spreading in his land. Wrote the sheik:

"The Holy Koran, the Prophet's teachings, the majority of Islamic scientists, and the actual facts all prove that the sun is running in its orbit . . . and that the earth is fixed and stable, spread out by God for

contention that the earth rotates around the sun, and not vice versa, have not been verified by direct observations even to the extent the sphericity of the earth has been. Yet scientists accept the model as an accurate representation of reality. Why? Because it makes sense of a multitude of facts which are otherwise meaningless or extravagant. To nonspecialists most of these facts are unfamiliar. Why then do we accept the "mere theory" that the earth is a sphere revolving around a spherical sun? Are we simply submitting to authority? Not quite: we know that those who took time to study the evidence found it convincing.

The good sheik is probably ignorant of the evidence. Even more likely, he is so hopelessly biased

Nothing in Biology Makes Sense except in the Light of Evolution Author(s): Theodosius Dobzhansky Source: The American Biology Teacher, Vol. 35, No. 3 (Mar., 1973), pp. 125-129 Published by: National Association of Biology Teachers .

Durante la evolución de la vida en la Tierra (~4000 millones de años) ocurrieron un sinnúmero de hechos aleatorios que modificaron profundamente a la vida y diversidad de organismos. Si esta secuencia de eventos hubiera sido otra, muy probablemente existirían otros organismos en el planeta

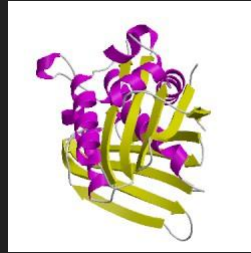
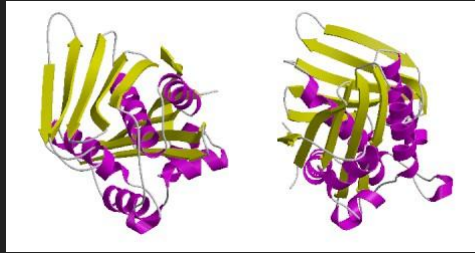
- Endosimbiosis (durante ~2 millones de años los únicos organismos vivos en la Tierra fueron bacterias).
- Desaparición de los dinosaurios por el choque de un meteorito.
- Formación de la Luna por el choque de un pequeño planeta contra la Tierra. Esto generó varias consecuencias (inclinación del plano de rotación de la Tierra lo cual generó las marcadas diferencias entre las estaciones del año, abundancia relativa de hierro en la superficie..)
- Cambios climáticos y evolución de la inteligencia humana

Mayr introdujo el concepto de **doble causación en biología** definiendo dos conceptos: causas proximales y distales. Estos conceptos se relacionan con causas funcionales y evolutivas

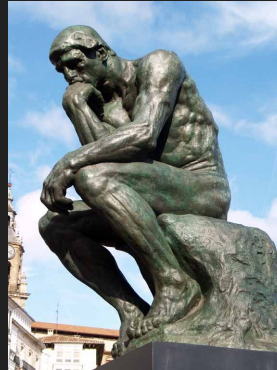
Las **causas principales** son toda la información heredada del organismo, ADN, ARN, aprendido, plantilla, etc., que sirve como instrucciones, junto con el medio ambiente, para producir "el fenotipo" más modificaciones en el fenotipo durante la vida. del organismo.

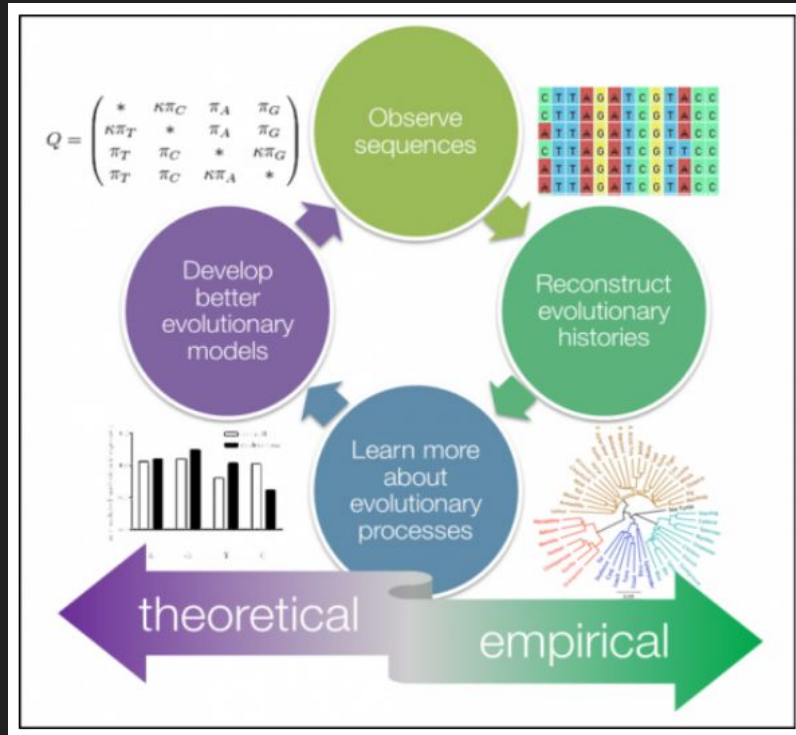
Las **causas proximales** incluyen todos los aspectos del entorno que interactúan con las "instrucciones" del genotipo del organismo, etc. (= causa última) para generar su fenotipo. El fenotipo de todo el funcionamiento del organismo durante toda su vida. Todos los aspectos del medio ambiente incluyen aquellos que actúan como resultado del desarrollo ontogenético para producir 'fenotipo' como resultado del organismo que resulta en cualquier modificación adicional del fenotipo. Un organismo individual no tiene un fenotipo fijo e inmutable durante su vida útil, sino un cambio en el entorno; Estos incluyen todas las alteraciones relacionadas con la edad.

La teoría de la evolución provee **explicaciones mecánicas** en distintos niveles biológicos, como desde los cambios secuenciales y estructurales de macromoléculas, características fenotípicas complejas (por ej. moral) y la dinámica de poblaciones



```
AAB24882      TYHMCQFHCRPVNNHSGEKLVECNERSKAFSCPSHLQCHRRQIGETIHNQCGKAFPT 60
AAB24881      -----YECNQCGKAFQAQHSLLKCHYKTHIGKPYECNQCGKAFSK 40
                ****      * : * * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * :
AAB24882      PSHLQYHERKTHIGKPYECHQCGQAFKKCSLLQRHKRTHIGKPYE-CNQCGKAFQA- 116
AAB24881      HSHLQCHKRKTHIGKPYECNQCGKAFSQHLLQRHKRTHIGKPYMNVINMVKPLHNS 98
                *** : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : *
```





Evolución Molecular

La filogenética es el estudio de las relaciones evolutivas entre entidades biológicas, a menudo especies, individuos o genes (que pueden denominarse taxones).

Dos secuencias que comparten un ancestro común se denominan secuencias homólogas (Reeck et al., 1987), y las moléculas homólogas, u homólogos, se pueden dividir en dos clases: parálogos, que son homólogos

- **Parálogos**: que están presentes dentro de una especie y que suelen diferir en sus funciones bioquímicas detalladas
- **Ortólogos**: son homólogos que están presentes dentro de diferentes especies y tienen funciones muy similares o idénticas. Los árboles filogenéticos son algo así como el árbol genealógico de las especies, e implican una hipótesis sobre las relaciones que existen entre los organismos

La confección de árboles filogenéticos requiere de ciertas métricas que tengan en cuenta el tiempo requerido para poder observar la divergencia de las secuencias (Kalyaanamoorthy et al. 2017), la distancia.

Debemos tener en cuenta que la construcción de árboles filogenéticos requiere de la utilización de caracteres que sean indicadores fiables de una ascendencia común.

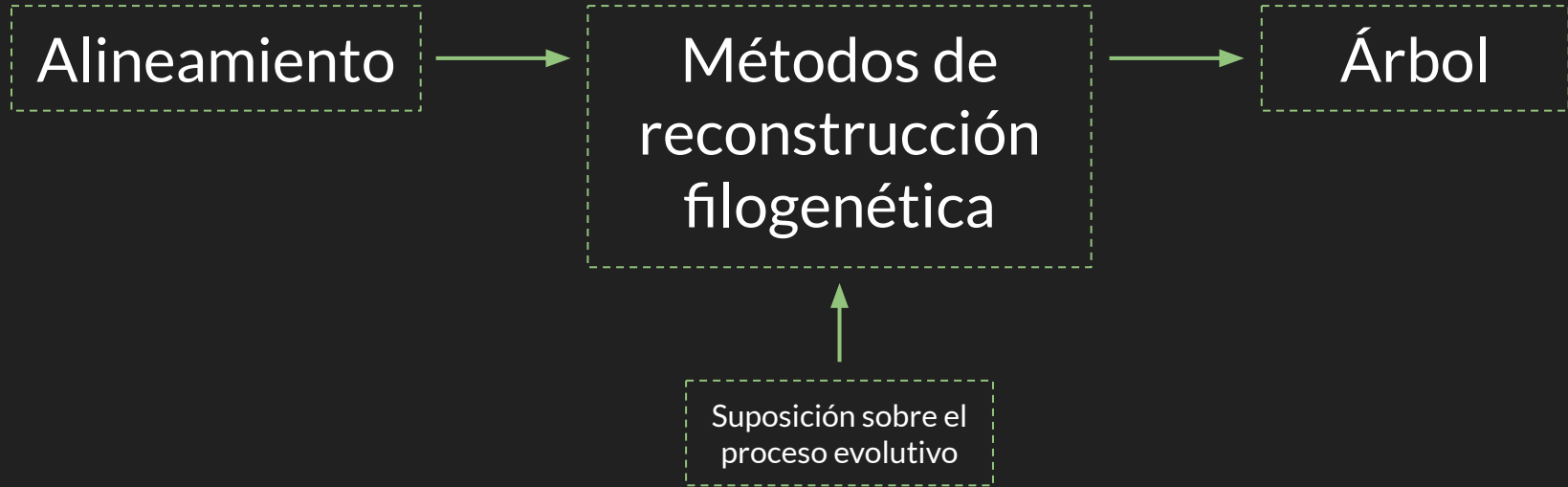
Genes distintos tienen tasas evolutivas distintas que dependen de la estructura y función de las proteínas que codifican (Bromham 2009), por lo que las secuencias que se seleccionen para el análisis deben ser informativas y representar la evolución de dichas especies.

Las mutaciones se consideran proceso aleatorio.

Genes distintos tienen tasas evolutivas distintas que dependen de la estructura y función de las proteínas que codifican.

En los primeros análisis comparativos de secuencias de proteínas se extrapolaron los principios evolutivos que se conocían del estudio de la morfología → En morfología todo cambio es objeto de selección natural:

- **Selección positiva (o evolución adaptativa)** se refiere al proceso por el que los cambios que ofrecen cierta ventaja son favorecidos y tienden a fijarse en la población.
- **Selección negativa (o purificadora)** se refiere a la eliminación de aquellos cambios que perjudican la adaptación, y tienden a desaparecer de la población al reducir el éxito reproductivo.

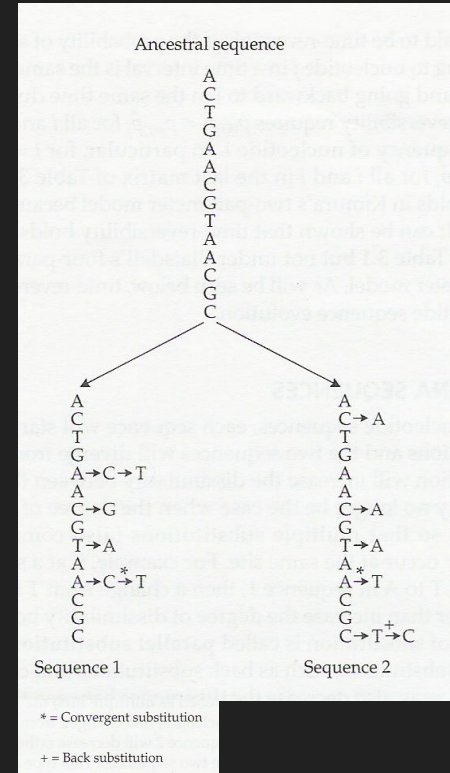


Caracteres que representen variaciones heredables

Una forma simple de **medir la divergencia entre 2 secuencias es contar el número de sustituciones en un alineamiento (distancia entre secuencias)**

El número de sustituciones observadas pueden no reflejar los verdaderos eventos evolutivos que ocurrieron (más de un cambio intermedio al estado actual o un nucleótido idéntico observado en el alineamiento debido a mutaciones en paralelo en ambas secuencias) → **homoplasia**

Para aproximar mejor la historia evolutiva y las distancias entre las secuencias existen modelos estadísticos (modelos de evolución) para inferir las verdaderas distancias evolutivas entre secuencias



A l i n e a m i e n t o s

Local	Global
Mejor alineamiento a lo largo de 2 secuencias	Mejor alineamiento del segmento más largo entre 2 secuencias
Caso de uso: comparación de secuencias que poseen regiones no conservadas	Caso de uso: comparación de dos genes muy conservados
Smith Waterman	Needleman Wunsch
Búsquedas de sub-secuencias o regiones	Tienen la misma organización secuencial?
Permite localizar segmentos o dominios comunes	Sirve para proteínas globalmente similares

Alineamientos

1° Armamos una matriz de comparación de las dos secuencias a alinear.

2° Comenzando desde 0, de arriba hacia abajo y de izquierda a derecha, se calculan tres valores, que son la suma de una celda adyacente más el match/mismatch (MM) de la celda actual

- MM + celda superior
- MM + celda izquierda
- MM + celda superior izquierda

3° Retrocedemos de abajo hacia arriba y de derecha a izquierda, buscando el camino de mayor score

4° Se construye el alineamiento teniendo en cuenta que

	A	C	T	G	
A	1	-1	-1	-1	-2
C	-1	1	-1	-1	-2
T	-1	-1	1	-1	-2
G	-1	-1	-1	1	-2
	-2	-2	-2	-2	

String 1 A C A

String 2 A C G

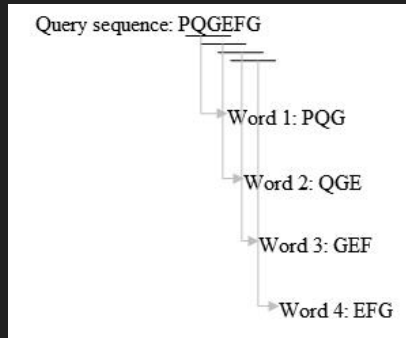
↓ ↓ ↓

1 1 -1

Búsqueda de similitud secuencial: BLAST

- Prioriza la velocidad a la sensibilidad (es 50 veces más rápido que SW)
- Se basa en la comparación de palabras o k-tuples
- K-t uples = 3 para proteínas y 11 para ácidos nucleicos

El BLAST realiza un alineamiento y deriva un score de similitud entre las secuencias “query” y cada una de las secuencias contenidas en la base de datos (~250 millones de secuencias).



1° Divide la secuencia query en K cantidad de palabras cortas y asume que un alineamiento es significativo si tiene estas palabras

2° Una vez que encuentra los alineamientos posibles, los extiende y calculando un puntaje, extiende hasta que éste desciende por debajo de un punto de corte., se queda con los de mejor puntaje.

3° Evaluación estadística

Results (output) of BLAST

Bit-score	E-value	Identity (%)	Similarity (%) Positive score in the substitution matrix	Gaps (%)
Score = 83.6 bits (205), Expect = 3e-14, Method: Compositional matrix adjust. Identities = 61/136 (44%), Positives = 73/136 (53%), Gaps = 18/136 (13%)				
Query 184	KPKPKQYPKVLPSNSTRRISFVTAKTSSSAEGVVVASESPVIAPEGSSHSRSLSKRRSS	243		
Sbjct 269	KPAPG-LPRFILPSNNPQRQLPPPPSDS-----VIHASQSPVIKPNYAGKPPGFVSARSV	322		
Query 244	GALVDD-----KRESHKAEQARRNRLAVALHELASLIPAEWKQONVSAAPSKATT	295		
Sbjct 323	L D K+E HK AEQ RRNRL AL EL L+P E K+ + PSKATT	380		
Query 296	VEAACRYIRHL--QQN	309		
Sbjct 381	VE AC+YIR L QQN	396		

Puntuación máxima (Max score): indica la puntuación del mejor sub-alineamiento con esa entrada de la base de datos.

Puntuación total (Total score): indica la suma de las puntuaciones de todos los sub-alineamientos con esa entrada de la base de datos. La puntuación máxima y la total suelen ser iguales cuando solo hay un alineamiento con esa entrada.

E-valor (E-value): de una puntuación S es el número de alineamientos con puntuaciones mayores o iguales a S que se espera que ocurran por azar en la búsqueda dentro de la base de datos específica.

Cobertura (Query coverage): indica el porcentaje de la secuencia de entrada que se alinea con ese resultado de la base de datos.

Identidad (Identity): es el porcentaje de residuos (ya sean nucleótidos o aminoácidos) que son idénticos en el alineamiento entre la secuencia de entrada y el resultado de la base de datos.

Código de acceso (Accession code): proporciona el identificador de la base de datos del resultado.

Reconstrucción Filogenética

Tendremos luego que identificar las secuencias con menos diferencias para comenzar a agruparlas entre ellas.

Luego recalcularemos las distancias teniendo en cuenta la distancia de las restantes secuencias al/a los grupos de menor distancia, tomando la media de las distancias de cada secuencia a cada una de las secuencias agrupadas.

```

A   ATCGTGGTACTG
B   CCGGAGAACTAG
C   AACGTGCTACTG
D   ATGGTGAAAGTG
E   CCGGAAAAC TTG
F   TGGCCCTGTATC
    
```



	A	B	C	D	E	F
A		9	2	4	9	10
B			9	6	2	10
C				5	9	10
D					6	10
E						10
F						

	A/C	B	D	E	F
A/C		9	4.5	9	10
B			6	2	10
D				6	10
E					10
F					

	A/C	B/E	D	F
A/C		9	4.5	10
B/E			6	10
D				10
F				

Reconstrucción Filogenética

Tendremos luego que identificar las secuencias con menos diferencias para comenzar a agruparlas entre ellas.

Luego recalcularemos las distancias teniendo en cuenta la distancia de las restantes secuencias al/a los grupos de menor distancia, tomando la media de las distancias de cada secuencia agrupadas. Y así...

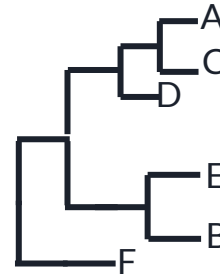
A ATCGTGGTACTG
B CCGGAGAACTAG
C AACGTGCTACTG
D ATGGTGAAAGTG
E CCGGAAAACCTTG
F TGGCCCTGTATC



	A	B	C	D	E	F
A		9	2	4	9	10
B			9	6	2	10
C				5	9	10
D					6	10
E						10
F						

	A/C	B	D	E	F
A/C		9	4.5	9	10
B			6	2	10
D				6	10
E					10
F					

	A/C	B/E	D	F
A/C		9	4.5	10
B/E			6	10
D				10
F				



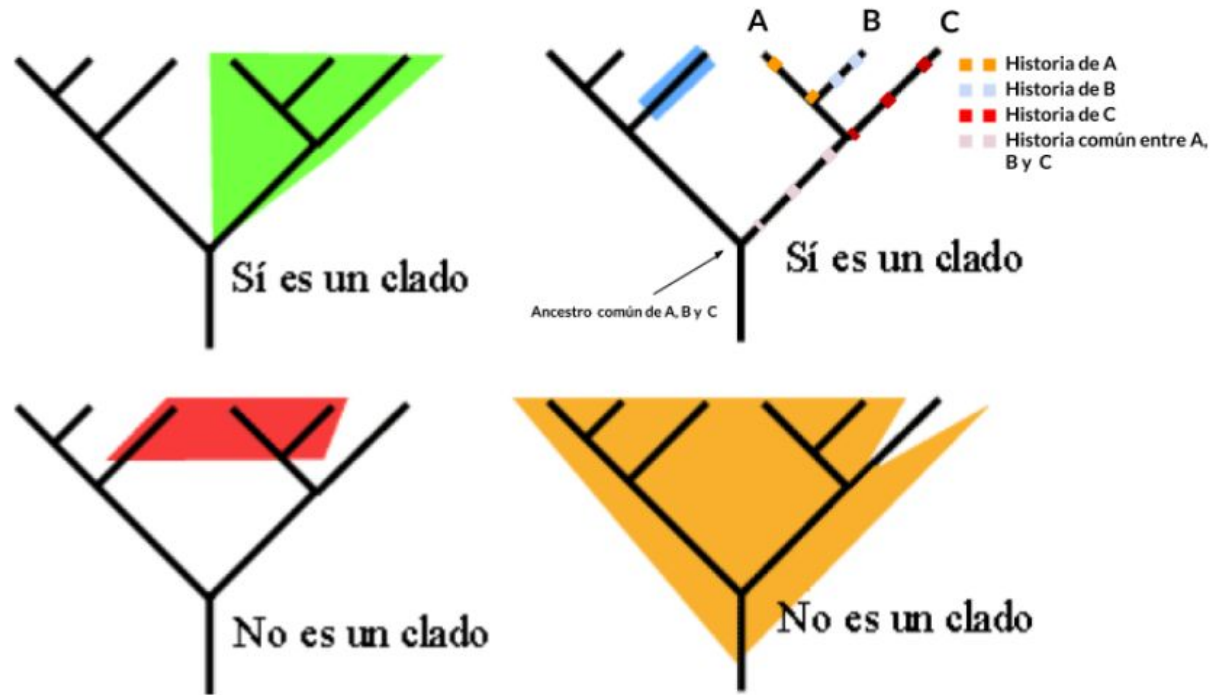


Fig 1. Interpretación de árboles filogenéticos. Figura modificada del sitio “Comprendiendo la Evolución” creado por el University of California Museum of Paleontology con la colaboración de la National Science Foundation y el Howard Hughes Medical Institute.

La raíz representa el linaje ancestral y los extremos de las ramas representan los descendientes de ese antepasado. Al moverse desde la raíz a las puntas, nos movemos en el tiempo.

Las filogenias siguen la pista a los patrones de ascendencia compartidos por los linajes, donde cada linaje tiene una parte de historia que es única y otras partes que son compartidas con otros linajes.

Los **nodos terminales (hojas)** corresponden a las secuencias actuales (observadas), y los nodos internos representan sus ancestros hipotético.

La **longitud de las ramas** refleja la cantidad de cambios acumulados. Los nodos relacionan estas ramas entre sí según su relación ancestro-descendiente.

Podríamos definir grupos de organismos con un antepasado en común, al que denominamos clado. Un clado incluye, entonces, un antepasado común y todos los descendientes (vivos y extintos) de ese antepasado