

Reseña

Es bien conocida la íntima relación que las matemáticas tienen con las ciencias y tecnologías físicas. Mucho menos conocidas son, sin embargo, sus conexiones con la biología, es decir con el mundo de la vida, conexiones a las que está dedicado este nuevo libro del notable matemático y sobresaliente divulgador científico Ian Stewart.

Las matemáticas de la vida trata de lo mucho que la matemática ya ofrece a la biología, desde el Proyecto Genoma Humano hasta la forma del comportamiento de organismos enteros y su interrelación en el ecosistema global, pasando por apartados como pueden ser la estructura de los virus, la organización de las células o la geometría de las plantas. También muestra cómo las matemáticas pueden arrojar luz sobre asuntos difíciles relacionados con la evolución, donde un gran número de procesos importantes o requieren mucho tiempo de observación, o sucedieron hace cientos de millones de años y han dejado sólo un rastro misterioso. Incluso se adentra en cuestiones tan fascinantes como la posible existencia de forma de vida alienígena.

A pesar de ser un campo relativamente nuevo, aún en formación, la interacción entre matemáticas y biología constituye una de las áreas más apasionantes y prometedoras de la ciencia, de la que cabe esperar un esplendoroso futuro.

Índice

Prefacio

1. [Matemáticas y biología](#)
2. [Criaturas pequeñas y criaturas más pequeñas](#)
3. [La larga lista de la vida](#)
4. [Encuentro floral con Fibonacci](#)
5. [El origen de las especies](#)
6. [En el jardín de un monasterio](#)
7. [La molécula de la vida](#)
8. [El libro de la vida](#)
9. [Taxónomo, taxónomo, ten piedad de ese árbol](#)
10. [Un virus de la cuarta dimensión](#)
11. [Una instalación eléctrica escondida](#)
12. [Nudos y pliegues](#)
13. [Lunares y rayas](#)
14. [Juegos de lagartos](#)
15. [Oportunidades en red](#)
16. [La paradoja del plancton](#)
17. [¿Qué es la vida?](#)
18. [¿Hay alguien ahí fuera?](#)
19. [La sexta revolución](#)

Agradecimientos y créditos

Prefacio

La teoría y la práctica matemática han ido siempre de la mano, desde los tiempos en que los primeros humanos grababan marcas en los huesos para registrar las fases de la Luna, a la actual búsqueda del bosón de Higgs usando el Gran colisionador de hadrones. El Cálculo de Isaac Newton nos dio información sobre el firmamento y, durante los tres últimos siglos, sus sucesores han desarrollado toda la física matemática: calor, luz, sonido, mecánica de fluidos, y más tarde la relatividad y la teoría cuántica. El pensamiento matemático se ha convertido en el paradigma central de las ciencias físicas.

Hasta hace muy poco, las ciencias naturales eran diferentes. En ellas, las matemáticas eran a lo sumo un sirviente. Se usaban para llevar a cabo cálculos rutinarios y comprobar la relevancia de los patrones estadísticos en los datos. No contribuían demasiado a un entendimiento conceptual o a su comprensión. No inspiraban grandes teorías o grandes experimentos. La mayoría del tiempo, bien podrían no existir.

Hoy, esta imagen está cambiando. Los descubrimientos modernos en biología han planteado una gran cantidad de preguntas importantes y muchas de ellas es poco probable que se respondan sin una aportación matemática significativa. La variedad de ideas matemáticas que se usan ahora en las ciencias naturales es enorme y las demandas en biología están estimulando la creación de unas matemáticas completamente nuevas, específicamente orientadas a los procesos de la vida. Los matemáticos y los biólogos de hoy en día

trabajan juntos en algunos de los problemas científicos más difíciles a los que la raza humana se ha enfrentado nunca, incluyendo la naturaleza y el origen de la vida en sí mismo.

La biología será el gran campo a abordar matemáticamente del siglo XXI.

Las matemáticas de la vida celebra la rica variedad de conexiones que ya existen entre matemáticas y biología, desde el Proyecto Genoma Humano, pasando por la estructura de los virus y la organización de las células, a la forma y el comportamiento de organismos enteros y su interrelación en el ecosistema global. También mostrará cómo las matemáticas pueden arrojar una nueva luz sobre asuntos difíciles relacionados con la evolución, donde muchos procesos importantes o requieren mucho tiempo de observación, o sucedieron hace cientos de millones de años y han dejado solo un rastro misterioso.

Inicialmente, la biología trataba sobre las plantas y los animales. Luego, fue sobre las células. Ahora es principalmente sobre moléculas complejas. Para reflejar estos cambios en el pensamiento científico sobre el enigma de la vida, el libro empieza desde un conocimiento general y continúa con un recorrido histórico que condujo a los biólogos a centrarse cada vez más fuertemente en las estructuras microscópicas de los seres vivos, culminando con el ADN, la «molécula de la vida».

La mayoría del material discutido en el primer tercio del libro es, por tanto, sobre biología. Sin embargo, las matemáticas hacen una aparición temprana, planteando preguntas, desde la época

victoriana a nuestros días, sobre la geometría de las plantas, para ilustrar cómo la biología ha motivado nuevas ideas matemáticas. Una vez el trasfondo biológico se ha establecido, las matemáticas se convierten en la parte central, desarrollándose desde una escala atómica hasta volver a alcanzar un nivel con el cual nos sentimos más cómodos, el nivel en el que todos nosotros vivimos. El mundo con hierba, árboles, ovejas, vacas, gatos, perros... y gente.

Las matemáticas que intervienen son muy variadas: probabilidad, dinámica, teoría del caos, simetría, redes, mecánica, elasticidad e incluso teoría de nudos. La mayoría de las aplicaciones que se discuten aquí son corrientes dominantes en la biología matemática: la estructura y función de las moléculas complejas que coordinan los procesos complejos de la vida, la forma de los virus, los juegos evolutivos que condujeron a la enorme diversidad de la vida en este planeta y que todavía ocurren hoy, las funciones del sistema nervioso y el cerebro, y la dinámica de los ecosistemas. También he incluido capítulos de la naturaleza de la vida y la posible existencia de formas de vida alienígenas.

La interacción entre matemáticas y biología es una de las áreas más apasionantes de las ciencias. Ya ha recorrido un largo camino en un corto período de tiempo. Solo el futuro nos mostrará cuán lejos se puede llegar. Pero una cosa os garantizo: va a ser una carrera excitante.

Ian Stewart

Coventry, septiembre de 2010

Capítulo 1

Matemáticas y biología

Contenido:

- §. *El microscopio*
- §. *Clasificación*
- §. *Evolución*
- §. *Genética*
- §. *La estructura del ADN*

La biología solía tratar sobre las plantas, los animales y los insectos, pero cinco grandes revoluciones han cambiado el modo en que los científicos piensan sobre la vida. Una sexta está en camino.

Las cinco primeras revoluciones fueron la invención del microscopio, la clasificación sistemática de las criaturas que viven en el planeta, la teoría de la evolución, el descubrimiento de los genes y el descubrimiento de la estructura del ADN. Vamos a verlas por turnos, antes de pasar a mi sexta y más polémica revolución.

§. El microscopio

La primera revolución biológica sucedió hace trescientos años, cuando la invención del microscopio abrió nuestros ojos a la sorprendente complejidad de la vida en escalas más pequeñas. Más exactamente, permitió la observación con nuestros ojos de la complejidad de la vida, al proporcionar un nuevo instrumento que mejoraba el alcance de nuestros sentidos.

La invención del microscopio condujo al descubrimiento de que los organismos individuales tienen una complejidad interna increíble. Una de las primeras grandes sorpresas fue que los seres vivos están formados por células, minúsculas bolsas de sustancias químicas recubiertas por una membrana que permite a algunas de estas sustancias entrar o salir. Hay algunos organismos que están formados por una única célula, pero incluso estos son sorprendentemente complicados, porque una célula es un sistema químico completo, no algo simple y sencillo. Muchos organismos están hechos de una cantidad enorme de células; tu cuerpo contiene aproximadamente 75 billones de células. Cada célula es una pequeña máquina biológica con su propia maquinaria genética, la cual permite que se reproduzca y muera. Hay más de doscientos tipos de células: células musculares, células nerviosas, células de la sangre, etcétera.

Las células se descubrieron muy pronto tras la invención del microscopio; una vez que puedes ver los organismos a través de un gran aumento, no puedes no verlos.

§. Clasificación

La segunda revolución la empezó Carl von Linneo, un botánico, médico y zoólogo sueco. En 1735, apareció su estudio épico *Systema Naturae*. Su título completo en español sería «Sistema natural, en tres reinos de la naturaleza, según clases, órdenes, géneros y especies, con características, diferencias, sinónimos, lugares». Linneo estaba tan interesado en la naturaleza que decidió

que necesitaba ser catalogada. Toda ella. La primera edición de su catálogo fueron solo once páginas; la decimotercera alcanzó las tres mil páginas. Linneo dejó claro que él no trataba de descubrir ningún tipo de orden natural escondido, tan solo trataba de organizar lo que había de manera estructurada y sistemática. La estructura que escogió fue clasificar los objetos naturales en cinco etapas: reino, clase, orden, género y especie. Sus tres reinos eran animal, vegetal y mineral. Fundó la ciencia de la taxonomía; la clasificación de los seres vivos en grupos afines.

Los minerales ya no se clasifican según las pautas de Linneo y los detalles de su sistema se han modificado para las plantas y los animales. Recientemente se ha abogado por varios sistemas alternativos, pero todavía ninguno se ha adoptado de una manera generalizada. Linneo se dio cuenta de que una clasificación sistemática de los organismos vivos es vital para la ciencia y puso su idea en práctica. Cometió un error puntual; inicialmente clasificó las ballenas como peces. Pero en la décima edición de *Systema Naturae* publicada en 1758, un amigo ictiólogo lo corrigió y las ballenas se clasificaron como mamíferos.

La característica más conocida y útil del sistema de Linneo es el uso de nombres compuestos como *Homo sapiens*, *Felis catus*, *Turdus merula* y *Quercus robur* (especies de homínidos, gatos, mirlos y robles,¹ respectivamente). La importancia de la clasificación no es tan solo hacer una lista o introducir unos elaborados nombres en

¹ Más exactamente, el gato doméstico común es *Felis sylvestris catus*, pero su nombre como binomio es *Felis catus*.

latín para mostrar lo listo que eres, sino hacer distinciones claras y lógicas entre las criaturas que existen. Los nombres comunes como «mirlo» no resuelven el problema, ¿quieres decir mirlo común, mirlo de alas grises, mirlo de la India, mirlo tibetano, mirlo blanco o una de las 26 especies de mirlo del Nuevo Mundo? Pero el *Turdus merula* de Linneo se refiere únicamente al mirlo común y no hay lugar para la confusión.

§. Evolución

La tercera revolución estuvo cociéndose a fuego lento durante algún tiempo, pero rompió a hervir en 1859 cuando Darwin publicó *El origen de las especies*. El libro finalmente alcanzó las seis ediciones revisadas y figura como uno de los grandes estudios científicos de todos los tiempos, resistiendo la comparación con los estudios de Galileo, Copérnico, Newton y Einstein en física. En *El origen de las especies*, Darwin propone una nueva visión del origen de la biodiversidad.

La creencia imperante en su época, tanto entre los científicos como entre el pueblo llano, era que cada una de las especies había sido creada de modo individual por Dios, como parte de su acción general de la creación del universo. En su visión, las especies no podían cambiar con el paso del tiempo; una oveja era, es y será siempre una oveja; un perro era, es y será siempre un perro. Pero conforme Darwin observaba la evidencia científica, gran parte de la cual había adquirido en sus viajes, se encontró con que esta imagen acomodada se hacía cada vez menos y menos sostenible.

Los aficionados a las palomas sabían que la cría meditada podía dar como resultado tipos muy diferentes de palomas. Lo mismo sucedía para vacas, perros y, de hecho, para todos los animales domésticos. Pero ese mecanismo de cambio requería la intervención humana. Los animales no cambiaban *motu proprio*, se escogían —*seleccionaban*— con gran cuidado por alguien que seguía un plan. Pero Darwin se dio cuenta de que la naturaleza sin ayuda podía, en principio, producir cambios parecidos causados por la competencia por los recursos. Cuando los tiempos eran duros, los animales que eran más aptos para sobrevivir serían los que viviesen lo suficiente para producir la siguiente generación y esta nueva generación estaría ligeramente mejor adaptada al entorno.

Darwin creía que dichos cambios serían mucho más graduales que los que imponían los humanos que se dedicaban a la cría, pero un entorno cambiante podía en un largo período de tiempo causar que algunos de los organismos de una especie desarrollasen formas y hábitos notablemente diferentes. Vio este proceso como la lenta acumulación de miles de pequeños cambios. Su formación en geología le hizo plenamente consciente de que el planeta había existido durante muchos siglos, así que la escasez de tiempo no era un problema. Incluso cambios extraordinariamente lentos podían finalmente convertirse en muy significativos.

Llamó a este proceso «selección natural». En la actualidad lo llamamos «evolución», una palabra que Darwin no usó, aunque la palabra final en *El origen de las especies* fue «evolucionado». La evidencia a favor de la evolución es tan extensa y proviene de tantas

fuentes independientes que la biología actual no tendría sentido sin ella. Hoy en día, casi todos los biólogos, y la mayoría de los científicos, cualquiera que sea su área de investigación, creen que es abrumadora la evidencia de que la evolución ha sido el mecanismo dominante para la diversidad de las especies actuales. Pero el funcionamiento de la evolución es otro tema totalmente distinto, y queda mucho por comprender.

§. Genética

La cuarta revolución fue el descubrimiento de los genes por Gregor Mendel, que se publicó en 1865 pero no fue valorado hasta que pasaron cincuenta años.

Las características observables de los organismos, tales como el color, tamaño, textura y forma se conocen como caracteres, características o rasgos. Darwin no tenía ni idea de cómo estas características se transmiten de padres a hijos, aunque varias líneas de razonamiento distintas le condujeron a deducir que esto debía suceder. De hecho, el mecanismo de transmisión estaba ya investigándose cuando escribió *El origen de las especies*, pero él no lo sabía. Hubiera tenido un gran impacto en sus ideas.

Durante siete años, en torno a 1860, el cura austriaco Gregor Mendel crió plantas de guisante, 29.000 plantas, y contó cuántas características particulares mostraban en cada una de las generaciones. ¿Se obtenían guisantes verdes o amarillos? ¿Eran los guisantes lisos o rugosos? Las observaciones de Mendel revelaron algunos curiosos patrones matemáticos y él pasó a estar convencido

de que en el interior de todo organismo vivo había unos «factores», ahora conocidos como genes, que de algún modo determinaban muchas características de los seres en sí mismos. Estos factores se heredaban de generaciones anteriores y en las especies sexuadas estos venían en pares; uno del «padre», el órgano masculino de la planta, y otro de la «madre», el órgano femenino. Cada factor puede aparecer de varias formas diferentes. La mezcla aleatoria de estos «alelos», alternativas genéticas, genera patrones numéricos.

Inicialmente, el aspecto de los factores de Mendel era un completo misterio, su existencia se había deducido indirectamente de los patrones matemáticos, a partir de las proporciones de plantas de generaciones sucesivas que poseían una combinación particular de características.

§. La estructura del ADN

La revolución número cinco fue más sencilla y, como la primera, se desencadenó gracias a la invención de una nueva técnica experimental. Esta vez la técnica fue la difracción de los rayos X, la cual permite a los bioquímicos entender la estructura de moléculas complejas biológicamente importantes. En efecto, proporciona un «microscopio» que puede revelar la posición de átomos individuales en una molécula.

En la década de los cincuenta del siglo XX, Francis Crick y James Watson empezaron a pensar acerca de la estructura de una molécula compleja encontrada de manera casi general en los seres vivos: el ácido desoxirribonucleico, conocido universalmente por sus

iniciales, ADN. Crick, que era británico, se había formado como físico, pero se aburrió muchísimo mientras escribía su doctorado acerca de cómo medir la viscosidad del agua a altas temperaturas y, en 1947, se pasó a la bioquímica. Watson era un americano cuya primera especialidad fue la zoología y se interesó por un tipo de virus que infectaba bacterias conocidas como bacteriófagos (que come bacterias). Su gran proyecto fue entender la naturaleza física de los genes, su estructura molecular.

En esa época se sabía que los genes residían en una parte de la célula llamada cromosomas, y que los genes estaban constituidos principalmente por proteínas y ADN. La creencia general entre los biólogos era que los organismos podían reproducirse porque los genes eran proteínas capaces de copiarse a sí mismas. El ADN, en cambio, era ampliamente considerado como un «tetranucleótido estúpido» cuya única función era actuar como andamio, de modo que las proteínas se podían mantener juntas.

Sin embargo, ya había alguna evidencia de que el ADN es la molécula a partir de la cual se forman los genes, lo cual nos lleva de manera inmediata a la pregunta crucial: ¿qué aspecto tiene la molécula del ADN? ¿Cómo se organizan los átomos que la componen?

Watson acabó trabajando con Crick. Basaron sus análisis del ADN en algunos experimentos de difracciones de rayos X decisivos llevados a cabo por otros, entre los que destacan Maurice Wilkins y Rosalind Franklin. Se centraron en unos pocos hechos clave y empezaron construyendo modelos en un sentido literal, acoplando

piezas de cartón o metal con la forma de moléculas sencillas que se sabía que formaban parte del ADN. Esta actividad los llevó a proponer la ahora famosa estructura de la doble hélice: el ADN es una hebra doble, como dos escaleras de caracol entrelazadas. Cada hebra (escalera) tiene una serie de bases, las cuales son cuatro moléculas diferentes: adenina (A), citosina (C), guanina (G) y timina (T). Estas vienen por parejas: una A en una hebra está siempre unida a una T en la otra, una C en una hebra está siempre unida a una G en la otra.

Crick y Watson publicaron su propuesta en la revista científica *Nature* en 1953. Empieza con: «Deseamos sugerir una estructura para la sal del ácido desoxirribonucleico (ADN). Su estructura tiene características novedosas las cuales son de un interés biológico considerable». Cerca del final escribieron: «No se ha escapado a nuestro conocimiento que la paridad específica que hemos postulado (A con T, C con G) sugiere de modo inmediato un posible mecanismo de copia para el material genético».²

La idea básica aquí es simple; la secuencia de bases en tan solo una de las dos hebras determina toda la estructura. En la otra hebra, la secuencia viene dada por las bases complementarias de las de la primera hebra (cambiando A por T y C por G). Si pudiésemos separar el ADN en dos hebras, cada una de ellas contendría la información necesaria para reconstruir la otra. De modo que todo lo que tenemos que hacer es crear dos hebras complementarias y

² J.D. Watson y F.H. Crick, «Molecular structure of nucleic acids: a structure for deoxyribose nucleic acid», *Nature* 171 (1953), 737-738.

volver a encajar los pares que van juntos para obtener dos copias perfectas del original.

La sugerencia de Crick y Watson para la estructura del ADN, basada en poco más que algunas pistas decisivas tomadas de experimentos y en juguetear mucho haciendo modelos, resultó ser correcta. Lo mismo que el mecanismo de copia, el cual era una especulación que no explicaron con detalle en el artículo de *Nature* por si resultaba ser falso. Sin embargo, no puedes separar sin más dos hélices entrelazadas, son necesarios algunos mecanismos complejos para lograr esta duplicación. Llevaría tiempo analizar de qué mecanismos se trata.

De golpe, la atención en biología se volvió hacia la estructura molecular de sustancias clave: el ADN, las proteínas y las moléculas asociadas. Los departamentos de biología de las universidades despidieron o retiraron a botánicos, zoólogos y taxónomos; cualquiera que trabajase con animales enteros estaba completamente desactualizado. Las moléculas eran el futuro. Y lo eran, y lo fueron. Y la biología nunca ha sido la misma desde entonces. Crick y Watson habían encontrado «el secreto de la vida», como Crick presumió en Eagle, un pub en la calle Benet en Cambridge, unos pocos días antes de que encontrasen la estructura correcta.

Muchas novedades importantes siguieron al gran avance de Crick y Watson. La ciencia tras ellos es con frecuencia muy innovadora, pero el punto de vista ha cambiado progresivamente con respecto al que había en la época de Crick y Watson, de modo que estos

avances científicos recientes, aunque sean espectaculares, no constituyen una revolución genuina. Por ejemplo, en 2006 el Proyecto Genoma Humano tuvo éxito haciendo una lista de la secuencia genética completa del ser humano, tres mil millones de unidades de información genética.³ Esto tuvo implicaciones revolucionarias; en primer lugar, posibilitó de nuevos avances en medicina. La biología se ha convertido en el terreno científico con áreas por explorar más excitante del siglo XXI, prometiendo enormes avances en medicina y agricultura, así como un profundo entendimiento de la naturaleza de la vida en sí misma. Pero hay una ruta clara que une todo esto al descubrimiento original de la estructura del ADN.

* * * *

Estas son, por lo tanto, mis cinco revoluciones.

Los huecos entre ellas, teniendo en cuenta en el caso de Mendel el tiempo que pasó antes de que nadie se fijase en ella, son aproximadamente cincuenta, cien, cincuenta y cincuenta años. La quinta sucedió justo hace 50 años. El ritmo de cambio del mundo se está acelerando, de modo que parece que la sexta revolución se está retrasando. Creo que ya ha llegado. La naturaleza de la vida no es solo una cuestión bioquímica, muchas otras áreas de la ciencia han tenido un papel mayor explicando qué hace a los seres vivos vivir.

³ La fecha depende de lo que signifique para ti «completo». Una secuencia borrador se publicó en el año 2000, la conocida como el borrador «completo» en 2003. El secuencia para el cromosoma final, cromosoma 1, se publicó en mayo de 2006 en *Nature*. Quedan algunos huecos, de modo que es discutible que la tarea no esté todavía acabada. Se sabe que hay varios miles de lagunas, inconsistencias y errores que actualmente están siendo corregidos por un equipo de biólogos dedicado a ello.

Lo que une a todas ellas, abriendo perspectivas totalmente nuevas, es mi sexta revolución biológica: las matemáticas.

* * * *

Las matemáticas han estado con nosotros durante miles de años; en Babilonia, hace cuatro mil años, podían resolver ecuaciones cuadráticas. Los biólogos han estado usando técnicas matemáticas, especialmente la estadística, durante más de un siglo. De modo que puede parecer poco razonable referirnos a una «revolución». Pero lo que tengo en mente, lo que está sucediendo mientras escribo, va mucho más allá. El modo de pensar matemático se está convirtiendo en una pieza estándar del conjunto de herramientas que usa la biología: no solo un modo de analizar los datos sobre los seres vivos, sino un método para entenderlos.

Qué son y lo útiles que puedan ser las matemáticas generalmente se malinterpreta. No se trata solo de números, «de hacer sumas» como nos enseñaron en la escuela, eso es aritmética. Incluso cuando le añades el álgebra, la trigonometría, la geometría y una variedad de temas más modernos como las matrices, lo que aprendimos en la escuela es poquísimo, una parte limitada de algo que es enorme. Decir que es una décima parte de un 1% sería generoso. Y las matemáticas que aprendimos en la escuela son poco representativas del total en muchos sentidos, del mismo modo que tocar escalas en un piano dista mucho de ser música de verdad y, lamentablemente, de tener que ver con componer música. La gente con frecuencia cree que las matemáticas fueron inventadas, o descubiertas, hace mucho, pero nuevas matemáticas se están desarrollando a una

velocidad impresionante. Un millón de páginas al año es una estimación conservadora, y esto quiere decir un millón de páginas de ideas nuevas, no variaciones en los cálculos rutinarios.

Los números son la base de las matemáticas, como las escalas lo son de la música, pero el contenido de las matemáticas es mucho más amplio: figuras, lógica, procesos..., cualquier cosa que siga una estructura o patrón. También podemos incluir la incertidumbre, la cual podría parecer que es la ausencia de un patrón, pero los primeros estadísticos descubrieron que incluso los acontecimientos aleatorios siguen, por término medio y a la larga, sus propias pautas. Una de las características notables de las matemáticas que se usan actualmente en biología es su variedad, otra es su novedad. Mucho de ello tiene menos de cincuenta años y algunas cosas se inventaron la semana pasada. Abarca desde la teoría de nudos a la teoría de juegos, desde las ecuaciones diferenciales a los grupos de simetría. Gran parte de esto usa ideas que la mayoría de nosotros nunca habría encontrado y, probablemente, si lo hiciese, no lo habría reconocido como matemáticas. Está cambiando el modo de pensar en biología, no solo sus resultados.

Esta aproximación no es ninguna novedad en las ciencias físicas, las cuales cuentan con las matemáticas en gran medida, de hecho, el desarrollo de estas dos áreas ha ido de la mano durante miles de años. Hasta hace poco la biología era, o parecía, diferente. Tradicionalmente, la biología era la rama de la ciencia que se recomendaba a los estudiantes que preferían evitar las matemáticas todo lo posible. Tú puedes estudiar el ciclo de la vida de una

mariposa sin hacer ninguna suma. Todavía no hay ecuaciones matemáticas fundamentales para la biología, el equivalente a la ley de la gravitación universal de Newton. No calculamos la trayectoria evolutiva de un pez aplicando las ecuaciones de Darwin. Pero hay matemáticas en abundancia en la biología actual, y esto se está convirtiendo en algo difícil de evitar. No es solo imitar el modo en que las matemáticas se usan en la física. Es diferente, tiene su calidad especial propia. Muchas, y cada vez más, matemáticas están motivadas por las necesidades de la biología, la cual ya no es tan agradable como observar mariposas.

La aplicación de las matemáticas a la biología depende de nuevos equipos, el más obvio es el ordenador. También depende de nuevos equipos mentales: técnicas matemáticas, algunas especialmente diseñadas para las necesidades de la biología, otras que surgieron por razones diferentes pero resultaron tener importantes implicaciones en biología. Las matemáticas proporcionan un nuevo punto de vista, abordando no solo los ingredientes para la vida, sino los procesos que usan esos ingredientes.

Creo que la sexta revolución en biología está ya en camino, y consiste en aplicar el modo de percibir las cosas en matemáticas a los procesos de la biología. Mi objetivo aquí es mostrar cómo las técnicas y puntos de vista de las matemáticas nos están ayudando a entender no solo de qué está hecha la vida, sino cómo funciona a todos los niveles, de las moléculas a todo nuestro planeta y posiblemente mucho más allá.

* * * *

Hasta hace poco la mayoría de los biólogos tenía dudas acerca de si las matemáticas tenían algo que decir acerca de la vida. Los seres vivos parecían demasiado versátiles, demasiado flexibles, para encajar en cualquier rígido formalismo matemático, de ahí la ley de Harvard: los animales usados para los experimentos, en un laboratorio bajo condiciones cuidadosamente controladas, hacen lo que les da la gana. Las herramientas matemáticas como la estadística tenían su lugar, por supuesto, pero las matemáticas eran simplemente un sirviente, lejos de tener un efecto significativo en la corriente principal de pensamiento en la biología. Inconformistas como D'Arcy Wentworth Thompson, cuyo libro *On growth and form (Sobre el crecimiento y la forma)* catalogaba muchos modelos matemáticos (o presuntos modelos) en seres vivos, fueron ignorados o apartados. En el mejor de los casos, eran un entretenimiento secundario o, en el peor, tonterías. Después de todo, el libro de Thompson se publicó por primera vez en 1917, cuarenta años antes de que la estructura del ADN se conociese, y dijo muy poco sobre la evolución, excepto que criticó lo que vio como una tendencia a adaptar la historia a cualquier hecho que resulte estar disponible. Críticas más recientes de una limitada visión molecular de la biología, tales como la del biólogo evolucionista estadounidense Richard Lewontin, también fueron desestimadas por las corrientes generales en biología. El genoma se consideraba como «la información necesaria para definir un organismo» y era bastante obvio que una vez sabíamos eso, entonces en principio sabíamos todo.

Sin embargo, a medida que los biólogos superaban las enormes dificultades que conllevaba la obtención de secuencias genéticas, y el entendimiento de las funciones de los genes y las proteínas (qué hacen en realidad en el organismo), la verdadera profundidad del problema de la vida se hizo más presente. Hacer una lista de las proteínas que conforman un gato no nos dice todo lo que queremos saber sobre los gatos. No nos dice todo ni siquiera para criaturas modestas como las bacterias.

No hay duda de que el genoma de las criaturas es fundamental para su forma y comportamiento, pero la «información» en el genoma no nos dice más sobre la criatura de lo que una lista de componentes de un kit de montaje nos dice sobre cómo construir una estantería. De hecho, el abismo entre un ser vivo y su genoma es tan grande como el de un estante y una lista de tablas, tuercas y tornillos. Por ejemplo, durante los últimos años, se ha hecho más claro que la información epigenética, la que no está escrita en el ADN y posiblemente no esté codificada de un modo simbólico claro, es también vital para la vida en la Tierra. La mayoría de los que hemos montado estantes hemos necesitado conocimientos que no estaban incluidos en las instrucciones.

La lista de ingredientes no es suficiente para entender la biología, porque lo que realmente importa es cómo se usan esos ingredientes, los procesos que hay tras un ser vivo. Y la mejor herramienta que poseemos para encontrar cuáles son esos procesos son las matemáticas. Durante el último medio siglo más o menos, nuevos descubrimientos matemáticos han descubierto un mundo con un

comportamiento rico y sorprendente, revelando que aparentemente los procesos simples pueden hacer cosas increíblemente complejas. Como consecuencia, la creencia de que las matemáticas son demasiado simples y demasiado disciplinadas para proporcionar la comprensión de la complejidad de los seres vivos se ha vuelto difícil de defender. Por el contrario, la atención se ha centrado en encontrar modos de explotar el poder de las matemáticas para proporcionar la comprensión auténtica de la biología.

Algunos de estos desarrollos usan las matemáticas como una herramienta para ayudar con las técnicas científicas que usan los biólogos. Tales aplicaciones se vienen usando desde que los físicos desarrollaron la óptica y los fabricantes la usaron para mejorar el diseño de sus microscopios. Un ejemplo hoy en día es la bioinformática, los métodos relacionados con el almacenamiento y la manipulación de conjuntos de datos gigantescos en los ordenadores. Hacer una lista del genoma no es suficiente, hay que ser capaz de encontrar qué estás buscando en esa lista, compararla con otros elementos de información de otras listas y así sucesivamente. Cuando la lista contiene tres mil millones de elementos de información (y esto es solo el código, sin mencionar todo lo que sabemos sobre lo que hace) ya no es un asunto trivial. La mayoría de la tecnología informática cuenta con una fuerte dosis de matemáticas escondidas y la bioinformática no es una excepción. Esto merece la pena, es útil y necesario, pero, en el contexto actual, no es inspirador. El papel de las matemáticas debería ser más creativo. Y lo es. Las matemáticas no solo se usan para ayudar a los

biólogos a manejar los datos y mejorar sus instrumentos, sino que, a un nivel más profundo, proporcionan una comprensión significativa de la ciencia en sí misma, para ayudar a explicar cómo funciona la vida. Durante los últimos diez años ha habido un crecimiento masivo en las «biomatemáticas», la biología matemática. Han surgido alrededor del mundo nuevos institutos y centros de investigación dedicados a este tema, hasta tal punto que quienes los han puesto en marcha están teniendo problemas para encontrar suficiente personal cualificado. Aunque todavía no forman parte de la principal corriente en biología, las biomatemáticas están reclamando su lugar legítimo entre la multitud de técnicas y puntos de vista que son necesarios si queremos comprender cómo evolucionó la vida, cómo funciona y cómo los organismos se relacionan con su medio ambiente.

Hace diez o veinte años, la afirmación de que las matemáticas podían desempeñar un papel significativo en la biología caía, en gran parte, en saco roto. Hoy en día, esta batalla en particular está casi ganada, como demuestra el rápido incremento del número de centros de investigación especializados. Ya no es necesario tratar de persuadir a los biólogos de que las matemáticas quizá les sean útiles. Muchos de ellos no tienen el deseo de usarlas por sí mismos, excepto cuando han sido pulcramente empaquetadas en forma de *software* informático, pero no ponen objeciones a que otros lo hagan. Un matemático puede ser una incorporación útil a un equipo de investigación. Todavía unos pocos biólogos se resisten a la importancia de las matemáticas en su materia y negarían con

firmeza la mayoría de lo que yo he escrito, pero esto se está convirtiendo rápidamente en un instinto caduco y su influencia es cada vez menor.

De igual modo, los matemáticos han aprendido que el único modo efectivo de aplicar su materia a la biología es encontrar lo que los biólogos quieren saber y adaptar sus técnicas en concordancia. Las biomatemáticas no son simplemente una nueva aplicación para métodos de matemáticas existentes. No basta con echar mano de una técnica matemática ya establecida, tiene que ser diseñada para encajar en la pregunta. La biología requiere, de hecho demanda, unos conceptos y técnicas matemáticos completamente nuevos y plantea problemas nuevos y fascinantes para la investigación matemática.

Si la principal fuerza que dirigió a las nuevas matemáticas del siglo XX fue la física, en el siglo XXI, lo serán las ciencias de la vida. Como matemático, encuentro esta perspectiva excitante y atractiva. A los matemáticos nada les gusta más que una rica fuente de nuevas cuestiones. Los biólogos se quedarán impresionados solo con las respuestas.

Capítulo 2

Criaturas pequeñas y criaturas más pequeñas

Si el ojo humano hubiese sido mejor, quizá nunca habríamos experimentado la primera revolución, cuando nos dimos cuenta de las maravillas ocultas de la vida. Nuestra pobre visión inspiró la invención de una pieza simple de la tecnología: las lentes. De manera inesperada, esta práctica ayuda para nuestras tareas diarias dio lugar a dos tipos de instrumentos científicos: el telescopio y el microscopio. Esto nos descubrió el vasto alcance del cosmos y el intrincado mundo de los seres vivos de pequeña escala. Sin ayuda, el ojo humano ve el mundo a escala humana: gente, casas, animales, plantas, minerales, ríos, copas, cuchillos... Incluso las características más grandes de nuestro entorno, como montañas y lagos, las percibimos como objetos monolíticos. En la distancia, una montaña se parece mucho a una roca que es picuda en la cima. A medida que nos acercamos lo suficiente como para ver mucho más la montaña, hemos perdido de vista la montaña. En cambio, vemos distribuidos de modo complejo arroyos, rocas diseminadas, musgo, precipicios, barrancos, nieve y hielo.

La palabra «agarrar» traiciona por completo el juego. A una escala humana, el mundo consiste en las cosas que se pueden coger con nuestras manos. A este nivel, la Luna, una vaca y una pulga parecen estar a la par la una de la otra. Estamos de acuerdo en que no podemos agarrar la Luna, pero podemos taparla con el pulgar si estiramos nuestro brazo. No podemos coger una vaca, pero podemos

ponerle un aro en su nariz y llevarla con una cuerda. (Uso «nosotros» en el sentido tradicional de «alguno de nosotros puede».) El principal problema de coger una pulga es, de manera irónica, que es demasiado pequeña para que podamos agarrarla bien y además salta. Pero hablando de una manera generalizada, a escala humana todos los objetos son más o menos del mismo tipo. Podemos darles un nombre e imaginar que nombrándolos hemos capturado su esencia. La Luna es un círculo brillante y con manchas. Una vaca camina a cuatro patas y da leche. Una pulga pica, salta y es una molestia.

Tan pronto como profundizamos más allá del desnudo ojo humano, con poco más que unos pedazos de cristal pulido para ayudarnos, nuestra imagen simple y cómoda del mundo cambia. A través de su telescopio Galileo vio manchas en el Sol, montañas en la Luna, las fases de Venus y cuatro pequeñas motas de luz pasando a través del disco naranja del planeta Júpiter. Tan pronto como puso su mente en ello dedujo, y podría haberse equivocado al deducir, que el Sol y la Luna no eran esferas lisas, que Venus se movía alrededor del Sol y que la Tierra no era un centro fijo alrededor del cual el resto del universo se movía.

Las autoridades religiosas de la época, que se consideraban a sí mismas las custodias de la verdad, estaban espantadas. Galileo se las arregló para escapar de las terribles penas que, con frecuencia, eran aplicadas para hacer cumplir la visión oficial de la verdad, pero en su juicio por herejía en 1633 se vio forzado a negar sus propias deducciones de las evidencias que había visto a través de su

telescopio. Las autoridades de la época no discutieron las evidencias. Simplemente ordenaron a Galileo que las ignorase y dejase de escribir sobre ellas. Me inclino a creer que actuaron de este modo no porque fuesen religiosos, sino porque eran autoridades.

Así que Galileo se retractó, aunque de manera ilegal murmurara para sus adentros «incluso así, se mueve». Y la Tierra continuó moviéndose alrededor del Sol, sin importar lo que la Iglesia creyese y sin importar lo que Galileo estuviese obligado a afirmar públicamente. La evidencia científica finalmente prevaleció, pero cuando el papa Juan Pablo II pidió perdón por cómo había sido tratado Galileo, la ciencia ya había puesto al hombre en la Luna.

Si un humilde telescopio podía causar tales líos simplemente revelando cosas que estaban ahí, ¿qué pasaba con el microscopio? Nos descubrió el mundo interno de cosas muy pequeñas, en particular, el de los seres vivos. El potencial para ideas heréticas era mucho más grande que cualquiera que la astronomía pudiese inspirar. De manera curiosa, las autoridades religiosas vieron este avance mucho más revolucionario con aparente ecuanimidad, incluso aunque las nuevas pruebas puestas ahora al alcance del ojo humano cambiaron nuestras ideas sobre el mundo y nuestro lugar en él. Sospecho que las autoridades simplemente no entendieron el potencial del microscopio. Inicialmente, las maravillas que reveló no parecían entrar en conflicto con las escrituras. La Iglesia, tomando un mensaje positivo religioso, creyó que el microscopio simplemente

nos estaba mostrando las maravillas ocultas de la creación de Dios. Una pena que ellos no pensasen lo mismo sobre Galileo.

De hecho, el microscopio estaba lejos de ser inocuo. Rápidamente reveló que nuestro mundo no era lo que parecía. No funcionaba únicamente a nivel humano, no había sido hecho para los humanos; todo eso que los humanos habían dado por sentado sobre plantas y animales estaba por ver, y en su mayoría estaba equivocado. Incluso aquellas cosas, como los gatos, las vacas y los árboles, que parecían funcionar a una escala humana, no funcionaban así.

A escala humana, una vaca parece simple. La alimentas con hierba y te devuelve el favor con leche. Es un truco cuyo secreto está limitado a las vacas y otros pocos mamíferos, la mayoría no pueden digerir hierba. No necesitas entender los detalles para aprovechar el proceso: es una transformación sencilla de hierba a leche, más parecida a la química o a la alquimia que a la biología. Esto es, a su manera, magia, pero es magia racional que funciona de un modo fiable. Todo lo que necesitas es un poco de hierba, una vaca y varias generaciones de conocimientos prácticos.

Sin embargo, cuando se ve a través del microscopio todo se complica. Y cuanto más lo observas, más complicado se vuelve. La leche no es una sustancia única, sino la mezcla de varias. La hierba es tan compleja que todavía no la entendemos del todo. La complejidad de una vaca es incluso mayor. En particular, una vaca y un toro pueden hacer una nueva generación de terneritos. Esto

que es sencillo a escala humana, se vuelve complejo de una manera indecible a escala microscópica.

* * * *

Hace cerca de tres mil años, los egipcios sabían que unas lentes de cristal podían hacer parecer mayor un objeto. Séneca, que fue tutor del emperador romano Nerón, se dio cuenta de que era más fácil leer la escritura de algunas personas si veías a través de una esfera llena de agua. Hasta al propio Nerón se le dijo que mirase a través de una esmeralda para ver luchar a sus gladiadores en la arena. En el siglo IX, la gente usaba «piedras de lectura» para ayudar a su vista cansada. Estas eran piezas pulidas de un cristal claro, redondeadas en uno de los lados y planas en el otro; las colocabas encima del documento que estabas intentando leer y veías a través de ellas. En el siglo XII, los chinos descubrieron que láminas de cuarzo ahumado podían proteger nuestros ojos del Sol.

Nadie sabe exactamente cuándo, dónde, cómo y por quiénes fueron inventados los primeros anteojos, un par de lentes que tú colocas sobre tu nariz. Un aspirante es Salvino D'Armati, que vivió en Florencia y quizá inventó los anteojos alrededor de 1284. Otro es el monje dominicano Alessandro Spina de Pisa. Un tercero es Roger Bacon, cuyo libro de 1235 (o anterior) sobre el arcoíris menciona el uso de aparatos ópticos para leer pequeñas letras en la distancia. Sin embargo, no tenemos ni idea de qué tipo de artefacto tenía en mente. Quizá fuesen tan solo unas lentes simples y rudimentarias. A quienquiera que haya que darle el crédito, los primeros anteojos fueron, casi con seguridad, inventados en Italia entre 1280 y 1300.

Actúan como lupas y corregían los problemas de visión de lejos; pasarían otros trescientos años antes de que se desarrollasen unas lentes capaces de corregir los problemas de visión de cerca, en parte porque estas son mucho más difíciles de hacer. Johannes Kepler, astrónomo, astrólogo y matemático, fue el primero en explicar cómo las lentes cóncavas y convexas corregían la visión. Los anteojos funcionaban mejor si las lentes se hacían con un cristal limpio, sin demasiadas burbujas e impurezas, y se les daba una forma precisa. Las lentes estaban hechas, y todavía lo están, de vidrio triturado, para lo cual se usaban varios tipos de material abrasivo, el cual, en la época de Kepler, ya estaba siendo usado por los joyeros. De modo que la tecnología de las lentes se desarrolló junto con otras mejoras. En 1590 un fabricante de anteojos holandés, Zaccharias Janssen, ayudado por su hijo Hans, puso varias lentes dentro de un tubo. Cuando miraron a través del tubo, todo les pareció más grande y cercano. Este descubrimiento los condujo a dos de los más importantes instrumentos científicos nunca inventados: el telescopio y el microscopio. El telescopio trajo las estructuras grandes y distantes del espacio a una escala humana. El microscopio hizo lo opuesto: consideró estructuras diminutas de objetos terrestres, especialmente seres vivos, y las llevó a una escala humana.

Alrededor de 1609 Galileo había mejorado estos primeros telescopios y, a través de sus todavía bastante rudimentarios instrumentos, hizo descubrimientos que lo llevaron a considerar que la Tierra no era el centro del universo. En un siglo, la astronomía se

había convertido en un área próspera de la ciencia; los secretos del firmamento, especialmente las leyes de la gravedad, estaban a la espera de ser descubiertos.

El telescopio nos descubrió la astronomía porque hizo posible para el ojo humano ver distancias enormes y objetos tremadamente grandes, tales como los planetas. Fue exactamente lo opuesto a lo que supuso para la biología; un objeto que permitió al ojo humano ver objetos increíblemente pequeños que estaban justo en frente de nuestras narices. Gracias a un feliz accidente, la misma tecnología básica, las lentes, hizo este trabajo. El dispositivo resultante incluso era similar en el nombre: el microscopio.

La invención del microscopio tuvo un efecto muy diferente a la del telescopio. Supuso grandes avances en la biología, pero en vez de clarificar los temas, muchos de estos avances hicieron que las cosas pareciesen más misteriosas y milagrosas. En vez de abrir el mundo de los seres vivos a la comprensión humana, el microscopio hizo que los interrogantes pareciesen incluso más difíciles. Incluso con un microscopio de baja potencia, poco más de una lente rudimentaria, los seres vivos adquirieron un nuevo significado. Y resultaron ser muy, muy complejos.

De este modo, mientras el telescopio reveló una gran simplicidad en el universo, el microscopio reveló una complejidad nunca antes vista en el mundo de los seres vivos. La misma dicotomía entre lo simple y lo complejo ha plagado de problemas las ciencias biológicas desde entonces. Los biólogos, con cierta justificación, argumentan

que las ciencias naturales son fundamentalmente más difíciles que las ciencias físicas.

* * * *

Una figura clave en el desarrollo del microscopio fue el comerciante y científico holandés Anton van Leeuwenhoek. Este desarrolló un modo de hacer esferas de cristal pequeñas y de alta calidad y usarlas como lentes. Aunque la esfera no es la forma ideal para una lente, la calidad del cristal compensaba esta pobre geometría y los microscopios de Van Leeuwenhoek eran sorprendentemente poderosos. Usando este nuevo aparato, fue la primera persona que observó bacterias, levaduras y otras criaturas microscópicas que habitan en los estanques. A través de uno de sus microscopios, una gota de agua de un estanque estaba repleta de más vida que la llanura del Serengueti. También descubrimos que la sangre estaba hecha de minúsculos objetos circulares, los cuales circulaban por todo el cuerpo a través de pequeños tubos, los capilares.

A partir de 1673, Van Leeuwenhoek publicó sus descubrimientos en *Philosophical Transactions*, un boletín de la Royal Society de Londres. Al principio su trabajo atrajo comentarios favorables, pero después de tres años, empezó a hacer afirmaciones que la mayoría de los científicos de su época encontraron absurdas: el descubrimiento de «animáculos». Estas criaturas, dijo, surgen dentro de una simple gota de agua. La idea de que existiesen organismos vivos tan pequeños que fuesen invisibles al ojo desnudo parecía increíble, y, al principio, las afirmaciones de Van Leeuwenhoek fueron ridiculizadas.

Los tipos de criatura que Van Leeuwenhoek descubrió son hoy en día conocidos como protistas. El protista más conocido es la ameba, gracias a las clases de biología. En realidad, existen innumerables especies de ameba, algunas de las cuales incluso tienen caparazones. De este modo, «ameba» se ha convertido en un término genérico para tales criaturas, aunque el término técnico es «amébido». Las amebas fueron descubiertas en 1757 por August von Rosenhof e inicialmente se referían a ellas como «Proteus animalcules», llamadas así por el dios griego famoso por su habilidad para cambiar de forma. La ameba con el nombre científico *amoeba proteus* es la más común, principalmente también porque es la más grande y puede ser vista con facilidad usando un microscopio que no sea muy potente (véase la figura 1).

Cuando la observamos, esta ameba en particular aparece como una mancha de forma irregular con varias protuberancias, como tentáculos rudimentarios, con una forma bastante redondeada. El exterior de la criatura es algún tipo de membrana que forma una bolsa flexible; el interior es una mezcla de varios gránulos, y unos pocos agujeros, los cuales fluyen con un propósito aparente, como una gelatina espesa salpicada de granos de arena que parecen saber adónde quieren ir. Destaca un elemento redondeado dotado de partículas incluso más pequeñas, el núcleo. Una ameba puede moverse e ingerir alimentos, y gracias a su núcleo, puede también reproducirse: es su famosa habilidad de «multiplicarse dividiéndose». Bajo las condiciones adecuadas el núcleo dirige una secuencia compleja de eventos que causan que una ameba se divida

en dos. Estas a su vez pueden crecer y dividirse de nuevo, así el linaje de las amebas puede prosperar.

Una de mis viñetas favoritas es la arquetípica arca de Noé, apuntalada por andamios de madera, en pleno temporal. Las últimas parejas de animales están cruzando mojadas y miserables la pasarela hacia el arca. Noé, al pie de la pasarela, está escarbando en el barro, desesperadamente busca algo. La señora Noé se asoma por uno de los lados del arca y grita: « ¡Noé, olvídate de la otra ameba!».

* * * *

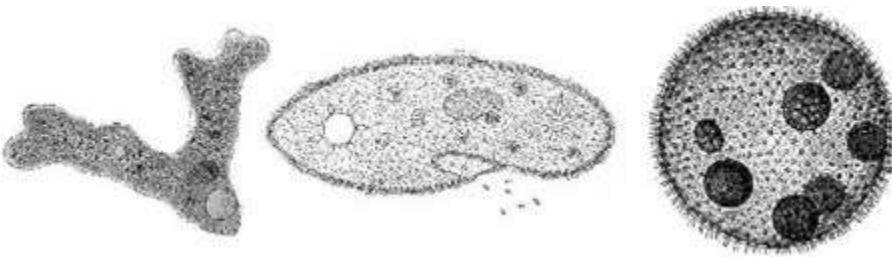


Figura 1. De izquierda a derecha: ameba, paramecio, volvox.

Van Leeuwenhoek también vio un paramecio, un organismo con forma de zapatilla cubierto con unas minúsculas protuberancias como látigos conocidas como cilios, que experimentan movimientos como ondas y se mueven alrededor del animal. El paramecio también está rodeado por una membrana. Hay una ranura con aspecto de boca en un extremo y un poro anal en el otro. También tiene un núcleo relativamente grande, que en la actualidad recibe el nombre de macrónucleo porque genéticamente recuerda a una gran cantidad de diferentes núcleos que se han fundido en uno solo.

Un tercer habitante común de las gotas de agua es un alga: volvox. Los organismos del género volvox son algas unicelulares que forman colonias. Cada célula se impulsa a sí misma con un flagelo, un objeto con aspecto de cola, que parece moverse de un lado a otro. Estas colonias, las cuales pueden alcanzar la cantidad de 50.000 individuos, están contenidas en una esfera más grande, aunque todavía microscópica, hecha de una proteína gelatinosa. Son de un verde vivo porque contienen clorofila, la sustancia que da a las plantas su color verde y, más importante, les permite convertir la luz solar en energía.

Todo esto, y mucho más, ¿dentro de una gota de agua? Resultaba difícil de creer. Las eminentes de la Royal Society lo encontraban muy improbable, pero después de cuatro años la gente empezó a buscar por sí misma, en lugar de denunciar la idea como absurda. Se hizo justicia con Van Leeuwenhoek y pronto fue elegido como miembro de la Royal Society.

Hizo un número de descubrimientos fundamentales usando sus microscopios, pero, en última instancia, su trabajo más importante fue el microscopio en sí mismo, porque otras personas lo podían usar para sus propios descubrimientos. Van Leeuwenhoek fabricó más de quinientas lentes y construyó cuatrocientos microscopios diferentes. El mejor de los nueve modelos que todavía se conservan aumenta los objetos 275 veces su tamaño, y algunos de sus modelos habrían sido capaces de conseguir un aumento de quinientos. Esto es cinco veces más que un microscopio óptico estándar de un laboratorio moderno. Por supuesto, los microscopios

hoy en día se fabrican con mucha más precisión e incluyen todo tipo de extras y aumentos mucho mayores que están disponibles si son necesarios. Pero se puede hacer mucho en el campo de la biología con un microscopio de los de Van Leeuwenhoek.

Van Leeuwenhoek era calvinista y consideró sus descubrimientos una evidencia de las maravillas ocultas de la creación divina. En el terreno científico, no aprobó la creencia dominante de que los organismos microscópicos se generaban de manera espontánea (que surgen de materiales sin vida por su propia voluntad), mostrando que, al igual que los seres vivos con mayor tamaño, se reproducían. Es irónico que el telescopio, con el cual Galileo reveló nuevos aspectos sobre el universo lejano, despertase tanta agitación religiosa, y sin embargo el microscopio, el cual descubrió una nueva visión completa de la vida en este planeta, fuese aceptado sin reparos.

Pero no iba a durar, por supuesto. Darwin y sus sucesores desencadenarían profundas divisiones religiosas y emocionales doscientos años más tarde.

* * * *

El microscopio realmente comenzó a despegar, y la biología con él, cuando Robert Hooke se unió a la lucha. Hooke era un erudito y filósofo naturalista, el término usado en esa época para científico, que cogió el relevó de Van Leeuwenhoek. Fue de muchas maneras el verdadero padre del microscopio. Estaba en todo y poseía una energía inmensa. Cuando Hooke se embarcaba en un proyecto, saltaban chispas.

Hooke fue el responsable de uno de los dibujos ícono de biología, uno que deja muy claro el punto de vista sobre la complejidad de un organismo diminuto. En su magníficamente ilustrada *Micrographia* de 1665, presentó observaciones que había hecho tanto con el microscopio como con el telescopio. Uno de los grabados muestra cómo se ve una pulga a través de un microscopio modesto (véase la figura 2). Todos sus contemporáneos estaban familiarizados con las pulgas, de hecho de una manera íntima, pero, para la mayoría de la gente, estas bestias pequeñas e irritantes eran tan solo motas oscuras que saltaban mucho y chupaban la sangre. Hooke mostró lo compleja que es una pulga en realidad. Parece una máquina pequeña y blindada. Tiene piernas peludas y largas, lo que le permiten saltar. La parte de la boca con la que chupa la sangre es sorprendentemente complicada. Claramente hay más en una pulga que un ser molesto.

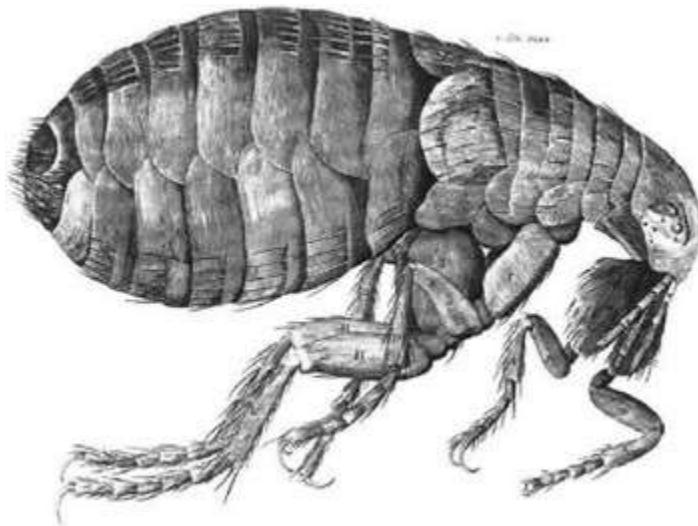


Figura 2. Dibujo de una pulga hecho por Hooke en *Micrographia*.

Hooke fue el responsable de un par de dibujos emblemáticos más, también en *Micrographia*. Nos mostró una lámina fina de una sustancia del día a día, el corcho (véase la figura 3). El corcho es la corteza de un árbol y es fuerte y ligero. Estas dos propiedades se originan en su estructura microscópica, la cual consiste en un montón de cámaras minúsculas. Hooke llamó a estas cámaras «células», porque le recordaban a las habitaciones de los monjes. Las células son las piezas de construcción básicas de la vida.

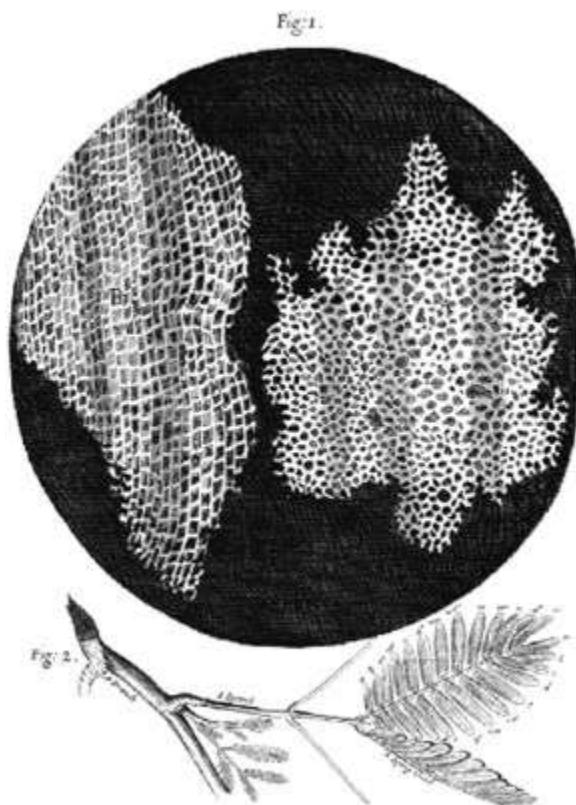


Figura 3. Dibujo del corcho hecho por Hooke en *Micrographia*

Algunos organismos, tales como la ameba, son células individuales. Criaturas mayores, ya sean delfinios,⁴ tigres o gente, son grandes ensamblajes de células. En primer lugar, consideremos la distinción crucial entre organismos según el número de células que tienen: una o más de una. Los organismos unicelulares son más simples que los organismos pluricelulares. Pero, cuando con los microscopios se descubrió cómo ver las diferentes partes y piezas de una célula, se cayó en la cuenta de que había una diferencia más fundamental. Algunos organismos unicelulares, por ejemplo las bacterias, eran muy diferentes de otros organismos unicelulares, tales como la ameba. La mayoría de los organismos pluricelulares pertenecían a la misma categoría que algunos organismos unicelulares, y los otros no eran tanto organismos como colonias.

La distinción fundamental, de hecho, es entre procariotas y eucariotas, dos de los tres dominios actuales para clasificar la vida (el tercer dominio es arqueas, criaturas unicelulares primitivas que solían agruparse con las procariotas). Las células eucariotas tienen núcleo, las células procariotas, no. Las bacterias pertenecen al dominio de las procariotas; las amebas y los tigres, al de eucariotas. ¿Por qué tanto revuelo en torno al núcleo? Porque afecta a cómo las células se reproducen. Todas las células se multiplican dividiéndose: una única célula «madre» se divide, formando dos células «hija». Pero las procariotas hacen esto de un modo más simple que las eucariotas.

* * * *

⁴ Tipo de flor. (*N. de la t.*)

Cuando una célula se divide, lo hace en dos partes, aproximadamente cada una de la mitad de tamaño que la original. Cada parte es una célula nueva, una especie de copia de la original y, si es necesario, puede hacerse más grande. Pero la reproducción no solo debe copiar la forma de la célula, sino también la información genética que hay oculta en ella, porque la genética controla muchos de los procesos que mantienen a la célula viva. Los genes se agrupan juntos en regiones de la célula conocidas como cromosomas, en griego «cuerpos coloreados», un término que refleja su descubrimiento cuando partes de la célula eran manchadas de manera selectiva usando tintes. Cuando la célula se divide, los cromosomas deben copiarse de algún modo, y una de esas copias va a cada célula hija. Este proceso de copiado es muy diferente en las células procariotas y las eucariotas.

Una célula procariota tiene cierto número de componentes (véase la figura 4). La mayoría de ellos están metidos en una envoltura celular, una especie de bolsa que mantiene juntas las partes vitales. Esta envoltura tiene dos capas, una pared exterior de la célula y una membrana interior. La envoltura es bastante rígida, así ayuda a la célula a mantener su forma. Esta no está totalmente carente de poros, y permite la entrada y salida de ciertos elementos. Su trabajo es controlar lo que va hacia cada lado. El exterior está normalmente, pero no siempre, provisto con estructuras que facilitan el movimiento, flagelos; y la comunicación, pili (plural de pilus). Un flagelo es una protuberancia con forma de cola que puede girar e impulsa a la célula a través del medio fluido que la rodea. Un

pilus es un apéndice con el aspecto de un pelo. Las células pueden unir sus pili, proporcionando así una vía de comunicación entre los interiores de cada una.

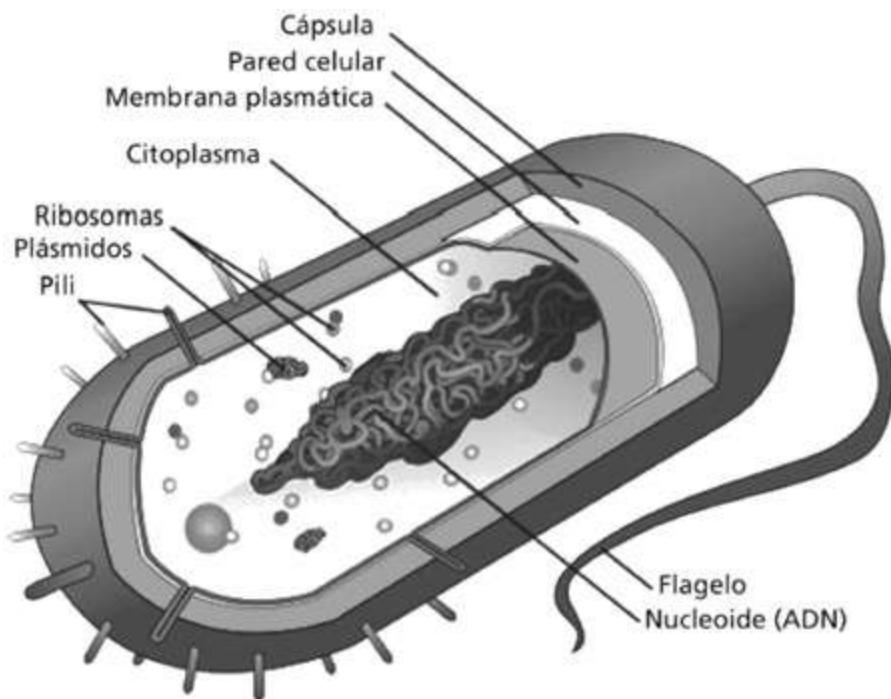


Figura 4. Célula procariota.

En el interior de la célula se encuentran varios componentes especiales, entre ellos los ribosomas, que se encargan de fabricar las proteínas, y el material genético, el cual, entre otras cosas, especifica la estructura de esas proteínas. El material genético, que ahora conocemos como ADN, es casi siempre un bucle largo y cerrado, doblado en una maraña complicada y unido a la membrana. Podría haber también bucles de ADN flotando libremente que se llaman plásmidos, los cuales permiten «sexo bacteriológico», en el que el ADN se intercambia a través de los pili.

Las células eucariotas son mucho más complejas que las procariotas y normalmente más grandes, de diez a quince veces más, y contienen mil veces su volumen (véase la figura 5). Tienen una membrana celular, pero no siempre presentan una pared celular. En lugar de flagelos y pili, tienen cilios, que se agitan de un lado a otro, ayudando a la célula a moverse. La diferencia más importante radica en el material genético. En una célula eucariota, la mayoría de él se encuentra agrupado en el interior del núcleo, el cual tiene su propia membrana. También es ADN, pero ahora esta molécula consiste en una hebra larga y no en un bucle cerrado. Las hebras se organizan enrollándose como bobinas alrededor de moléculas llamadas histonas. Cada hebra forma un cromosoma independiente.

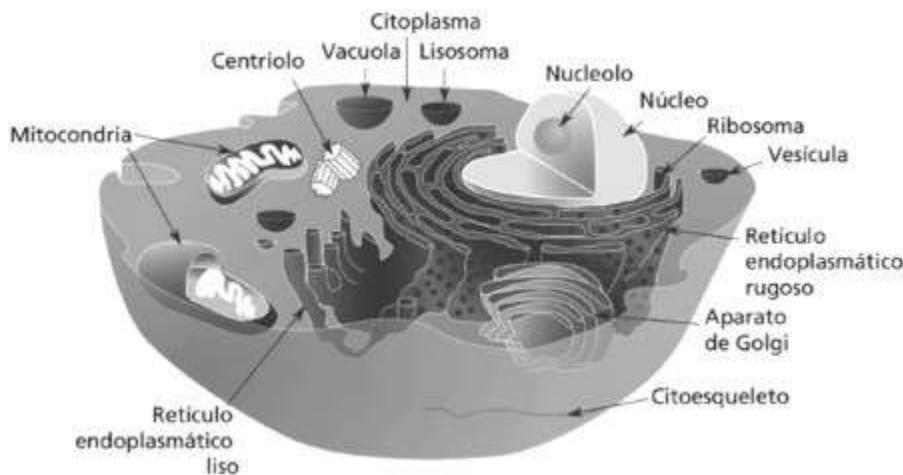


Figura 5. Célula eucariota con sus orgánulos etiquetados.

Las células eucariotas contienen otras estructuras, conocidas como orgánulos, que quiere decir pequeños organismos. Entre ellos están los ribosomas, que, de nuevo, se encargan de fabricar las proteínas,

y las mitocondrias, que fabrican una molécula llamada adenosín trifosfato (ATP), y cuya función es generar la energía de la célula.

* * * *

La capacidad de las células para moverse, de la que somos testigos cuando las observamos a través del microscopio, parece casi milagrosa. Parece que saben adónde van. Sin embargo, sabemos lo suficiente sobre el movimiento de las células como para ir más allá del aparente milagro y entender un poco qué es lo que hace que se muevan. Existe un orgánulo que controla la forma de la célula y que hace que los cambios adecuados en la forma den como resultado el movimiento. La forma se mantiene y cambia usando un tipo de esqueleto formado por moléculas largas con forma de tubo. Estos tubos pueden crecer o hacerse pedazos si es necesario y son fabricados por otro orgánulo, el centrosoma.

El principal agente del movimiento de la célula es el citoesqueleto, un entramado de proteínas que da soporte interno a la célula. Está construido en parte por microtúbulos; tubos largos y finos de una proteína llamada tubulina. La tubulina aparece de dos formas muy similares pero diferentes, tubulina alpha y tubulina beta. La estructura de un microtúbulo es como un tablero de ajedrez enrollado, los cuadrados negros son la tubulina alpha y los blancos son la tubulina beta. Dinámicamente, esta estructura es inestable, es como una chimenea de ladrillos cilíndricos en la cual filas sucesivas de ladrillos encajan de manera precisa unos sobre otros, en lugar de estar colocados de manera escalonada.

¿Por qué la naturaleza crea un elemento tan importante como un microtúbulo de un modo tan inestable? Porque «las líneas de división», donde la estructura es débil, son útiles. Los microtúbulos pueden hacerse más largos añadiendo otra capa de bloques de proteínas. Pero también pueden acortarse, dividiéndose por las juntas como si estuviésemos pelando un plátano. Los experimentos muestran que se acortan alrededor de diez veces más rápido de lo que crecen y los modelos matemáticos de fuerzas que actúan entre moléculas y átomos apoyan esta observación. De este modo, las células puede ir a «pescar» algo interesante usando cañas de tubulina, lanzándolas al azar a ver qué es lo que encuentran y plegándolas si no encuentran nada. Una célula se mueve destruyendo y reconstruyendo su propio esqueleto. Todo ello es, en esencia, la dinámica de una máquina molecular minúscula.

La construcción y demolición de los microtúbulos están controladas por señales químicas, muchas de las cuales tienen un origen ambiental. Si la célula recibe señales asociadas con comida, derriba su andamiaje en el lado opuesto al de la comida y desarrolla su estructura en el lado que está enfrente de la comida. De este modo se mueve lentamente hacia la comida.

Los microtúbulos son producidos por un orgánulo llamado centrosoma, descrito por primera vez por Theodor Boveri y Edouard van Beneden en 1887. Cuando una célula se divide, sus cromosomas deben duplicarse y este proceso se centra alrededor de una estructura llamada huso mitótico. Los cromosomas se alinean alrededor del «ecuador» del huso mitótico y a continuación emigran

a sus «polos». Con sus microscopios, Boveri y Van Beneden descubrieron un punto diminuto en cada polo del huso mitótico, un centrosoma (véase la figura 14, página 112). Una célula sencilla tiene un centrosoma, que está cerca de su núcleo. Cuando la célula se divide, el centrosoma se divide en dos partes que se separan. El huso mitótico se forma entre ellas. Entonces los centrosomas tiran de la célula por dos lados, extrudiendo los microtúbulos, los cuales se usan como cañas de pescar para coger cromosomas y arrastrarlos a las posiciones necesarias usando motores químicos especiales.

El centrosoma consiste en dos máquinas moleculares idénticas, los centriolos. Cada centriolo es un fardo de 27 microtúbulos, colocados de modo simétrico en nueve conjuntos de tres, unidos por un ligero giro. Dos de estos artefactos, colocados en ángulo recto el uno con el otro, se rodean por una nube enmarañada de material pericentriolar desde el cual salen numerosas cañas de pescar de tubulina. Esta elegante máquina molecular también organiza la producción de microtúbulos nuevos.

Una combinación de modelos matemáticos y bioquímica ha revelado recientemente otro papel para la tubulina en una célula. Moléculas pequeñas pueden esparcirse a través de la célula sin ayuda, pero las grandes e importantes en la biología quizá no lleguen a donde se necesitan si las dejamos solo con sus propios medios. Una proteína conocida como kinesina «camina» a lo largo de una tubulina con sus pequeñas piernas de molécula,⁵ transportando moléculas vitales a

⁵ Para ver una animación, visitar la web www.cellimagelibrary.org/images/8082

través de la célula. De modo que una célula no es tan solo una bolsa de sustancias químicas, es más como una fábrica altamente automatizada.

* * * *

En los organismos procariotas y eucariotas unicelulares, el organismo es una célula, por lo que la división de la célula constituye la reproducción del organismo. En formas de vida pluricelulares, incluyendo todos los animales y plantas que nos son familiares gracias a nuestro día a día y a los programas de televisión de David Attenborough, han de suceder muchas más cosas antes de que un organismo adulto se reproduzca. En los organismos sexuados, en la mayoría, las células macho se dividen de un modo especial para producir espermatozoides, y las células hembra, de modo similar, producen óvulos (describiré esto de manera breve más adelante, cuando tengamos más conocimiento); ambos, los espermatozoides y los óvulos, tienen la mitad de la cantidad de material genético que hay en una célula. Estos dos tipos de «semicélulas» especializadas se juntan, el espermatozoide fertiliza el óvulo y los dos juntos forman una célula convencional.

Una vez fertilizado, el óvulo experimenta una pauta de desarrollo complicada pero organizada. En los mamíferos, consiste en una serie de etapas —embrión, feto— que conducen a un punto en el cual sale de su madre al mundo exterior. Luego continúa su desarrollo pasando por una etapa juvenil hasta llegar a convertirse en adulto. Sucede lo mismo en pájaros y reptiles, excepto que donde pone «madre» se tiene que cambiar por «huevo». Otros tipos de

organismos experimentan otros cambios propios, por ejemplo, la rana se desarrolla pasando por una etapa de renacuajo y finalmente se convierte en un adulto en miniatura. Solo en ese momento puede decirse que el adulto original se ha reproducido.

El desarrollo es quizá la parte más compleja de la biología, porque es la etapa en la cual estamos obligados a contemplar no solo una parte aislada del ser vivo, sino la criatura en su totalidad. Lo que sabemos acerca del desarrollo es mucho, pero lo que no sabemos es todavía mucho más. Sabemos, con un detalle espectacular, cómo se desarrollan innumerables organismos; perros, gatos, peces perro, peces gato, palomas, arañas, caléndulas, lagartos, erizos de mar, moscas de la fruta, lombrices diminutas... Pero estamos lejos de entender el proceso que controla su desarrollo.

Parece ser que lo fundamental es que el óvulo fertilizado se divide de manera repetida, proporcionando un número de células cada vez mayor, y que el material genético del organismo organiza de algún modo las pautas por las cuales esas células crecen, se mueven, se especializan en realizar determinadas tareas y, al final, mueren. Con frecuencia el modo en que la naturaleza crea una estructura complicada implica usar algunas células como soporte temporal y matarlas cuando ya no son necesarias.

Las primeras etapas del desarrollo son parecidas en la mayoría de los animales más grandes; las de la rana se pueden ver en la figura 6. El óvulo fertilizado se divide repetidamente sin ningún cambio en el tamaño total del conjunto de células, de modo que las células se van haciendo más y más pequeñas. Este proceso es conocido como

segmentación y nos lleva a la blástula, una esfera hueca de células minúsculas. En muchas especies esta esfera se rellena con un fluido o yema, pero en los mamíferos contiene otra masa de células llamada blastocito.

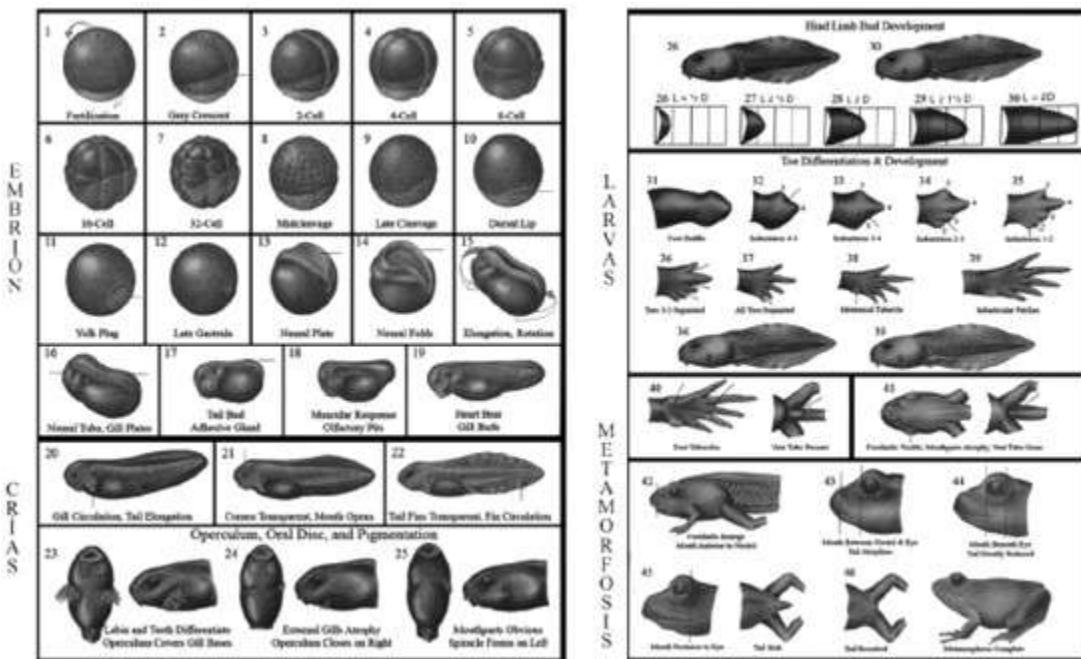


Figura 6. Primeras etapas en el desarrollo de la rana *Bufo valliceps*.

Aparecen varias capas de células diferentes, luego tiene lugar un paso clave conocido como gastrulación, y la bola de células entera se pliega sobre sí misma para crear algo más parecido a una bolsa o a un tubo con un agujero al final (describiré un modelo matemático de este proceso al final del capítulo 13, el cual tiene en cuenta la estructura celular). Llegado este punto, el organismo adquiere un interior y un exterior, por decirlo de algún modo. Ahora, los órganos internos pueden formarse.

A continuación, observamos los inicios del sistema nervioso. Aparecen dos cadenas paralelas en el exterior del embrión en desarrollo, creando una ranura entre ellas; esto se conoce como el surco neuronal, que acaba dando lugar al tubo neuronal, el cual más tarde se convierte en la médula espinal y el sistema nervioso. Se forma otro tubo que acabará convirtiéndose en el sistema digestivo, desde la boca, pasando por el estómago y los intestinos, hasta el ano. Un cerebro rudimentario comienza a formarse..., etcétera, etcétera, etcétera. La bioquímica por sí sola no puede explicar los complejos cambios de forma que acompañan al desarrollo. Además debemos tener en cuenta las propiedades físicas de las células, tales como: cómo de viscosas son, cómo emigran de una región del embrión a otra, cómo nacen células nuevas y cómo mueren las que ya existían. La aparición de la adherencia en las células preparó el terreno para la evolución de organismos pluricelulares, sin ella se habrían desmoronado.

El desarrollo incluye la destrucción deliberada de células que son empleadas como soporte mientras se forman algunas estructuras y que se destruyen una vez estas ya se han formado. Este proceso es conocido como apoptosis o muerte celular programada. Por ejemplo, si tenemos el embrión de un pollo, sus miembros se forman a partir de esbozos de sus miembros. Al principio el esbozo es solo una forma redondeada única sin rasgos distintivos, pero después de un tiempo se divide en dos protuberancias separadas en forma de dedos. Esta división no está causada solo por el crecimiento de protuberancias separadas; en las regiones entre ellas las células

mueren, del mismo modo que el sastre hace los guantes cortando el material entre los dedos en lugar de coser juntas piezas de tela independientes con forma de dedo. Los modelos matemáticos han aumentado nuestra comprensión del crecimiento de las extremidades, de la forma de las alas de las moscas, de los tentáculos de una pequeña hidra y de muchos otros enigmas del desarrollo.

El desarrollo no atañe solo a la estructura molecular, su característica más importante es la forma. Un organismo no puede funcionar de modo efectivo si sus órganos, extremidades y tronco tienen una forma que no es la adecuada. Los biólogos han aprendido mucho sobre los cambios que ocurren cuando un embrión se desarrolla. En los insectos, por ejemplo, las estructuras de gran escala como las patas y las antenas se desarrollan a partir de regiones pequeñas de las células llamadas discos imaginarios. Los experimentos muestran que el crecimiento y el movimiento de estas células están controlados en parte por genes específicos, conocidos como genes Hox. Una mutación en uno de estos genes puede provocar, por ejemplo, que una antena se forme donde debería ir una pata. Otros errores genéticos pueden crear patas donde deberían ir antenas.

El desarrollo conlleva una intrincada interacción entre los procesos físicos y genéticos de crecimiento, movimiento y muerte. Estamos solo comenzando a entender esos procesos, que representan un reto fascinante para biólogos, físicos, químicos y matemáticos.

Capítulo 3

La larga lista de la vida

Este es un capítulo pequeño sobre una lista larga.

Los primeros biólogos estudiaron la vida desde una escala humana, consideraron a un animal o a una planta como un todo. Puede que diseccionasen algunos para ver cómo eran por dentro, pero la mayoría de ellos investigaron la diversidad de la vida.

Cuando somos niños, todos descubrimos que una categoría simple como «mariposa» fracasa cuando tiene que reflejar la colorida realidad, hay mariposas azules, rojas, marrones, amarillas, blancas, mariposas con puntos, mariposas grandes, mariposas pequeñas y así muchas posibilidades más. Incluso a escala humana, la biología es enorme. Con el propósito de entenderla, la hemos dividido en partes manejables. Es tan grande y complicada para el alcance local de nuestras mentes, que tenemos que organizarla. Un modo de lidiar con el problema es hacer una lista. Esta fue la segunda revolución.

* * * *

La extraordinaria diversidad de vida en la Tierra es un descubrimiento relativamente reciente, que se hizo solo después de que unos científicos intrépidos tuviesen el coraje y los medios para explorar los confines más lejanos de nuestro planeta y traer muestras de lo que habían encontrado.

Hace poco compré un facsímil de la primera edición de la *Enciclopedia Británica*, que data de 1771. Más o menos dos tercios

del primer volumen (hay tres en total) es una entrada para ARCA. Lo cual incluye una discusión sobre cuántas criaturas tuvo que acoger el arca de Noé.

* * * *

Las dimensiones del arca, dadas por Moisés, son 300 codos de largo, 50 de ancho y 30 de alto, que algunos creen que son bastante escasas considerando el número de cosas que tenía que contener; y por lo tanto se ha creado un debate acerca de la autoridad de esta relación. Para solucionar este problema muchos de los padres fundadores y sus detractores modernos se han visto en la obligación de usar trucos viles. Pero Buteo y Kircher han probado que, tomando el codo común, que es un pie y medio, geométricamente el arca era suficientemente grande para todos los animales que se supone que tenía que alojar en ella. Snellius calcula que el arca tendría más de medio acre de área [...] y el Dr. Arbuthnot calcula que habrían sido 81.062 toneles.

Lo que había en ella era, además de los ocho miembros de la familia de Noé, una pareja de cada especie de animales impuros y siete parejas de especies de animales puros con provisiones para todos ellos durante un año entero. Lo primero parece, a primera vista, casi infinito; pero si calculamos el número de especies de animales nos encontraremos que son muchas menos de las que nos imaginamos, no llega a un centenar de especies de cuadrúpedos, ni a doscientos pájaros, y además, en este caso, están excluidos los animales que pueden vivir en el

agua. Los zoólogos normalmente reconocen que no más de ciento setenta y dos cuadrúpedos necesitaban un hueco en el arca.

* * * *

La entrada va más allá, proporcionando detalles sobre el tipo de comida que sería necesaria para varios de los animales, especialmente los domésticos, y sugiere una posible distribución para los compartimentos de los animales y las zonas de almacenamiento. Se ofrece una visión sorprendente de los procesos de pensamiento de la época, que tiene cierto sentido teniendo en cuenta lo que entonces se sabía sobre la diversidad de las especies que viven en nuestro planeta. Pero, sin pretender herir sensibilidades, los cálculos eran demasiado optimistas.

El Libro del Génesis nos dice que el arca llevaba a todas las especies del planeta, aunque hay cierta ambigüedad sobre las criaturas que viven en el agua. Sin embargo, la llegada de suficiente agua dulce para cubrir las montañas más altas hace que el mar fuese mucho menos salado, por lo tanto, inapropiado para las criaturas marinas; en el otro sentido, la sal añadida al agua dulce existente mataría todas las criaturas de agua dulce. De modo que todas habrían tenido que ir en el arca.

Ahora sabemos que hay millones de especies, no solo unos pocos cientos. Cada una necesitaría su hábitat propio y particular, y su comida, que con frecuencia serían otras especies. Tan solo un león común necesitaría un suministro de gacelas para cinco meses. Además están el leopardo, el guepardo, el tigre, el jaguar, el serval,

el lince, el gatopardo, el gato pescador... un total de 41 especies conocidas y eso solo con los felinos.

No estoy tratando de burlarme de la historia de Noé, la cual es una preciosa fábula moral que tiene su origen en una historia anterior acerca de una inundación en Babilonia que se encuentra en la *Epopeya de Gilgamesh*. Lo que quiero decir es que hace menos de doscientos cincuenta años, hasta los académicos más sabios subestimaron en gran medida la diversidad de la vida en la Tierra y permitieron que sus propias creencias les cegasen a la diversidad que tenían hasta en su propio jardín, donde un prácticamente interminable desfile de mariposas, polillas y escarabajos, especialmente escarabajos, pasaba ante sus ojos cada día.

* * * *

Algunos pensadores, sin embargo, se adelantaron a su tiempo y se hicieron conscientes de la enorme diversidad de la naturaleza. De hecho, era tan diversa que alguien tuvo que poner un poco de orden en ella para que los humanos fuesen alguna vez capaces de entenderla.

La primera aproximación sistemática a la clasificación de los organismos vivos fue idea de un botánico, zoólogo y médico sueco, Carl von Linneo. A él le debemos el sistema estándar para nombrar a los organismos en términos de especie, género y grupos más amplios, usando los términos latinos, un sistema que él puso por primera vez en práctica en la década de los cuarenta del siglo XVIII, treinta años antes que la primera edición de la *Enciclopedia Británica*. De hecho, la enciclopedia tiene una discusión extensa

sobre la clasificación de las plantas de Linneo bajo el término BOTÁNICA, y una pequeña para los animales en la entrada HISTORIA NATURAL. Al principio, Linneo tenía la intención de incluir los minerales, plantas y animales en su clasificación, pero pronto se dio cuenta de que los minerales eran tan diferentes de los seres vivos que era poco apropiado encajarlos en el mismo gran proyecto. Sin embargo, las plantas y los animales eran ambos formas de vida y, aunque había diferencias grandes, podrían tener en común más de lo que parecía a simple vista. Muchos de los detalles del proyecto de Linneo han cambiado considerablemente con el tiempo, pero los principios básicos de la organización siguen siendo los mismos.

La historia de la clasificación de Linneo y la gran cantidad de cambios que ha sufrido es fascinante, pero lo que nos importa a nosotros es adónde nos lleva. En la actualidad, los taxonomistas, los biólogos cuya especialidad es la clasificación de organismos vivos en especies y otros grupos relacionados, organizan el reino de los seres vivos en una jerarquía de ocho niveles:

1. La vida se divide en tres dominios.
2. Cada dominio se divide en reinos.
3. Cada reino se divide en filos o tipos.
4. Cada filo se divide en clases.
5. Cada clase se divide en órdenes.
6. Cada orden se divide en familias.
7. Cada familia se divide en géneros.
8. Cada género se divide en especies.

Hay más divisiones; en subespecies, etcétera, etcétera..., pero estos son los ocho rangos principales en taxonomía.

Observando esta lista de abajo arriba, las especies representan diferentes animales, pájaros, peces, plantas, etcétera. En gran medida está de acuerdo con lo que nos dice nuestro instinto, que es que todos los herrerillos son, básicamente, el mismo tipo de pájaro, pero que los tordos son diferentes. Hace unos pocos años, algunos taxonomistas compararon los nombres usados por los nativos de Nueva Guinea para varios pájaros con los nombres de la clasificación de Linneo, y ambos hacían exactamente las mismas distinciones. El siguiente nivel, el género, corresponde, de manera similar, a la observación de que el águila real, el águila imperial, el águila moteada, etcétera, son todas variaciones de tema «águila», mientras que el zorzal común y el zorzal charlo son variaciones del tema «zorzal», tema al que no pertenece el águila real. Sin embargo, teniendo todo en cuenta, el género hace distinciones más finas que esa; los patos, por ejemplo, no pertenecen a un solo género. Las familias, a menudo, reflejan lo que nos dice el instinto bastante fielmente.

De un modo más preciso, el herrerillo está clasificado en la tabla 1 (véase más abajo). Esta clasificación completa coloca al herrerillo, con respecto a otros organismos, en una posición muy específica, por ejemplo, la rana es también un cordado, pero no un pájaro, mientras que el diente de león es un eucariota pero no un animal (los eucariotas tienen células con núcleo, los cordados, cuando son

embriones, desarrollan una notocorda, una precursora de la columna vertebral). Sin embargo, la lista completa es larguísima y, para la mayoría de los propósitos, los dos grupos finales son suficientes, la famosa clasificación binomial o compuesta, en la cual el herrerillo es *Cyanistes caeruleus*, que se escribe en cursiva, con la primera letra del género escrita en mayúscula pero no la de la especie.⁶ Después de mencionar el género por primera vez, normalmente se abrevia, es decir se escribe *C. caeruleus*.

TABLA 1. Clasificación del herrerillo

| | | |
|---------|----------------------|--|
| Dominio | <i>Eukaryota</i> | Eucariotas |
| Reino | <i>Animalia</i> | Animales |
| Filo | <i>Chordata</i> | Cordados |
| Clase | <i>Aves</i> | Pájaros |
| Orden | <i>Passeriformes</i> | Pájaros cantores |
| Familia | <i>Paridae</i> | Páridos |
| Género | <i>Cyanistes</i> | Un subconjunto de los páridos más pequeños |
| Especie | <i>Caeruleus</i> | Herrerillo |

La clasificación, sin embargo, es solo el comienzo de la complejidad de la biología, es una mera «colección de mariposas» (en sentido literal para los lepidopterólogos). La biología es más que hacer una

⁶ La mayoría de los taxonomistas consideran *Cyanistes* como un subgénero del género *Parus*, pero la Unión Ornitológica Británica lo considera un género distinto basándose en la secuencia del ADN, en concreto, la secuencia del ADN mitocondrial del citocromo B, el cual muestra que estos pájaros difieren de un modo significativo de otros páridos. En lo que respecta a distinciones más finas, *C.caeruleus* se subdivide en al menos nueve subespecies

lista de las criaturas y darles nombres extravagantes. Y la complejidad de la vida no es un tema sobre la cantidad de formas de vida diferentes, por muy grande que sea el número. Cada organismo individual, incluso los más simples, tiene una complejidad interna enorme. Y cuando llegamos a los organismos interactuando los unos con los otros en el «entorno», bien... la magnitud de la tarea se convierte en casi aplastante.

No obstante, la clasificación es un primer paso sensato, precisa el área en la que trabajar y proporciona la base para comparaciones más profundas y la búsqueda de pautas generales. Muchas ciencias no habrían prosperado sin una etapa inicial de «colección de mariposas», un claro ejemplo es la cristalografía.

Los taxonomistas tienen al menos listadas un millón y medio de especies distintas. La variedad en cuanto a tamaño va desde los virus a las ballenas azules; viven en prácticamente todas las regiones del planeta, desde fisuras del suelo oceánico de las que sale agua hirviendo a las nubes más altas en la estratosfera; pueden encontrarse en los bosques del Ecuador, desiertos, ríos, lagos, mares, cuevas... incluso a kilómetros bajo tierra, en grietas diminutas de las rocas. El único lugar donde no se ha encontrado vida todavía es en el magma fundido en los volcanes, y teniendo en cuenta todos los lugares inverosímiles donde se ha encontrado vida, en contradicción con lo que la mayoría de los científicos habían pensado con anterioridad que era posible, no sería demasiado sorprendente encontrar alguna forma de vida exótica ahí también.

Sería un tipo de vida nunca antes vista en la Tierra y dudo que alguien pierda su camisa apostando lo contrario.

Los taxonomistas en la actualidad reconocen sobre 300.000 especies de plantas, 30.000 hongos y otros no animales y 1,25 millones de animales. De estos animales, 1,2 millones son invertebrados, criaturas que carecen de una columna vertebral como los caracoles o las gambas, de los cuales unos 400.000 son escarabajos. Al genetista y biólogo evolutivo J. B. S. Haldane, una dama le preguntó si sus estudios le habían enseñado algo sobre Dios; según se dice respondió: «Que tiene una afición excesiva por los escarabajos, señora». Los vertebrados son apenas 60.000 especies: 30.000 peces, 6.000 anfibios, 800 reptiles, 10.000 pájaros y 5.000 mamíferos. Entre los mamíferos, más o menos 630 especies son primates, el orden de animales que incluye monos, lémures, chimpancés... y humanos. En la última década, se descubrieron 53 especies de primates nuevas: 40 en Madagascar, dos en África, tres en Asia y ocho en América Central y del Sur. Tales descubrimientos fueron sorprendentes en un mundo tan ampliamente explorado, pero los seres vivos pueden ser muy escurridizos; han evolucionado para serlo.

De todo este enorme número de especies, solo una se ha desarrollado para la lectura, la escritura, la religión, la ciencia, la tecnología y el lenguaje: el *Homo sapiens*, los seres humanos. Las nociones elementales de la mayoría de los atributos humanos se pueden encontrar en otras criaturas y muchos de los animales más inteligentes, como los chimpancés o los delfines, son mucho más

listos de lo que se solía pensar hace unos pocos años. Es más, también lo son los cuervos.

¿Cuántas especies hay en total? Las estimaciones varían entre 2 millones y 100 millones, aunque una cifra entre 5 y 10 millones es lo probable. Un artículo reciente se decidió por 5,5 millones, sugiriendo que estimaciones anteriores habían exagerado el nivel de diversidad.

Las especies se están comenzando a extinguir más rápido de lo que pueden descubrirse. No está totalmente claro cómo deberíamos definir «especies», de hecho, no está totalmente claro que «especies» sea un concepto del todo significativo biológicamente hablando. Cuando iba al colegio me enseñaron que había dos especies de elefantes, los africanos y los asiáticos. En la actualidad los zoólogos reconocen cinco. Dentro de diez años... ¿quién sabe?

* * * *

El sistema de clasificación de Linneo, hoy en día, ha traído un cierto grado de orden al aparentemente caótico mundo de la vida en la Tierra. Como un plus inesperado, su estructura jerárquica también da a entender la ascendencia evolutiva de los organismos actuales. Sin embargo, nada es sagrado en la ciencia y una ruidosa minoría de taxonomistas cree que el mundo de los seres vivos no es tan claro y ordenado como el sistema artificial que Linneo sugiere. Se han propuesto más de una docena de alternativas, en las cuales el *Homo sapiens* se convierte en Homo-sapiens, homo sapiens, homo sapiens, sapiens, sapiens 0127654, etcétera. Las ventajas reivindicadas por dichos sistemas son que estos reflejan la compleja

realidad de la vida, en vez de encajarla en categorías rígidas y ordenadas.

Aunque estas críticas tienen alguna validez, el esquema de Linneo, en su forma moderna, es adecuado para la mente humana y ha sido usado durante tanto tiempo que cambiarlo ahora sería extremadamente poco práctico. La resistencia generalizada a sistemas nuevos y supuestamente más racionales no es solo de científicos conservadores, está basada en ser consciente de cuánto esfuerzo sería necesario para hacer el cambio. En cualquier caso, muchos de los sistemas nuevos tienen también imperfecciones. Pero a la larga, un proyecto inventado en el siglo XVIII, cuando la evolución, el ADN y las técnicas de clasificación modernas no existían, quizá resulte no ser el apropiado para el siglo XXI.

* * * *

Las ideas de Linneo hicieron pensar a los zoólogos y botánicos con más cuidado en los caracteres: las características que distinguen una especie de otra. ¿Qué caracteres son mejores para clasificar los organismos? Tanto los tigres como las cebras tienen rayas, pero eso no quiere decir que estén estrechamente relacionados. De hecho, los tigres y las cebras no pertenecen al mismo género, ni a la misma familia, ni siquiera al mismo orden. Los tigres son del orden de los carnívoros, mientras que las cebras son del orden de los perisodáctilos. Las dos especies tan solo coinciden cuando se llega al nivel de la clase, ambas son mamíferos. De modo que los caracteres que llaman la atención del ojo, como las rayas del tigre,

son con frecuencia menos significativos que los más sutiles, como los dedos de los pies que una criatura tiene.

Cuanto más extendida está una característica común a varias especies, es más probable que esté en una categoría más alta del rango taxonómico, en el sentido de que las clases están más altas que los órdenes y los órdenes están más altos que las familias. Las categorías más altas son más globales. Muchos animales diferentes producen leche y amamantan a sus crías. Esta es la característica clave de todos los mamíferos, y como está tan extendida, tiene prioridad sobre caracteres más superficiales como el color o las manchas. De modo que lo que importa más sobre un tigre es que es un animal y no una planta (reino), entre los animales es un cordado (filo), entre los cordados es un mamífero (clase), luego es un carnívoro (orden), después un felino (familia) y tras eso una panthera (género). Solo entonces, al nivel de las especies, sus características rayas entran en juego. Del mismo modo, lo que más importa de una cebra es que es, también, un mamífero, pero en lugar de ser carnívoro, tiene pezuñas con un número impar de dedos (orden), que es como un caballo (familia) y que se parece mucho a un caballo (género). Las rayas son compartidas por tres especies distintas de cebra, y son necesarios más caracteres para diferenciarlas.

Los taxonomistas aprendieron rápido que las características más importantes para la clasificación pocas veces eran las que atraían de modo inmediato la atención de un observador humano. Por lo que parece, características menores eran particularmente

significativas en las plantas que dan flores: un árbol gigantesco y un hierbajo diminuto puede que estén estrechamente relacionados, pero dos árboles enormes en el mismo bosque quizá sean totalmente diferentes. Lo que importaba la mayoría de las veces eran los minúsculos detalles de los órganos reproductores de la planta: los pistilos, los estambres, los sépalos y los pétalos.

Al principio, en su *Systema Sexuale*, Linneo agrupó las plantas con flores según el número de órganos sexuales que tenían. Llamó a las clases de plantas *Monandria*, *Diandria*, *Triandria*, *Tetrandria*, etcétera. Hizo esto principalmente porque era lo más cómodo; era fácil contar cuántos estambres o pétalos tenía una flor y hacía el sistema útil para la identificación. Esta clasificación fue popular con ese propósito hasta mediados del siglo XIX, pero para entonces los taxonomistas la habían reemplazado por un esquema que reflejaba las relaciones entre las plantas más fielmente. Sin embargo, la reproducción es una característica fundamental de las plantas, así que la estructura y el número de órganos reproductores es todavía importante en la clasificación de las plantas.

Contar los órganos de las plantas ocasionó una de las primeras aplicaciones exhaustivas de las matemáticas a un problema en biología: los llamativos patrones de números y formas observados en las hojas y las flores de las plantas. El siguiente capítulo da una idea general de la historia, primero usando el tipo de matemáticas que había durante el siglo XIX y a principios del siglo XX, para, a continuación, trasladarnos a la era actual y así ver cómo el punto de vista ha cambiado a medida que los recientes descubrimientos en

biología han motivado interrogantes nuevos que solucionar para los matemáticos.

Capítulo 4

Encuentro floral con Fibonacci

Las dos primeras revoluciones en biología establecieron las pautas de las investigaciones que les siguieron durante más o menos un siglo. La manera aceptada de conocimiento avanzado en biología era buscar nuevas especies y encajarlas en el esquema de Linneo. Para estudiarlas en detalle era necesario el uso del microscopio y registrar e informar de lo que se encontraba. Esta fue la era de la biología de la «colección de mariposas», cuando el objetivo era catalogar la diversidad de la vida y celebrar su riqueza.

En medio del aluvión de detalles, unos pocos principios generales empezaron a surgir, especialmente cuando tenían que ver con relaciones generalizadas entre organismos tales como depredador/presa, parásito/huésped, mimetismo y simbiosis. Estos conceptos ayudaron a organizar un cuerpo de conocimiento cada vez mayor. Pero el modelo predominante era recoger, catalogar y observar. No se era un biólogo, se era un botánico (especialista en plantas), un zoólogo (animales), un entomólogo (insectos), un herpetólogo (reptiles), un ictiólogo (peces), etcétera.

Las ciencias físicas siguieron un camino diferente. El mismo período, desde Linneo en 1735 a Darwin en 1859, fue testigo del crecimiento brutal de la física, alimentado por el descubrimiento de las leyes universales de la naturaleza, expresadas en el lenguaje arcano de las matemáticas. Pero mientras la física se estaba unificando con principios matemáticos generales, la biología

resultaba abrumadora debido a la existencia de un laberinto de ejemplos particulares. Había pocos principios generales, difícilmente leyes de las que hablar y prácticamente nada de matemáticas.

Incluso así, las matemáticas se las arreglaban para colarse en unas pocas áreas de la biología, de un modo notable en la aritmética extraña del reino de las plantas. Una secuencia de números muy específica aparece de manera repetida asociada a las plantas en contextos muy diferentes: el número de pétalos de una flor, la geometría de las semillas en las flores, la colocación de las hojas a lo largo del tallo, los bultos en una coliflor y en la estructura de las piñas.

Con las técnicas matemáticas disponibles y la visión de la biología que prevalecía alrededor de 1850, estas pautas numéricas podrían ser, y fueron, descritas con mucho detalle. Sin embargo, la descripción era lo que era. Explicar por qué ocurrían estos patrones era un tema totalmente diferente, más allá del alcance de la ciencia de la época. En este capítulo, veremos lo lejos que logró llegar la ciencia de la época victoriana lidiando con la aritmética y la geometría de las plantas. Luego, desviándonos temporalmente del curso de la historia, veremos cómo las matemáticas modernas y un poquito de química han cubierto algunos de los huecos.

* * * *

La caléndula normalmente tiene 13 pétalos. Las que son del género áster tienen 21. Muchas margaritas tienen 34 pétalos, si no, normalmente tienen 55 u 89. Con frecuencia, especialmente en variedades de plantas de cultivo, el número de pétalos es dos veces

mayor, porque quienes se dedican a cultivarlas han aprendido cómo duplicar el número de pétalos. En general, raras veces verás una margarita con 37 pétalos y si ves una con 33 es probable que se le haya caído un pétalo. Los girasoles, los cuales pertenecen a la familia de las margaritas, normalmente tienen 55, 89 o 144 pétalos. Las excepciones a esto suelen ser el resultado de daños o alteraciones mientras la planta estaba creciendo.

A primera vista, no parece que haya una razón en particular por la que la naturaleza sea favorable a estos números o, ya que estamos, a cualquier número concreto. Los pétalos están colocados alrededor de la zona central de la flor como los radios de una rueda. Del mismo modo que una rueda puede tener cualquier número de radios, no parece haber una restricción obvia a cuántos pétalos pueden o no pueden colocarse en el espacio del que se dispone. Esto hace que la lista limitada de números sea claramente un misterio.

Desde el actual punto de vista centrado en los genes, se supone que una planta podría tener cualquier número razonable de pétalos, dependiendo de las «instrucciones» codificadas en sus genes. De modo que podríamos esperar encontrar números específicos para especies en particular, pero no la misma pequeña lista de números bastante extraños para muchas especies diferentes. Sin embargo esto es lo que la naturaleza nos proporciona, como se indica en la tabla 2 (véase más abajo). Otros números son mucho más raros, aunque también se dan; por ejemplo, las fuchsias tienen 4 pétalos. Las excepciones como esta a menudo están relacionadas con los números 4, 7, 11, 18 y 29. Volveremos sobre esto más adelante

porque, en realidad, confirma las teorías más modernas, más que rebatirlas.

TABLA 2. El número de pétalos de una flor

| <i>N.º de pétalos</i> | <i>Flor</i> |
|-----------------------|--|
| 3 | Lirios, azucenas |
| 5 | Botón de oro, aguileña, espuela de caballero, rosa silvestre |
| 8 | Coreopsis, delfinio |
| 13 | Cineraria, caléndula, hierba cana |
| 21 | Áster, Rudbeckia bicolor, achicoria |
| 34 | Flor del platanero, margarita, piretro |
| 55 | Margarita, girasol |
| 89 | Margarita, girasol |
| 144 | Girasol |

Para complicar el misterio, los mismos números extraños aparecen en otras partes del reino vegetal. Un ejemplo destacable es la colocación de las hojas en el tallo de una planta, técnicamente conocido como filotaxis. En algunas plantas el orden es muy simple, con las hojas colocadas por pares una frente a otra. Pero en muchos casos las hojas están ordenadas como una hélice, de modo que la hoja siguiente a lo largo del tallo se coloca en un ángulo específico con respecto a la hoja anterior. Y estos ángulos tienen que ver con la misma lista de números especiales.

Un caso típico sucede para un ángulo de 135° , el cual es $3/8$ de un círculo completo. Supongamos que la primera hoja está en un

ángulo de 0° , entonces para la segunda serán 135° , la tercera 270° , y así sucesivamente. Los ángulos que forman dos hojas consecutivas son enteros múltiplos de 135° . Restando 360° cuando los números se hagan más grandes que una circunferencia completa, tenemos la siguiente secuencia de ángulos (con las fracciones de circunferencia correspondientes):

| | | | | | | | | |
|-----------|-------------|-------------|------------|-------------|-------------|------------|-------------|-----------|
| 0° | 135° | 270° | 45° | 180° | 315° | 90° | 225° | 0° |
| 0 | $3/8$ | $6/8$ | $1/8$ | $4/8$ | $7/8$ | $2/8$ | $5/8$ | 0 |

Esta pauta se repite indefinidamente. Si dejamos fracciones sin simplificar, como por ejemplo $6/8$, en lugar de $3/4$, la pauta se hace más clara. La figura 7 muestra cómo estos ángulos crean una colocación de las hojas en forma de hélice.

El mismo tipo de comportamiento se da en muchas otras plantas, aunque nos podemos encontrar con varias fracciones diferentes de la circunferencia. Sin embargo, otras fracciones sencillas, por ejemplo $2/7$, están ausentes de manera llamativa. Las que se enumeran en la tabla 3 están muy relacionadas con los números observados en los pétalos. De hecho, cada fracción de la lista está formada por uno de esos números: 1, 2, 3, 5, 8, 13. Sin contar el 1 y el 2, todos los demás son números para los pétalos. Esta no es una sorpresa por completo, porque los pétalos son hojas modificadas, pero requiere explicación.

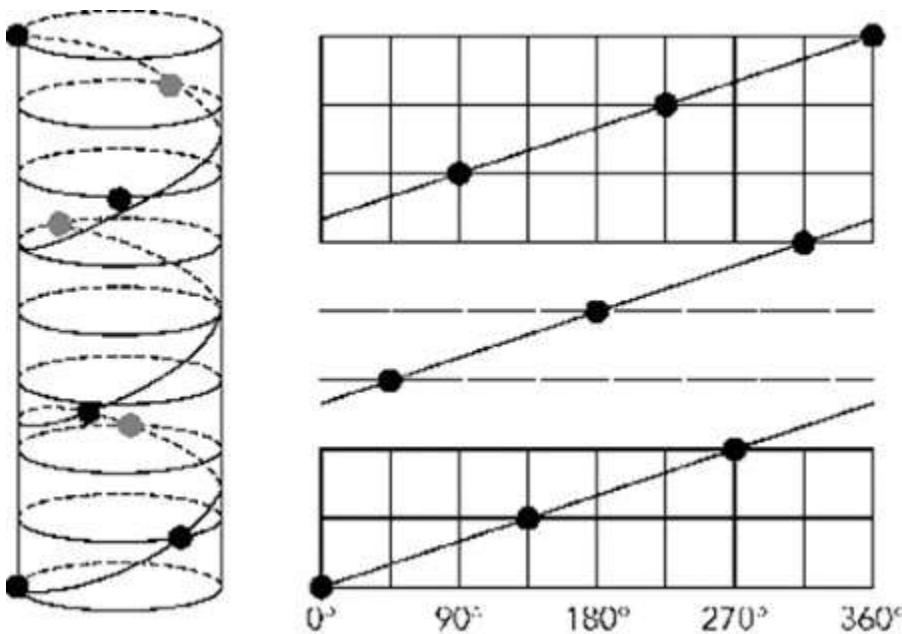


Figura 7. A la izquierda: la colocación en forma de hélice de hojas consecutivas separadas por 3/8 de una circunferencia. A la derecha: el desarrollo plano de la superficie cilíndrica de la misma hélice del tallo de una planta. Observa que 360° es equivalente a 0°, así que los dos finales al enrollarlos se juntan.

TABLA 3. Fracciones de la circunferencia entre hojas consecutivas en diferentes plantas

| <i>Fracciones de la circunferencia entre hojas consecutivas</i> | <i>Planta</i> |
|---|----------------------|
| 1/2 | Césped |
| 1/3 | Haya, avellano |
| 2/5 | Roble, albaricoquero |
| 3/8 | Álamo, peral |
| 5/13 | Sauce, almendro |

Exactamente el mismo número aparece en otras cuantas características de las plantas, lo que se suma a la evidencia de que estas pautas no son una mera coincidencia. Las piñas se reconocen fácilmente por el patrón aproximadamente hexagonal de su superficie. Los hexágonos son frutos individuales, que se fusionan a medida que crecen. Encajan perfectamente unos con otros, no como en el embaldosado estándar del panal de abejas, pero sí como dos familias entrelazadas de espirales helicoidales. Una familia gira, vista desde arriba, en sentido antihorario y tiene 8 espirales, la otra gira en el sentido de las agujas del reloj y tiene 13 espirales. Es posible ver una tercera familia de cinco espirales, girando en el sentido de las agujas del reloj en un ángulo con menos inclinación (véase la figura 8). Las escamas de las piñas de las coníferas forman conjuntos de espirales parecidos. También las semillas de un girasol maduro (véase la figura 9), pero en este caso las espirales no están de modo helicoidal ya que están sobre un plano.

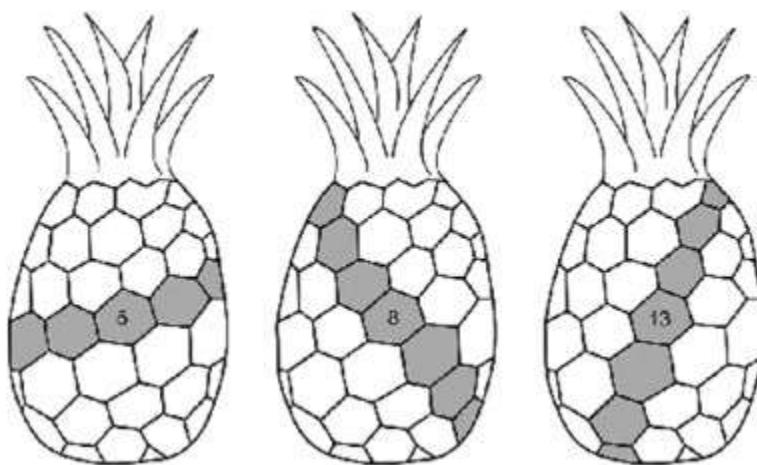


Figura 8. Las tres familias de espirales en una piña.

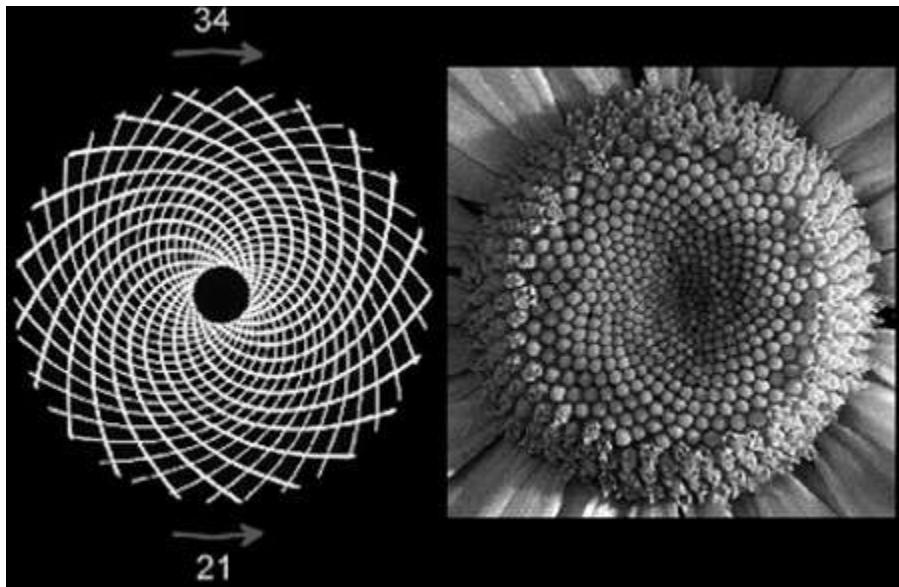


Figura 9. Las dos familias de espirales en un girasol: 34 en el sentido de las agujas del reloj y 21 en sentido antihorario.

Está claro que hay algo en esta lista de números que los hace inusualmente apropiados para la estructura de las plantas. Pero ¿por qué estos números son tan habituales y otros son tan raros?

La respuesta empieza con conejos.

En 1202, el matemático italiano Leonardo de Pisa escribió un libro de texto de aritmética. Uno de los ejercicios que proponía a sus lectores era un problema sobre la progenie de una pareja de conejos. Analizaré este problema y su respuesta con más detalle en el capítulo 16, cuando echemos un vistazo a las matemáticas del crecimiento de población. Aquí, necesitamos centrarnos solo en la sucesión de números del resultado, la cual enumera cuántas parejas de conejos hay en épocas de cría sucesivas:

$$1, 1, 2, 3, 5, 8, 13, 21, 34, 55, 89, 144, 233, 377$$

Y así sucesivamente. La regla para formar estos números tras los dos primeros 1, los cuales tomamos como punto de partida, es que cada número se obtiene sumando los dos anteriores: $2 = 1 + 1$, $3 = 1 + 2$, $5 = 2 + 3$, $8 = 3 + 5$, $13 = 5 + 8$, y así sucesivamente. Posteriormente, Leonardo recibió el apodo de Fibonacci y desde entonces, 1877, cuando el matemático y divulgador francés Édouard Lucas escribió sobre esta sucesión, sus elementos se conocen como los números de Fibonacci.

Parafraseando a J.B.S. Haldane, el reino vegetal parece tener una afición extraordinaria por los números de Fibonacci.

La asociación de Leonardo de esta sucesión con la progenie de los conejos, aunque a primera vista biológica, es completamente irrelevante al número de pétalos y la filotaxis. De hecho sus suposiciones eran tan artificiales que ni siquiera son tampoco muy relevantes para los conejos. Pero una característica matemática de la respuesta es claramente relevante: las fracciones formadas por números consecutivos de Fibonacci. Si escribimos estas fracciones como decimales, nos encontramos con lo siguiente:

$$\begin{aligned} 1/1 &= 1,000 & 2/1 &= 2,000 & 3/2 &= 1,500 & 5/3 &= 1,666 & 8/5 &= 1,600 \\ 13/8 &= 1,625 & 21/13 &= 1,615 & 34/21 &= 1,619 & 55/34 &= 1,617 \end{aligned}$$

A medida que estos números crecen, las fracciones se van acercando más y más a un valor concreto, el cual, si lo escribimos con seis cifras decimales, es 1,618034. De hecho, es exactamente

igual a $(1 + \sqrt{5})/2$ y, normalmente, se denota con el símbolo φ (la letra griega phi). Este número es irracional; lo que quiere decir que no puede escribirse como la razón de dos enteros, ninguna fracción es exactamente igual a él. De hecho, fue uno de los primeros números irracionales que se descubrieron, después de la raíz cuadrada de dos, y fue descubierto en la Grecia clásica en el contexto de la geometría de pentágonos.

Las fracciones que aparecen en la filotaxis son también razones de los números de Fibonacci, pero en lugar de usar elementos consecutivos de la sucesión, el numerador (la parte de arriba) y el denominador (la parte de abajo) distan dos posiciones. Además, el número más grande es el denominador, no el numerador. Un caso típico es $5/13$, construido a partir de la parte de la sucesión de Fibonacci: 5, 8, 13. Unas cuantas de las primeras fracciones de este tipo son:

$$1/2 = 0,500 \quad 1/3 = 0,333 \quad 2/5 = 0,400 \quad 3/8 = 0,375 \quad 5/13 = 0,384$$

$$8/21 = 0,380 \quad 13/34 = 0,382 \quad 21/55 = 0,381 \quad 34/89 = 0,382$$

De nuevo vemos un patrón: las fracciones se aproximan más y más a un número concreto, esta vez 0,381966. Este número está estrechamente relacionado con φ . De hecho, con un poco de álgebra sencilla vemos que el valor exacto es $2 - \varphi$.

Las propiedades especiales del número áureo φ nos proporcionan una interpretación alternativa. Supongamos que dividimos una circunferencia (360°) en dos arcos que están en proporción áurea.

Es decir, el ángulo que forma el arco mayor es φ veces el ángulo determinado por el arco pequeño. Entonces, el arco pequeño es $1/(1 + \varphi)$ veces la circunferencia. Numéricamente, esta expresión es 0,381966, el número que obtuvimos antes. Un poco más de álgebra nos confirma que esta relación es exacta. Numéricamente, este ángulo es casi $137,5^\circ$, y se conoce como el ángulo áureo.

Lo que resulta de todo esto es que podemos interpretar las fracciones observadas en la filotaxis como aproximaciones al ángulo áureo. Todo esto está muy bien, pero hasta aquí tan solo hemos reemplazado un acertijo matemático por otros dos. La aparición de los números de Fibonacci en flores ahora parece depender de un ángulo especial y una sucesión de aproximaciones relacionadas en forma de fracciones. ¿Por qué este ángulo y por qué estas fracciones?

Las fracciones son la parte más fácil, pueden interpretarse como la caracterización matemática de la mejor aproximación fraccionaria al ángulo áureo para un denominador dado. No solo en el sentido de que, por ejemplo, $3/8$ es una aproximación mejor que $2/8$ o $4/8$, sino que si observas las fracciones con denominadores mayores, la primera vez que obtienes una aproximación mejor al ángulo áureo es cuando llegas a $5/13$. Después de eso, la siguiente mejor llega con $8/21$, y así sucesivamente. El concepto de las matemáticas clásicas conocido como «fracciones continuas» establece esta relación entre el ángulo áureo y las fracciones de la filotaxis. De modo que la clave del misterio está en entender por qué aparece el

ángulo áureo. Si podemos hacer eso, el papel de las fracciones le seguiría.

* * * *

El siguiente paso para solucionar el enigma de la filotaxis fue biológico, en concreto, echándole un vistazo a cómo los brotes de una planta que está creciendo cambian a nivel celular. En 1868, el botánico alemán Wilhelm Hofmeister hizo extensas observaciones de este proceso y puso los cimientos para todos los trabajos que le siguieron sobre el problema. En la etapa temprana del desarrollo, una planta tiene el aspecto de poco más que un brote verde minúsculo con poca estructura. A medida que crece, empiezan a aparecer pequeñas hojas y se quedan atrás a medida que el brote crece apuntando al cielo. El cambio principal sucede en el extremo del brote. Podemos hacernos una imagen mental razonable del patrón de crecimiento pensando en una fuente, donde el agua sale disparada hacia arriba desde el centro, salpica hacia afuera radialmente y luego empieza a caer sobre la superficie del estanque. Ahora supongamos que la fuente apunta hacia el cielo como un cohete y que el agua que emana de ella se «congela» una vez que cae por debajo del nivel del centro de la fuente. A continuación, se podría ver una columna creciente de agua congelada, con una fuente de chorros, colocada malamente en la cima, trepando hacia el cielo. Toda el agua «nueva» saldría de la fuente de la cima de la columna, desde donde se esparciría radialmente hasta que alcanzase el borde de la columna y se congelase.

Un brote que está creciendo es como eso, pero usando células nuevas en lugar de gotitas de agua. Para simplificar, podemos pensar en el brote como un cilindro con una punta redondeada. La mayoría del desarrollo tiene lugar cerca del extremo del brote, próximo al centro del tallo. Aparecen nuevas células por la división celular cerca de la punta y se esparcen hacia el exterior por el borde, donde (en este nivel de descripción) se paran. De esta manera la punta crece empujando hacia arriba, dejando un rastro de nuevas células tras ella y el cilindro se hace más alto sin hacerse más ancho.

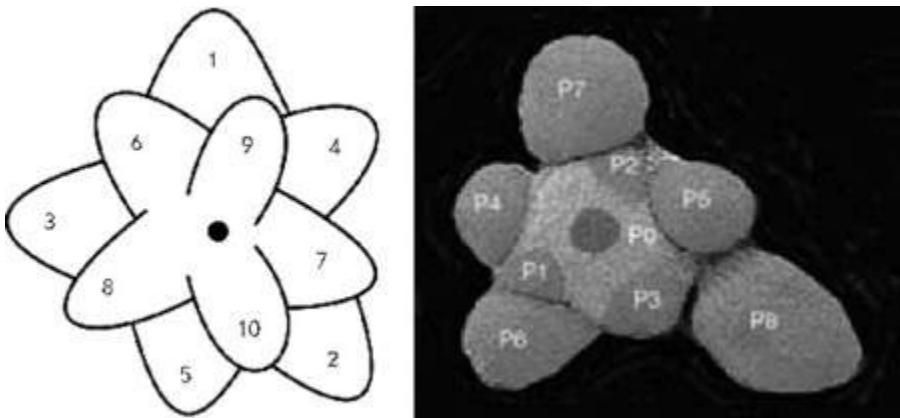
A medida que la planta madura, por supuesto que el tallo se hace más grueso, además ocurren otros muchos cambios, como que las hojas se hacen más grandes, aparecen los capullos, etcétera. Pero la explicación de la filotaxis no depende de los cambios más tardíos, el patrón básico del crecimiento de las hojas, y mucho más, está determinado por lo que ocurre cuando la punta va creciendo.

El desarrollo de los acontecimientos sería invisible sin un microscopio, pero tiene que ver con pequeños grupos de células conocidas como primordios. Cada grupo acabará siendo una hoja, de modo que las posiciones de las hojas están determinadas por la geometría microscópica de los primordios. Hofmeister descubrió que el proceso empieza con la aparición de dos primordios, situados juntos en el centro del extremo, cada uno apuntando hacia un lado. Conforme estos dos empiezan a esparcirse radialmente hacia afuera, un tercer primordio aparece en las proximidades del centro, entre ellos. No hay espacio suficiente para que este nuevo primordio

crezca completamente en ese sitio y los dos primeros lo empujan hacia un nuevo espacio abierto. La interacción de estas fuerzas causa que los tres primordios se organicen a sí mismos, de modo que los ángulos entre el primero y el segundo y el segundo y el tercero están próximos al ángulo áureo.

Antes de que estos tres primordios se hayan movido muy rápido, un cuarto aparece cerca del centro del extremo. Como tres veces el ángulo áureo es un poco más de 360° , la circunferencia completa, este cuarto primordio surge muy próximo al primero y lo empuja hacia afuera. Luego aparece un quinto cerca del centro y empuja al segundo, como se muestra en la figura 10. El resultado de todo este dinamismo y empujones con los nuevos primordios, floreciendo en el medio mientras los otros se mueven lentamente hacia el exterior, es un patrón geométrico bonito. Los primordios consecutivos son espaciados en múltiplos del ángulo áureo a lo largo de una espiral. La forma de la espiral está determinada por la velocidad a la que los primordios se mueven y crecen, de modo que Hofmeister la llamó la espiral generatriz.

Despojados del detalle biológico, tenemos ahora una nueva descripción matemática del proceso que crea el patrón geométrico y numérico en la filotaxis.



*Figura 10. A la izquierda: la teoría. Primordios consecutivos, numerados en orden de aparición, forman un ángulo fijo con respecto al anterior y lentamente se expanden hacia afuera. A la derecha: el experimento. El desarrollo de la punta de *Arabidopsis* como se ve por un microscopio electrónico, mostrando primordios consecutivos (P_8P_1 , los números está en el orden inverso comparados con los de la imagen anterior). El siguiente primordio aparecerá en P_0 . La región que rodea a P_0 es la fuente de las células nuevas.*

Primordios consecutivos se encuentran en la espiral generatriz, cada uno separado de su sucesor por el ángulo áureo o una cercana aproximación a él. A medida que pasa el tiempo, cualquier primordio que tomemos se extiende radialmente hasta que alcanza el borde del tallo que rodea el extremo y entonces deja de moverse. Conforme el brote crece, el resultado es una serie de primordios, distanciados en múltiplos enteros del ángulo áureo a lo largo de una hélice que gira en torno al cilindro que representa el tallo.

Los matemáticos de la época victoriana, entre ellos el físico y matemático Peter Gurthrie Tait, más conocido por su *Treatise on Natural Philosophy* (*Tratado sobre filosofía natural*), convirtieron las

ideas de Hofmeister en una descripción matemática minuciosa de la filotaxis basada en diagramas como el de la figura 7. Pero la descripción fue todo lo lejos que llegaron los matemáticos de esta época. Al menos una cuestión crucial seguía sin resolver, ¿qué era tan especial en el ángulo áureo cuando se trata del crecimiento de las plantas? Sí, el ángulo áureo viene de la razón áurea, pero ¿por qué es tan importante la razón áurea?

En *On Growth and Form* (*Sobre crecimiento y forma*), Thompson discute una de las respuestas populares de la época victoriana: como la razón áurea es un irracional, dicha colocación impide a las hojas que estén exactamente una sobre otra, supuestamente permitiendo a la lluvia y a los rayos de Sol llegar a todas las hojas de manera eficiente. Indica que el mismo razonamiento funciona para cualquier otro número irracional y que la razón áurea puede obtenerse a partir de muchas sucesiones de números, no solo a partir de la sucesión de Fibonacci. También podría haber indicado que aproximaciones como $5/13$ que aparecen en las plantas reales, las cuales estamos tratando de explicar, son racionales. Remarca, con desdén, que «todas las especulaciones de este tipo se remontan a una escuela de idealismo místico».

En 1917, cuando apareció por primera vez el libro de Thompson, esto debió de parecer un comentario perspicaz. La razón áurea y la sucesión de Fibonacci tenían un atractivo de culto y dieron lugar a una vasta literatura que era amplia en especulaciones y escasa en hechos. Sin embargo, trabajos más recientes han establecido que el ángulo áureo es una característica genuina de la numerología de las

plantas, lo mismo que sus aproximaciones con fracciones de los números de Fibonacci. Las razones van más allá del misticismo de los números, pasando por simplemente una descripción de la geometría y teniendo en cuenta el dinamismo de la planta mientras crece. Los progresos en este problema han ocurrido en una serie de pasos y podemos, temporalmente, llevar la historia un poco más allá en este punto, siguiendo los desarrollos más modernos, antes de volver al orden histórico en el siguiente capítulo, con la tercera revolución en biología.

* * * *

Las características especiales del ángulo áureo son más fáciles de apreciar si recurrimos a una característica relacionada con las plantas, no a la posición de los primordios cuando los primeros brotes están creciendo, sino a la posición de las semillas en la flor de una planta madura. Los números de Fibonacci se encuentran aquí también, al igual que en la espiral generatriz de Hofmeister, porque las colocaciones de las semillas están determinadas por patrones de primordios en los brotes jóvenes. Estos patrones no se activan hasta que la planta madura, pero se crean por el mismo mecanismo que genera las hojas. Así que, de nuevo, el asunto principal es la geometría de los primordios, la cual genera no solo las hojas de la planta, sino que también genera muchos de los otros órganos interesantes, incluyendo los pétalos y las semillas en las cabezas florales.

Ya hemos visto en la figura 9 que las semillas en un girasol están puestas juntas de manera que el ojo humano se ve atraído

inmediatamente a dos familias de espirales entreveradas, una en el sentido de las agujas del reloj y la otra en el sentido contrario. Si cuentas cuántas espirales hay en cada familia, como de costumbre, te encuentras con dos números de Fibonacci consecutivos. Por cierto, estas espirales no son la espiral generatriz, la cual está enrollada sin apretar y no es evidente a la vista, a menos que unas los primordios en el orden en que se forman. Los pétalos se forman en el extremo exterior de una familia de espirales, de nuevo misteriosamente determinados por el patrón original de los primordios que están especializados en formar pétalos, no semillas. De modo que un número de Fibonacci de espirales implica un número de Fibonacci de pétalos. En resumen, basta con explicar por qué los números de Fibonacci aparecen en las espirales.

En 1979, Helmut Vogel, de la Universidad Técnica de Múnich, consideró una representación matemática sencilla de la geometría de las semillas del girasol y la usó para explicar por qué el ángulo áureo es especialmente apropiado para estas ordenaciones.⁷ En su modelo, el enésimo primordio es colocado en un ángulo igual a n veces $137,5^\circ$ y su distancia desde el centro es proporcional a la raíz cuadrada de n . Estos dos números determinan su localización y la espiral generatriz de Hofmeister se revela como la conocida como espiral de Fermat, la cual al enrollarse se va apretando más a medida que nos movemos del exterior al centro.

⁷ H. Vogel, «A better way to construct the sunflower head», *Mathematical Biosciences* 44 (1979), 179-189.

Usando esta fórmula, Vogel averiguó qué sucedería en la cabeza de semillas si se emplease la misma espiral generatriz, pero se cambiase el ángulo áureo de $137,5^\circ$, aunque solo fuese un poco. El resultado, mostrado en la figura 11, es llamativo. Solo el ángulo áureo hace que las semillas estén colocadas muy juntas, sin agujeros o montarse una sobre otra. Incluso un cambio en el ángulo de una décima parte de un grado provoca que el patrón se rompa en una única familia de espirales, con huecos entre las semillas.



Figura 11. Patrones de la espiral de Fermat. A la izquierda: separadas 137° , algo menos que el ángulo áureo. En el medio: separadas $137,5^\circ$, el ángulo áureo. A la derecha: separadas 138° , un poco más que el ángulo áureo.

El modelo de Vogel explica por qué el ángulo áureo es especial y apoya la visión de que desempeña un papel activo en la filotaxis y no es solo una coincidencia numérica vista a través de unos ojos místicos. Sin embargo, la explicación completa es mucho más profunda. Resulta que, justo como Hofmeister había dicho, la dinámica de las plantas mientras crecen provoca que los primordios se empujen en relaciones con el ángulo áureo. A medida que las

células crecen y se mueven, crean fuerzas que afectan a las células vecinas.

* * * *

Las fuerzas son un ingrediente esencial de la mecánica, la cual es la parte de la física matemática relacionada con el movimiento de objetos. La mecánica nació en los experimentos que Galileo hizo alrededor de 1600, cuando lanzó unas bolas por una pendiente para investigar los efectos de la gravedad. Se convirtió en una reconocida rama de la física en 1687, cuando Newton publicó su épico *Philosophiae Naturalis Principia Mathematica*, en el cual relaciona el movimiento de un cuerpo con las fuerzas que actúan sobre él. Desde entonces, se ha convertido en una piedra angular de la ciencia.

Una vez la mecánica entra en escena, la atención pasa de una mera descripción de fenómenos naturales a investigar los mecanismos que la causan. El ángulo áureo y sus fracciones de Fibonacci dejan de ser curiosidades numéricas y su presencia se explica ahora con la interacción de fuerzas durante el crecimiento del tallo. Contrario al escepticismo de Thompson, la razón áurea y las matemáticas relacionadas con ella juegan, de hecho, papeles clave.

En 1992, los físicos matemáticos franceses Stéphane Douady e Yves Couder investigaron la mecánica de los sistemas en los que objetos con el aspecto de puntos, los cuales representan los primordios, son introducidos repetidamente cerca del centro de un círculo en instantes separados por igual en el tiempo, y luego se mueven hacia

afuera a lo largo del radio del círculo.⁸ Asumieron que estos objetos se repelen entre ellos, al igual que lo hacen los dos polos positivos de unos imanes. Luego resolvieron qué sucedería de dos modos: por experimentación y por simulación con el ordenador.

En sus experimentos, primordios sucesivos se representaban por gotitas de un fluido magnético, bajo la acción de un campo magnético que hacía que se repeliesen entre ellos, de modo que se organizaban en patrones mientras emigraban en una dirección radial. El resultado dependía de la fuerza del campo magnético y los intervalos entre las gotitas, pero en la mayoría de los patrones habituales que se desarrollaban, las gotitas espontáneamente se agrupaban en familias de espirales justo como las de la cabeza de un girasol, con el ángulo áureo, la aritmética de Fibonacci y todo.

Las simulaciones por ordenador revelaron más detalles, mostrando que el sistema de gotitas de un modo natural se centra en aproximaciones de fracciones de Fibonacci al ángulo áureo. La fracción que surge depende de la velocidad a la cual se vayan añadiendo nuevas gotitas. La relación exacta se plasma en lo conocido como diagrama de bifurcación (véase la figura 12). Este muestra cómo los números en las espirales y los ángulos asociados entre primordios consecutivos están relacionados con la velocidad. Las características principales del diagrama de bifurcación son dos curvas, llamadas la rama de Fibonacci y la rama de Lucas. Hay

⁸ . S. Douady e Y. Couder, «Phyllotaxis as a self-organised growth process» en *Growth Patterns en Physical Sciences and Biology*(ed. J.M. García-Ruiz y otros), Plenum Press, Nueva York (1993), 341-351.

otras ramas, en principio un número infinito, pero estas son muy cortas, así que raramente ocurren en la práctica.

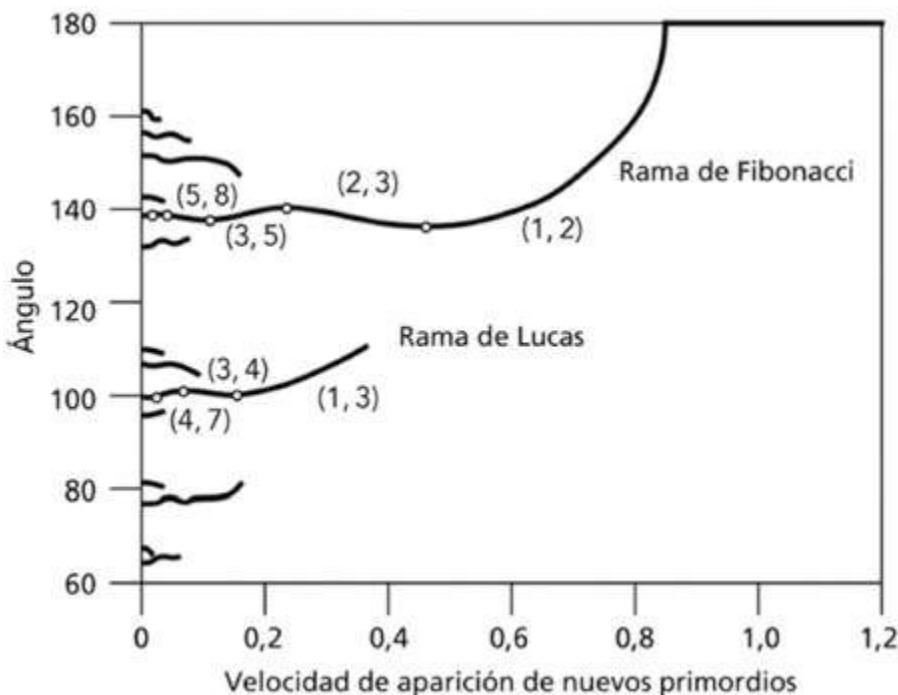


Figura 12. Diagrama de bifurcación para la filotaxis después de Douady y Couder.

Para interpretar las curvas, empezamos al final del extremo derecho y nos movemos hacia la izquierda. Cuando la velocidad de formación de gotas es mayor que 0,8, el ángulo es 180°, de modo que gotitas consecutivas se alinean a ambos lados del centro. A medida que la velocidad decrece, el ángulo va cambiando de modo continuo, siguiendo la curva que se dobla desde la parte de arriba de la imagen hacia abajo y hacia la izquierda, el ángulo cambia a aproximadamente 140°. Esta curva, la rama de Fibonacci, se corresponde con el comportamiento más probable. Se mueve arriba

y abajo y en cada pico o depresión (marcados con un punto blanco), el número de espirales en las dos familias aumenta un número en la sucesión. Si escribimos, por ejemplo, (3, 5) quiere decir 3 familias en una dirección y 5 en la otra; estos pares de números cambian de (1, 2) a (2, 3), luego a (3, 5), luego a (5, 8) y así sucesivamente, a medida que la curva avanza de derecha a izquierda. El ángulo converge al ángulo áureo, $137,5^\circ$, como era de esperar.

Ahora las piezas restantes del puzzle matemático encajan: por qué el ángulo áureo es el principio organizador que hay tras la geometría y por qué lo que nosotros observamos son aproximaciones de fracciones de Fibonacci. El ingrediente principal que faltaba era una prueba matemática rigurosa de que las características vistas en la simulación son lo que parecen ser. Esta fue proporcionada en 1991 por Leonid Levitov, un físico de la materia condensada que en la actualidad está en el Instituto Tecnológico de Massachusetts. En 1995, Martin Kunz, un físico de la Universidad de Lausanne en Suiza, añadió muchos más detalles.⁹

Estos resultados también explican una característica misteriosa del problema, la cual he pasado por alto hasta ahora, la aparición ocasional de números que no son de Fibonacci, tales como los cuatro pétalos de una fucsia. Estas excepciones también aparecen en el diagrama de bifurcación de Douady y Couder, pero en la rama de Lucas, de modo que tienen la misma explicación que los números de Fibonacci. En este caso, el número de espirales

⁹ L.S. Levitov, «Phyllotaxis of flux lattices in layered superconductors», *Physics Review Letters* 66 (1991), 224-227; M. Kunz, «Some analytical results about two physical models of phyllotaxis», *Communications in Mathematical Physics* 169 (1995), 261-295.

proviene de una sucesión muy parecida a la sucesión de Fibonacci, llamada los números de Lucas:

$$1, 3, 4, 5, 11, 18, 29, 47, 76, 123$$

Y así sucesivamente. La regla para formar estos números, después de los dos primeros, es la misma que antes; cada número es la suma de los dos anteriores, pero aquí los dos primeros números son 1 y 3, no 1 y 1. Las razones de dos números de Lucas consecutivos también se aproximan a la razón áurea. Los pares de números de las espirales se convierten en (1, 3), luego (3, 4), luego (4, 7), luego (7, 11) y así sucesivamente. El ángulo al que convergen es 99,5°.

Las otras ramas más cortas en el diagrama de bifurcación se corresponden con patrones que siguen sucesiones como las sucesiones de Fibonacci y Lucas, pero empezando con números diferentes. Se corresponden con los ángulos 77,9° y 151,1° y difícilmente las podemos ver en las plantas.

Los cuatro pétalos de la fucsia no son el único caso de los números de Lucas en las plantas. Algunos cactus muestran un patrón de 4 espirales en una dirección y 7 en la otra, o 11 en una dirección y 18 en la otra. Una especie de *Echinocactus* tiene 29 nervios.¹⁰ Conjuntos de 47 y 76 espirales se han encontrado en girasoles.¹¹

¹⁰ La especie es *Echinocactus grusonii inermis*. Véase www.maths.surrey.ac.uk/hosted-sites/R.Knott/Fibonacci/fibnat.html#nonfib.

¹¹ G.W. Ryan, J.L. Rouse y L.A. Bursill, «Quantitative analysis of sunflower seed packing», *Journal of Theoretical Biology* 147 (1991), 303-328.

Los cactus nos llevan de manera natural a una extensión del análisis matemático de la estructura de las plantas. En los modelos que acabo de describir, los primordios son representados como objetos individuales con el aspecto de un punto y las fuerzas actúan en esos puntos. En un modelo «continuo» más realista, las fuerzas se distribuirían sobre toda la superficie del tallo que está creciendo y los primordios se desarrollarían como una consecuencia de esas fuerzas, del mismo modo que una lámina de metal se comba cuando sus aristas se comprimen. Las técnicas que se necesitan aquí vienen de una rama mayor de la física aplicada: la teoría de la elasticidad. Esta estudia cómo se comportan las formas que son capaces de curvarse o comprimirse cuando son sometidas a fuerzas externas, lo cual es usado ampliamente por los ingenieros cuando diseñan edificios, puentes y otras grandes estructuras.

Si distorsionas un objeto elástico, tienes que hacer un trabajo. Piensa en estrujar una pelota de goma, por ejemplo. El trabajo que haces al estrujar la pelota se almacena en el material como una forma de energía, conocida como energía elástica. Un principio importante en la teoría de la elasticidad es que los sistemas se comportan de modo que minimizan su energía elástica. En 2004, Patrick Shipman y Alan Newell, matemáticos de la Universidad de Arizona en Tucson, aplicaron la teoría de la elasticidad a modelos continuos de brotes de plantas que estaban creciendo, poniendo especial énfasis en los cactus, los cuales están muy extendidos en

Arizona.¹² Modelizaron la formación de primordios como un tipo de plegamiento de la superficie del extremo del brote en crecimiento y mostraron que las configuraciones de energía mínima toman la forma de patrones de ondas paralelas que se superponen.

Estos patrones están gobernados por dos factores: el número de ondas, el cual está relacionado con la longitud de onda, y la dirección hacia la que apuntan las ondas. La aritmética de Fibonacci, en esta aproximación, aparece porque los patrones más importantes implican la interacción de tres de estas ondas y, en las condiciones pertinentes, el número de onda para la tercera onda debe ser la suma de los otros dos números de onda. Las espirales de la piña en la figura 8 muestran tres sistemas de líneas de los hexágonos aproximadamente paralelas; es básicamente la misma idea. De manera que este modelo llega a la aritmética de los números de Fibonacci directamente a través de la aritmética de los patrones de onda. No solo los números, sino que incluso la regla matemática para su formación, se corresponden directamente con la mecánica subyacente del extremo plegado.

Cualquier botánico dirá que los extremos de una planta realmente no se pliegan, sino que crecen. De modo que aunque el modelo de elasticidad refleja algunas de las principales características de una planta que está creciendo, todavía se echaba en falta algunos ingredientes cruciales. Las fuerzas que actúan en los primordios explican su geometría, pero no explican cómo los nuevos primordios

¹² P.D. Shipman y A.C. Newell, «Phyllotactic patterns on plants», *Physics Review Letters* 92 (2004), 168102.

se producen y por qué aparecen en lugares donde la curvatura elástica dice que deberían aparecer.

La respuesta a esta pregunta no necesita matemáticas, sino bioquímica. La formación de los primordios es dirigida por una hormona llamada auxina. Newell y sus colegas habían probado que patrones de onda similares surgen en la distribución de las auxinas.¹³ Así que la historia, como se entiende ahora, implica una interacción entre la bioquímica de una planta en crecimiento, las fuerzas mecánicas entre las células y la geometría de la planta. Las auxinas estimulan el crecimiento de los nuevos primordios. Los primordios ejercen fuerza unos sobre los otros y, en combinación con el crecimiento de la planta, estas fuerzas crean la geometría. La geometría quizá también afecte a la bioquímica de la planta, por ejemplo, provocando la producción de auxinas extra en lugares específicos. Así que hay un conjunto complejo de retroalimentación entre la bioquímica y la mecánica, la mecánica y la geometría, y la geometría y la bioquímica, y todos estos ingredientes son necesarios. Además, teorías matemáticas actuales han tenido en cuenta muchas características de la biología y la física de las plantas en crecimiento nunca soñadas en la época victoriana.

* * * *

Como resultado de toda esta actividad, sabemos ahora que el escepticismo de D'Arcy Thompson era infundado. El papel de la razón áurea en la filotaxis es genuino e informativo. Las

¹³ A.C. Newell, Zhiying Sun y P.D. Shipman, «Phyllotaxis and patterns on plants», preimpresión, Universidad de Arizona, 2009.

matemáticas asociadas proporcionan explicaciones convincentes, de hecho, varias complementarias entre ellas, de la aritmética de Fibonacci. También explica por qué algunas plantas no tienen los números de Fibonacci en sus pétalos, prediciendo los extraños casos de los números de Lucas, los cuales valen para la mayoría de las excepciones vistas en la naturaleza. De modo que los trabajos victorianos relacionados con el ángulo áureo, como una descripción de la filotaxis, motivaron teorías matemáticas más profundas que son aplicables más ampliamente. Lo que parecían ser excepciones hace un siglo, actualmente confirman estas teorías matemáticas más profundas que respaldan las de la época victoriana.

Sin embargo, muchas plantas no encajan ni siquiera en esta descripción más general de la filotaxis. Algunas incluso parecen producir hojas y otros órganos de modo bastante aleatorio. Por lo tanto la historia está todavía incompleta.

Unas palabras de advertencia no están de más. Thompson tenía razón para sus dudas y no han desaparecido por completo. La fascinación de la humanidad con la razón áurea a menudo ha llevado a exagerar la importancia de afirmaciones, normalmente en contextos que son matemáticamente imprecisos. Se han escrito libros enteros sobre la razón áurea en la naturaleza y en el arte, encontrándola en las espirales de los cuernos de una cabra y en las proporciones de las pirámides y el Partenón. Con frecuencia se afirma que la forma estéticamente más agradable del rectángulo es cuando sus lados están en la proporción áurea.

Parece haber muy pocas bases para esta afirmación, es una leyenda urbana matemática. Muchos de estos supuestos casos de aritmética áurea son probablemente falsos y accidentales. Algunos métodos del análisis estadístico pueden concentrar datos alrededor de la razón áurea, exagerando su importancia. Cualquier medida cercana a 1,6 puede atribuirse a la razón áurea, pero la relación es probable que sea una coincidencia, a menos que, como se sabe ahora para el caso de la filotaxis, el fenómeno al que nos referimos surja de un modelo más profundo en el cual la razón áurea se presente por sólidas razones estructurales.

También se afirma a menudo que la concha del nautilus, la cual forma una bella espiral, es un ejemplo de razón áurea en la naturaleza. Esto es un malentendido. La forma de la concha es asombrosamente similar a una espiral logarítmica, en la cual giros consecutivos de la espiral se van ampliando multiplicándose por una cantidad fija, llamada la tasa de crecimiento. Por otro lado, hay una espiral logarítmica elegante cuya tasa de crecimiento está relacionada con la razón áurea. Sin embargo, hay muchas espirales logarítmicas, con muchas tasas de crecimiento diferentes, y el nautilus tiene una tasa de crecimiento distinta de la de la espiral de la razón áurea. De modo que no hay una relación significativa entre la razón áurea y el nautilus.

Sería más cierto decir que la filotaxis es prácticamente el único contexto, además de los laboratorios de física, en el cual la razón áurea puede ser asociada con el mundo natural con seguridad. E incluso aquí, la conexión no es universal. Pero no deberíamos

esperar que las conexiones entre las matemáticas y la biología sean universalmente válidas, sin ser susceptibles de absolutamente ninguna excepción. Los sistemas biológicos son versátiles y adaptables. Los modelos matemáticos se aplicarán con cierto rango de validez, pero no es sensato esperar que se apliquen siempre.

Nuestra excursión a la época victoriana y a la biología matemática de principios del siglo XX, con el repaso adicional por sus secuelas modernas, está ahora completa. Hemos visto qué podría lograrse a partir de las bases de las dos primeras revoluciones biológicas. Ahora volveremos a las tres revoluciones restantes, las cuales prepararán el escenario para el tema dominante tras ellas: las matemáticas.

Capítulo 5

El origen de las especies

La revolución número tres tuvo un mal comienzo.

Era el año 1858; la fecha, 1 de julio. La Sociedad Linneana, entonces y ahora la sociedad más antigua del mundo para historia natural y taxonomía, cumplía setenta años de existencia. Era la última reunión del año académico y los miembros tenían sus mentes en las vacaciones de verano y las actividades al aire libre. El presidente, Thomas Bell, estaba haciendo su revisión anual de las actividades científicas más destacadas de la sociedad. Pero había sido un año malo en su opinión y no había nada que destacar. «El año que ha pasado —dijo Bell— no ha sido para nada señalado por ninguno de esos descubrimientos asombrosos que, por decirlo de algún modo, revolucionan al instante el departamento de la ciencia en el que suceden.»¹⁴

En ese momento, nadie puso objeciones a su discurso. Incluso los dos artículos científicos que se habían colado en el programa de la reunión en el último minuto no habían causado ningún impacto; cuando los miembros se fueron a casa, nadie parecía estar tremadamente impresionado por ellos. Como era costumbre en la época, estos artículos se leían en voz alta en nombre de los autores. Trataban de temas muy similares y sus títulos eran «On the tendency of species to form varieties» y «On the perpetuation of varieties and species by natural means of selection» (Sobre la

¹⁴ «Presidential Address», *Proceedings of the Linnaean Society*, 24 mayo (1859), viii.

tendencia de las especies a formar variedades y Sobre la perpetuación de las variedades y especies por medios de selección naturales). Sus autores eran, respectivamente, Charles Darwin y Alfred Russel Wallace.

Los dos artículos, que deliberadamente se presentaron a la vez para evitar cualquier discusión sobre su prioridad, daban a conocer la teoría de la evolución mediante la selección natural.

* * * *

Mucho antes de que Darwin naciese, los biólogos estuvieron tratando de comprender cómo las innumerables especies del planeta llegaron a ser lo que son. Casi todos consideraban que habían sido creadas de un modo divino, la creencia social por defecto de la época. Pero eso era responder a todas las preguntas con la misma fórmula simplista. ¿De dónde vienen los perros? Los creó Dios. ¿De dónde vienen los dragones? Los creó Dios. Bien, no, no lo hizo, pero no serías capaz de deducirlo de la respuesta.

En *Física*, el filósofo griego Aristóteles se oponía a explicaciones de la naturaleza que apelaban a un propósito, como «las lluvias con el objetivo de que el maíz crezca». Argumentó que si este era el caso, entonces también podría existir la lluvia a fin de estropear el maíz del granjero si este lo trillaba en el exterior. Continuando con esta línea de pensamiento, se preguntó por qué las características anatómicas de los animales estaban relacionadas unas con otras de un modo tan obvio. Su respuesta es sorprendentemente moderna, si algo no funciona bien en conjunto con el resto del cuerpo, habría

sido imposible para el animal funcionar, así que ni el animal ni esa combinación de características sobrevivirían.

A finales del siglo XVIII, algunos científicos estaban comenzando a pensar que, en grandes períodos de tiempo, los organismos podían cambiar. Entre ellos estaba el abuelo de Darwin, Erasmo. Profesionalmente era médico, pero tenía los variados intereses de un erudito, incluyendo historia natural, fisiología, abolición de la trata de esclavos y los inventos. Era un miembro fundador de la Sociedad Lunar, una sociedad científica que se reunía en Birmingham una vez al mes en las noches de luna llena, para hacer más fácil a sus miembros la vuelta a casa en la oscuridad. Su principal reclamo para la fama en biología es la *Zoonomia* de 1794-1796, en donde se preguntó si podría ser demasiado atrevido imaginar que:

En un gran período de tiempo desde que la Tierra empezó a existir, tal vez millones de años antes del comienzo de la historia de la humanidad... todos los animales de sangre caliente se han originado a partir de un filamento vivo, que la Causa Primera dotó de animalidad, con el poder de adquirir nuevas partes, que se ocupan de nuevas tendencias. Dirigido por lo que le molesta, lo que siente, lo que quiere y con quien se relaciona y, de este modo, posee la facultad de continuar mejorando su propia actividad inherente y pasando estas mejoras a través de generaciones para su posteridad.

Erasmo (permíteme llamarlo así para distinguirlo de su nieto) estaba convencido de que las especies se podían «transmutar», es

decir, cambiar de modo espontáneo y que el proceso empezó con un único organismo primitivo. Los biólogos llaman ahora a esta idea «antepasado universal común». Pero Erasmo no ofreció un mecanismo específico que pudiese producir tales cambios.

Darwin no menciona el trabajo de su abuelo en *El origen de las especies*, posiblemente porque consideró que *Zoonomia* era demasiado excéntrico, además probablemente no creyó que fuese relevante. Sabemos que lo había leído, porque escribió el título en la página inicial de su «Cuaderno B», el primer paso registrado hacia *El origen de las especies*. A diferencia de su abuelo, Darwin quería saber cómo las especies cambiaban. Parece que Erasmo creía que los animales podían adquirir nuevas capacidades y que estas automáticamente son heredadas por sus descendientes. Esta creencia en la «herencia de los caracteres adquiridos» iba a ser defendida pronto de un modo más explícito por un personaje más conocido, a quien la historia ha tratado algo injustamente.

Jean-Baptiste Lamarck, el undécimo hijo de una familia de clase alta cuya suerte iba a menos, se formó como jesuita, pero abandonó sus estudios para unirse al ejército francés, por aquel entonces en guerra con Prusia. Cuando la enfermedad lo forzó a abandonar el ejército, probó suerte con la medicina y la banca, antes de decidirse por la botánica y convertirse en conservador del herbario real del rey Luis XVI en 1788. Conservó su puesto, pero no la conexión real, durante el clímax de la Revolución Francesa, mientras que la cabeza de Luis fracasaba en conservar su conexión con su cuerpo. Lamarck

fue entonces conservador y profesor de zoología de los invertebrados en el Museo Nacional de Historia Natural de Francia.

Entre sus publicaciones más importantes está la *Filosofía zoológica* de 1809 y los siete volúmenes de *Historia natural de los invertebrados* publicado entre 1815 y 1822. En estos libros, y no solo en ellos, desarrolló y elaboró una idea nueva: los animales pueden cambiar de generación a generación como respuesta a su entorno. Para Lamarck, los topos no eran ciegos porque fueron creados así, sino porque vivían bajo tierra y por lo tanto no necesitaban el sentido de la vista. Sus antepasados alguna vez vieron, pero la capacidad para ver la perdieron porque no la necesitaban. Probó a encontrar un mecanismo creíble para tales cambios, entre los que destacan dos «fuerzas»: la tendencia de las criaturas vivas a volverse más complejas y su tendencia para adaptarse a lo que las rodea. Creía que los seres vivos subían por una escalera de progreso, impulsados por alguna fuerza inherente que creaba un orden cada vez mayor.

En la actualidad, el nombre de Lamarck se asocia frecuentemente con una visión desacreditada de la evolución, la «herencia de caracteres adquiridos»; si sucede que cierto organismo desarrolla una característica útil, tal como un cuello más largo o unos músculos más fuertes, entonces esta característica puede ser, y será, heredada por sus descendientes. De manera que un herrero cuyo oficio es la causa para que tenga los brazos muy fuertes, tendrá hijos con brazos fuertes, lo que era a menudo cierto porque los hijos se dedicaban al oficio de sus padres. Sin embargo,

Lamarck no creía que organismos que habían evolucionado cambiaseen de un modo decidido y no creía que todos los caracteres adquiridos se transmitirían a las generaciones futuras. Creía que todos los cambios en los organismos tenían un origen puramente físico.

Lamarck condensó su visión de la adaptación en dos leyes:

1. *Si los animales usan un órgano con más frecuencia, ese órgano se volverá más fuerte y más grande. Al contrario, cualquier órgano que no se usa, se hará más débil y finalmente desaparecerá.*
2. *Cualquiera que sea la mejora o la pérdida, si está relacionada con el entorno a largo plazo de los animales, se transmitirá a generaciones futuras*

La segunda ley es de donde viene la noción de que Lamarck creía en la herencia de caracteres adquiridos. Y lo creía, pero solo para cierto tipo de caracteres. Darwin señaló el énfasis de Lamarck en lo referente al uso y desuso, e interpretó esos aspectos del trabajo de Lamarck como una forma de selección natural. Alabó a Lamarck por llamar la atención sobre que «la probabilidad de todo cambio en el mundo orgánico es el resultado de una ley, no de una intervención milagrosa». A los ojos de Darwin, Lamarck se aproximó a un mecanismo científicamente aceptable para la evolución, pero se quedó corto.

* * * *

De joven, Darwin estaba interesado en la geología, muy impresionado por el concepto de tiempo profundo, la idea de que la Tierra es terriblemente vieja, cuya trascendencia fue enfatizada por Charles Lyell. Nada de esto impresionaba demasiado a su padre, que quería que Darwin fuese médico y ocupase el lugar que le correspondía en la sociedad victoriana. Pero el período de Darwin como estudiante de medicina en la Universidad de Edimburgo no salió bien, de modo que su padre decidió que su hijo debería mejor sentar la cabeza y convertirse en párroco rural. Eso le dejaría mucho tiempo libre para continuar con sus fantasías geológicas. Así que en 1828, Darwin inició sus estudios de teología en la Universidad de Cambridge.

Desafortunadamente para los cuidadosos planes de su padre, no había pasado mucho tiempo y a Darwin le picó un insecto. Irónicamente, sucedió por culpa de un párroco rural, William Kirby, quien colaboró con William Spence, un hombre de negocios, en un tratado de cuatro volúmenes, *An Introduction to Entomology* (*Introducción a la entomología*). El libro desató una locura nacional por las colecciones de escarabajos y Darwin tomó parte en ella con la pasión y el deseo de encontrar una nueva especie. Fracasó, pero encontró un escarabajo alemán poco común. Además surgió una segunda pasión, una mujer joven llamada Fanny Owen, que lo abandonó tan pronto como descubrió que él estaba más interesado en los escarabajos.

Tampoco mostró mucho interés a la hora de preparar sus exámenes y se encontró haciendo frente al trabajo atrasado de dos años en tan

solo dos meses. Uno de los libros importantes que tenía que estudiar era *Evidencias del cristianismo* del reverendo William Paley. A Darwin le cautivó su lógica y sus ideas políticas de izquierdas. Aprobó por los pelos y pasó a su último año donde tenía que leer otro libro de Paley, *Principios de filosofía moral y política*, que no leían por su ortodoxia, sino porque los estudiantes tenían que aprender cómo argumentar contra las afirmaciones del libro, tales como la irrelevancia de una Iglesia de la Cristiandad oficial.

Darwin decidió leer sobre el tema y se topó con *Teología natural* de Paley, que defendía la creación divina de los seres vivos. Le impresionó la claridad del libro, pero era también consciente de que muchos científicos y filósofos importantes lo encontraban simplista, lo que le hizo investigar el proceso que seguían las leyes científicas, leyendo *Discurso preliminar sobre el estudio de la filosofía natural* de sir John Herschel. Para una lectura clara ojeó las 3.754 páginas de *Viaje a las regiones equinocciales del Nuevo Continente* de Alexander von Humboldt. De Herschel aprendió cómo hacer ciencia; de Humboldt aprendió dónde hacerla. En seguida se prometió que visitaría las volcánicas Islas Canarias para ver el famoso Drago, un árbol.

Su plan se vino abajo cuando su amigo Marmaduke Ramsay, que iba a ir con él, murió de manera inesperada. Mientras Darwin estaba tratando de averiguar cuál sería su siguiente paso, le ofrecieron un puesto de caballero de compañía del oficial de marina Robert FitzRoy. A FitzRoy se le había encargado llevar a cabo un estudio cronométrico de la costa de América del Sur, esto es, una

medición usando un cronómetro marino, que en esencia es un reloj muy preciso, para determinar la longitud. El barco era el *Beagle* y FitzRoy estaba preocupado porque el capitán anterior se había disparado a sí mismo. Peor aún, uno de los tíos de FitzRoy se había cortado su propio pescuezo cuando estaba deprimido. De modo que FitzRoy estaba decidido a evitar el suicidio llevando a bordo a alguien capaz de mantener una discusión intelectual.

Esto encajaba perfectamente con Darwin, pero su padre se negó a darle permiso hasta que recibió una carta de Josiah, un tío de Darwin, diciendo que el viaje sería su realización como un hombre joven. Así que Darwin se embarcó en lo que finalmente se convertiría en un viaje de cinco años alrededor del mundo. La primera parada en tierra fue en la isla de Santiago, un escarpado afloramiento volcánico en las Islas de Cabo Verde, con volcanes impresionantes, donde Darwin pudo continuar con sus intereses geológicos, y valles fértiles, donde pudo dedicarse a la historia natural. Encontró platelmintos en Brasil, fósiles en Argentina e indígenas desnudos en Tierra de Fuego. Las similitudes entre las conchas de las playas y los fósiles hallados en las altas cordilleras chilenas le convencieron de que los Andes tuvieron que ser empujados hacia arriba desde el nivel del mar por grandes fuerzas geológicas. Pero el clímax del viaje, científicamente hablando, llegó cuando el *Beagle* recaló en las volcánicas Islas Galápagos, las cuales básicamente eran un nido de volcanes.

La estancia de Darwin allí fue breve, pero le permitió recolectar muestras de lo que, rápidamente se dio cuenta, era una tierra que

se había formado hacia poco. Muchas de sus criaturas nativas eran rarísimas: una especie de pingüinos viviendo en el Ecuador, las únicas iguanas marinas conocidas, que se alimentaban de algas bajo las olas turbulentas del océano, la única especie conocida de cormorán que no podía volar y tortugas gigantescas de hasta dos metros de circunferencia. Estaba asombrado por los alcatraces patiazules, los cuales se lanzaban al mar desde grandes alturas, como flechas a la búsqueda de pescado, y le intrigaban los sinsontes, los cuales eran ligeramente diferentes de los de la isla de al lado. Observando con más cuidado, descubrió que había al menos tres especies distintas: una en la isla Santa María, otra en la isla de San Cristóbal y una tercera en la isla Santiago.

También había recogido unos pocos pinzones y curruca, pero los encontró bastante aburridos.

El viaje continuó por Tahití, Nueva Zelanda y Australia. Cinco años y tres días después de que el *Beagle* hubiese partido de Plymouth, un Darwin cansado de viajar llegó a casa. Cuando cruzó la puerta, se encontró con su padre desayunando, que lo saludó sin entusiasmo diciendo: «Si hasta le cambió la forma de la cabeza».

* * * *

Solo después de su vuelta del viaje en el *Beagle*, Darwin empezó a pensar seriamente acerca de lo que había visto.

Cerca del final del viaje, en Australia, había hecho uno de los mayores descubrimientos: el origen de los arrecifes de coral. Lyell había sugerido que los arrecifes se debían crear en la cima de volcanes sumergidos, pero Darwin planteó una idea diferente: los

arrecifes de coral tienen su origen en regiones donde el mar es poco profundo, pero el suelo marino desciende lentamente. Los corales crecen más rápido de lo que el fondo del mar puede descender, de modo que la punta con vida del arrecife se queda cerca de la superficie. En base a esto y a sus observaciones en los Andes, le hicieron miembro de la Real Sociedad Geológica. Su reputación como científico surgió no por la teoría de la evolución, sino por la geología.

Sin embargo, el entrenamiento de Darwin como geólogo lo hizo consciente de algunos aspectos desconcertantes en lo que había observado. Lyell, quien fue un creyente firme de la creación divina, explicó la diversidad de las criaturas vivas y su adaptación al entorno en términos de condiciones geológicas locales. Darwin era escéptico. Los pinzones de las Galápagos, los cuales había descartado por carecer de interés, habían vuelto para obsesionarle. Los había malinterpretado. De hecho, los había malinterpretado tanto que ni siquiera se había dado cuenta de que todos eran pinzones, creía que algunos eran chochines y otros mirlos. De vuelta en Inglaterra, dio, inmediatamente, todos los especímenes relevantes a John Gould, un experto en pinzones de la Sociedad Zoológica. Gould tardó solo diez días en convencerse a sí mismo de que todos eran pinzones, muy estrechamente relacionados, pero que constituyan unas asombrosas doce especies distintas (en la actualidad se consideran trece). ¿Por qué tantas especies en un grupo pequeño de islas minúsculas?

Inicialmente Darwin no se había interesado por la pregunta, pero llegó un momento en que empezó a tomársela en serio y le atormentaba. Por una vez, sus habilidades como observador lo habían abandonado, quizá por la falta de tiempo, y había asumido que los pinzones formaban una bandada enorme en la que todos se alimentaban de lo mismo. Pero cuando examinó sus picos con más cuidado, se dio cuenta de que estaba equivocado. Había diferentes tipos de picos que se ajustaban a diferentes alimentos.

La familia de Darwin era unitaria,¹⁵ lo cual predisponía a Darwin a la creencia de que Dios tenía sentido solo a grandes escalas de espacio y tiempo. Apoyando este punto de vista, escribió:¹⁶

Es despectivo que el Creador de innumerables sistemas de mundos haya creado cada uno de los miles de parásitos desagradables y gusanos viscosos que pululan cada día de vida en la tierra y el agua de este planeta. Sin embargo, por mucho que nos lamentemos, hemos dejado de sorprendernos de que un grupo de animales haya sido creado directamente para poner sus huevos en los intestinos y la carne de los demás, que algunos organismos disfrutan de la残酷... Podemos ver que el bien supremo, que nosotros podemos concebir, la creación de los animales superiores ha venido directamente de la muerte, el hambre, la rapiña y la guerra de la naturaleza oculta.

¹⁵ Perteneciente al unitarismo, una corriente teológica. (*N. de la t.*)

¹⁶ F. Darwin (ed.) *The Foundations of The Origin of Species. Two essays written in 1842 and 1844*, Cambridge University Press, Cambridge (1909).

La corriente principal de la teología en la época victoriana ya no estaba a favor de los argumentos de Paley por razones similares. Si Dios intervenía continuamente en su creación, parecía sugerir que la había echado a perder. ¿Por qué si no habría que hacerle unos pequeños ajustes? La visión teísta había sido reemplazada por una deísta; sí, el Creador formó el universo acorde a unas leyes, pero luego se había retirado y lo había dejado fluir, labrar su propio destino acorde a esas leyes y una consecuencia de esas leyes parecía ser que las especies podían cambiar. Darwin había ido haciendo anotaciones, era su Cuaderno Rojo. En ese momento empezó uno nuevo y secreto, el Cuaderno B, sobre las transmutaciones de las especies. Lentamente recopiló una larga lista de enigmas que cobraban mucho más sentido si las especies podían cambiar. Pero incluso si cambiaban, él todavía no sabía cómo. De vuelta en Inglaterra, Darwin escribió una serie de libros, dos de ellos sobre el viaje en el *Beagle*, uno sobre los arrecifes de coral, otro sobre la geología de Sudamérica y una voluminosa serie de cuatro enormes tomos sobre los percebes. Le habían recomendado convertirse en un experto de algún rango limitado de organismos para consolidar su reputación como naturalista y se decidió por los percebes. Los percebes añadían más peso a las razones en contra de una creación especial, había cientos de especies diferentes, la mayoría de ellas muy similares unas a otras, todas pequeñas variaciones del mismo tema esencial. El excesivo interés de Dios por los escarabajos ahora parecía que se extendía a un interés igualmente excesivo por los percebes. La creación de

cada especie, una a una, parecía absurda. Era mucho más efectivo crear solo una y permitirle que cambiase.

* * * *

A medida que las ideas de Darwin sobre la transmutación de las especies empezaban a hacerse más claras, se dio cuenta de que un mecanismo simple quizás explicase cómo sucedía. La idea estaba en marcha cuando leyó el *Ensayo sobre el Principio de la Población* de 1826 escrito por Thomas Malthus. Los argumentos de Malthus se basaban en matemáticas simples. Aseguraba que poblaciones de organismos vivos, si su crecimiento no es frenado por escasez de alimento o depredación, crecen «geométricamente»; el tamaño de la población en instantes consecutivos de tiempo se multiplica por la misma cantidad fija. Por ejemplo, si todo par de pinzones da como resultado cuatro adultos que sobreviven, entonces la población de pinzones se va doblando repetidamente. Los números crecen muy rápido, el término que se usa es «exponencialmente».

2, 4, 8, 16, 32, 64, 128, 256, 512, 1.024, 2.048, 4.096, 8.192

Y así sucesivamente. Pero Malthus calculó que los recursos disponibles, tales como el suministro de comida, crecían más lentamente, «aritméticamente», incrementando la misma cantidad fija después de cada instante de tiempo. Por ejemplo:

2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32

Y así sucesivamente, donde cada número es dos unidades mayor que el anterior. El término que se usa es «linealmente».

El crecimiento lineal, incluso si el número que se suma en cada paso es muy grande, será siempre superado a la larga por el crecimiento exponencial, incluso si el factor por el que se multiplica es solo ligeramente mayor que 1. De este modo, Malthus dedujo que un crecimiento incontrolado siempre irá por delante de los recursos y concluyó que el crecimiento siempre tiene límites. El razonamiento así presentado es simplista, con su dependencia en secuencias numéricas ordenadas, pero su conclusión era sólida. Cualquier sucesión con un crecimiento remotamente parecido a uno exponencial superará, con el tiempo, a cualquiera que sea más o menos lineal, incluyendo crecimientos como algunos de potencia fija, cuadrados, cubos y así sucesivamente.

Malthus estaba interesado principalmente en las poblaciones humanas, pero Darwin se percató de que el mismo razonamiento se podía aplicar a las poblaciones de animales. Dichas poblaciones eran más o menos constantes. El número de mirlos en una parte dada del país podría fluctuar de año en año, pero no se disparaba. De media, eran muy parecidas. Sin embargo, cada par de mirlos tenía docenas de crías. ¿Qué mantenía el tamaño de la población estable? Claramente, como Malthus dijo, competir por los recursos: comida, un sitio donde vivir, parejas y, por supuesto, los efectos de los predadores, otro tipo de competición. El resultado inevitable será la «selección natural». Las únicas criaturas que podrían pasar sus

caracteres a la siguiente generación serían aquellas que se reprodujesen, y para reproducirse tenían que llegar a ser adultos. Del mismo modo que un ganadero deliberadamente escogería el caballo más rápido o el perro más delgado para que se reprodujesen, la naturaleza «escogería» (escoge) de modo inconsciente cualquier organismo adulto que gane la competición de sobrevivir y se reproduzca. Y esto no era una lotería, no era un proceso totalmente aleatorio. Los animales saludables tenderían a vencer a los enfermos. Quizá no siempre sea obvio para el científico humano qué estrategia es la mejor (un animal pequeño puede esconderse donde uno grande no puede, por ejemplo), pero la naturaleza llevará a cabo el experimento automáticamente y encontrará qué es lo que funciona.

Aquí estaba el mecanismo perdido. Era de sobra conocido que organismos diferentes de una especie dada no son siempre idénticos. Este proceso de selección natural favorecería ciertas diferencias, pero eliminaría otras. Los resultados serían cambios graduales. ¿Cómo de lejos nos llevarían dichos cambios? El número suficiente de cambios pequeños, apilados uno encima del otro, pueden hacer uno grande. Uno muy grande. Lo suficientemente grande, creía Darwin, para generar por completo nuevas especies, dándole el tiempo suficiente.

¿Hubo tiempo suficiente? La formación en geología de Darwin le dejaba pocas dudas.

* * * *

¿Cuántos años tiene la Tierra? Esto puede parecer una pregunta tonta en un libro de biología, pero incluso el partidario de la evolución más tenaz acepta que el proceso debe llevar mucho tiempo. Diez mil años serían lamentablemente insuficientes para que los humanos evolucionasen desde un antepasado con el aspecto de un simio, sin contar que el antepasado evolucionó desde un pez y el pez evolucionó partiendo de unos microbios.

Convence a la gente de que la Tierra tiene tan solo diez mil años y la batalla contra lo que algunos habitantes del Cinturón Bíblico de Estados Unidos llaman «evilution»¹⁷ está ganada. La evolución *debe* ser un sinsentido. De modo que los creacionistas ahora rutinariamente discuten la cifra establecida científicamente para la edad de la Tierra, la cual es alrededor de 4,6 millones de años.

Hasta hace más o menos ciento cincuenta años, la Biblia era una de las principales fuentes de información sobre el pasado, de modo que tenía sentido intentar deducir la fecha de la creación de su contenido. James Ussher, arzobispo de Armagh, era un hombre inteligente y capaz con un don para las lenguas. En 1650, publicó el primero de dos estudios dedicados a la cronología bíblica, *Anales del Antiguo Testamento*. Una secuela apareció en 1654. En estas obras, usó su erudición bíblica para calcular la fecha de la creación y la respuesta que obtuvo fue próxima al anochecer del día antes del 23 de octubre del 4004 a.C.¹⁸

¹⁷ Palabra formada por «evil» (mal) y «evolution» (evolución). (*N. de la t.*)

¹⁸ A primera vista es difícil para la mente actual entender cómo nadie podría llegar a una fecha tan específica. El Libro del Génesis, por ejemplo, no nos dice cuánto tiempo vivieron Adán y Eva en el Jardín del Edén antes de ser expulsados. Pero las deducciones de Usher a partir de registros genealógicos en el Antiguo Testamento lo convencieron de que la fecha de la creación

No estaba solo en sus tentativas. Una década antes, John Lightfoot, usando métodos parecidos, dedujo que la creación había ocurrido cerca del equinoccio de otoño en el 3929 a.C. Isaac Newton, venerado hoy en día como uno de los principales artífices de la Era de la Razón, obtuvo la fecha 4000 a.C. Johannes Kepler, famoso por su descubrimiento de las leyes del movimiento de los planetas, propuso 3992 a.C. Había un consenso fuerte de que la Tierra tenía sobre seis mil años, de modo que después de 1700, la Biblia del Rey Jaime incluyó la cronología de Ussher entre sus anotaciones. Por lo tanto, es de esperar que durante varios siglos, los cristianos bien informados supiesen que la Biblia fijaba la edad de la Tierra en seis mil años. A medida que los siglos pasaban, una serie de avances científicos proporcionaron alternativas viables a la erudición bíblica e hicieron posible datar las rocas de la Tierra de manera objetiva y en períodos de tiempo que iban en incremento, con una precisión cada vez mayor. Estas fechas contradecían rotundamente la cronología de Ussher.

Llevó un tiempo que la magnitud de tiempo profundo se asumiese. Inicialmente, diez millones de años sonaba atrevido, pero pronto las estimaciones del orden de un ciento de millones de años se convirtieron en corrientes. Había entonces un consenso muy fuerte entre prácticamente todos los científicos de que la Tierra tenía cerca de 4,6 miles de millones de años, tres cuartos de un millón de veces

fue precisamente cuatro mil años antes del nacimiento de Cristo. Si Ussher podía dar con la fecha de la Natividad exactamente, automáticamente daría con la fecha de la creación. En esa época, el consenso entre los teólogos era que Jesús había nacido en el año 4 a.C., por lo tanto la creación fue en el 4004 a.C. Ussher podía datar otros sucesos bíblicos también; así la historia del Arca de Noé había sucedido en 2348 a.C.

más vieja de lo que proponían las cronologías teológicas. Eso hacía la evolución mucho más plausible.

Prueba que la Tierra es joven y la evolución está condenada al fracaso. Una consecuencia es el Creacionismo de la Tierra Joven, el cual afirma, contrario al verdaderamente gigante cuerpo de evidencia científica, que la edad de la Tierra está en un punto entre 5.700 y 10.000 años. Encuestas indican que sobre el 45% de los americanos adultos en la actualidad aceptan esta cifra. También hay muestras de que la mayoría de estas personas tiene una renta baja y una educación pobre.¹⁹ Teniendo en cuenta que en Estados Unidos admitir ser agnóstico es casi un suicidio social, por no hablar del ateísmo, estas cifras no deberían ser sorprendentes ni especialmente desalentadoras para quienes aceptamos la ciencia.

* * * *

Armado con el tiempo profundo y la selección natural, Darwin tenía ahora la respuesta a las incógnitas de su Cuaderno B. Pero como cristiano puro (si bien es cierto que unitario, una secta con frecuencia caracterizada como creyentes en «a lo sumo un Dios»), era consciente, aunque le hacía sentirse incómodo, que lo que se traía entre manos era dinamita teológica. Su esposa, Emma, era

¹⁹ Una encuesta de Gallup en 2004 indica que sobre el 45% de los americanos aceptan ambos hechos, que la Tierra tiene diez mil años y el origen divino del planeta, el 38% atribuyen a Dios el origen de la Tierra pero prefieren una escala de tiempo de millones de años y el 13% cree que llevó millones de años y Dios no desempeñó un papel en el proceso. En una encuesta de 1997 de Gallup a los americanos con carreras de ciencias, solo el 5% creía que la Tierra tenía menos de diez mil años. Otro 40% aceptaba la creación divina, pero la situaba hace millones de años. El 55% restante creía que la Tierra era extremadamente antigua y que Dios no tenía un papel en la evolución de los humanos. Entre los que ganan menos de 20.000 dólares por año, las cifras correspondientes eran 59%, 28% y 6,5%, entre los que ganan más de 50.000 dólares al año, eran 29%, 50% y 17%.

muy religiosa; él sabía que ella encontraría sus nuevas teorías ofensivas y no tenía ningún deseo de disgustarla. Tampoco tenía ningún deseo de ser visto como alguien que ataca a la Iglesia. Así que hizo lo que la mayoría de nosotros haría en tales circunstancias: titubeó.

Acumulaba evidencias más y más amplias de la selección natural. Se dejaba llevar por sus debilidades también, la mayor fortaleza de Darwin era su honestidad intelectual. Discutió sus ideas con unos pocos colegas en los que confiaba, entre ellos Lyell y Joseph Hooker. En su cabeza, Darwin concebía una obra enorme de varios volúmenes, tan perfecta y tan bien argumentada que nadie sensato podría estar en desacuerdo con ella. Habría jugueteado, pulido, corregido y titubeado para siempre, si no fuera por los eventos que estaban teniendo lugar en el otro extremo del mundo y de los cuales no sabía todavía nada.

Los agentes de estos eventos eran un tifón tropical y un explorador victoriano llamado Alfred Russel Wallace. Darwin provenía de una familia adinerada, Wallace no y se ganaba la vida viajando a partes lejanas y exóticas, recolectando mariposas, escarabajos y otras criaturas exóticas y, luego, vendiéndolas. Estos artículos eran populares entre la clase media y alta en la época victoriana y había comerciantes especializados en ellos. Wallace fue al Amazonas en 1848 y en 1854 estuvo en Borneo cazando orangutanes. Empezaba a pensar que quizá representasen a nuestros antepasados humanos.

Encerrado cuando el tifón estaba provocando lluvias por todo Borneo, Wallace empezó a jugar con unas pocas ideas que, de repente, se le habían ocurrido sobre lo que llamó «la introducción de especies». Las escribió como un artículo científico y lo envió a *Annals and Magazine of Natural History*. Era una publicación con bastante poco prestigio, pero Lyell se dio cuenta de la publicación del artículo de Wallace y se lo dijo a Darwin, ya que parecía haber algunas similitudes con las ideas que Darwin había explicado a sus amigos. Otro amigo, Edward Blyth, también lo atrajo a la atención de Darwin, escribiendo para decirle que pensaba que el artículo era «¡Bueno en su totalidad!». Un Darwin preocupado consiguió una copia y escribió por detrás poniendo de relieve que «nada realmente nuevo... parece que todo es creación con él».

Así que Darwin se relajó. Era generoso y animó a Wallace a continuar con su trabajo, sin darse cuenta de adónde podría llevárselo. Wallace siguió el consejo dado con buena intención y pronto propuso una idea mejor, en esencia idéntica al concepto de Darwin de selección natural. En junio de 1858, envió a Darwin una carta de veinte páginas esbozando el razonamiento, del cual se hacía obvio de modo inmediato que Wallace proponía una teoría muy similar, tan similar que Darwin declaró que había «machacado» el trabajo de su vida, añadiendo «Si Wallace tuviese mis apuntes de 1842, no podría haber hecho ¡un resumen mejor!». Tratando de rescatar algo de los escombros, Lyell sugirió que los dos hombres deberían publicar sus descubrimientos a la vez, y Wallace estuvo de acuerdo. No deseaba quitarle la primicia a Darwin, él no se había

dado cuenta de que ese gran hombre había estado trabajando en algo remotamente relacionado. Como ahora sabía que Darwin tenía evidencias mucho mejores y mucho más material, Wallace no quería robarle protagonismo.

Incitado por la preocupación de que se le adelantase, Darwin rápidamente preparó una pequeña versión de su propio trabajo. Hooker y Lyell recibieron los dos artículos puestos en el programa de la Sociedad Linneana. La sociedad estaba a punto de cerrar para las vacaciones de verano, pero su consejo encontró un hueco para una reunión extraordinaria en el último minuto. Los dos artículos fueron debidamente leídos a una audiencia de unos treinta miembros... y ya hemos visto cómo los recibieron.

Darwin perfeccionó su ensayo y cambió su título al de «El origen de las especies y la diversidad por medio de la selección natural». Siguiendo el consejo de su editor, John Murray, recortó «y la diversidad». La primera edición de 1.250 copias salió a la venta en noviembre de 1859 y se agotó inmediatamente.

La teoría de Wallace-Darwin de la selección natural es aparentemente simple, como se hará patente. Los principales puntos son:

1. Los seres vivos difieren unos de otros, incluso dentro de una especie dada.
2. Muchas de estas diferencias pueden pasarse a sus crías.
3. El entorno no puede preservar a todas las crías que nacen, de modo que existe una competición por la supervivencia.

4. Los supervivientes tienden a ser «mejores» para sobrevivir que las generaciones anteriores.

La deducción es que las especies pueden cambiar gradualmente y, si se les da el tiempo suficiente, pequeños cambios pueden convertirse en grandes.

Así, dijo Darwin, es como surgen nuevas especies de las ya existentes.

* * * *

La selección natural es aparentemente simple, la mayoría de los intentos de explicar las ideas en términos no técnicos, incluyendo mi propio intento aquí, se ven forzados a simplificar un proceso muy complejo. Con frecuencia se simplifican en exceso. Un ejemplo clásico es la caracterización de la selección natural de Herbert Spencer como «supervivencia del más apto». Otra es «la naturaleza de rojos dientes y garras», de un poema de Tennyson, «In Memoriam A.H.H.»²⁰, que en realidad se refiere a la humanidad, pero rápidamente se aprovechó por ambos, defensores y opositores de la evolución. Un tercero es la idea, a menudo afirmada por biólogos como un hecho categórico, de que la evolución es aleatoria.

Spencer acuñó su frase memorable en 1864, en su *Principios de Biología*. Biológicamente, «apto» hace referencia a lo bien equipado

²⁰ El poema fue escrito en 1849, veinte años antes de que *El origen de las especies* apareciera. Pero estaba influenciado por el libro de 1844, *Vestigios de la Historia Natural de la Creación*, publicado de modo anónimo por Robert Chambers. Este libro describe las transmutaciones de las especies, la evolución de las estrellas y otras teorías científicas especulativas y ablandó a la opinión pública de cara a las ideas que vendrían más tarde sobre la evolución. Tuvo el favor de los radicales, pero una vez sus implicaciones se entendieron, fue denunciado por las clases dirigentes por su presunto materialismo.

que está un organismo para «adaptarse» a su entorno, pero mucha gente asume que tiene que ver con lo saludable y la buena forma física. Además, la visión de Spencer era cercana a la de Lamarck, de modo que el libro enredaba más asuntos que no estaban claros. Con frecuencia, los críticos citan la frase «supervivencia del más apto» como prueba de que la evolución es una tautología; la supervivencia se usa para demostrar la idoneidad, y luego la idoneidad se propone como la razón para la supervivencia.

Hay dos errores en esto. Primero, una tautología es una afirmación lógica que es incondicionalmente cierta; la objeción correcta debería ser el razonamiento circular. Por ejemplo, es erróneo alegar que la existencia de la vida implica que debe haber alguna «esencia viva» sobrenatural y luego usar esa esencia para explicar la vida. El error más serio es la suposición de que la simplificada frase de Spencer describe exactamente el concepto técnico de selección natural. Esto sugiere, de modo engañoso, que los biólogos creen que las criaturas tienen una idoneidad innata y que las criaturas más idóneas ganan. Pero los biólogos evolucionistas no usan la supervivencia como una demostración de la idoneidad y luego la idoneidad para justificar la supervivencia. Lo que importa es la selección; debido a que las criaturas compiten por recursos limitados, algunas sobreviven y otras no. El proceso es un tipo de filtro y lo que importa es que algunos organismos pasan a través de él con éxito, mientras que otros no. Y los filtros no solo permiten a las cosas pasar a través de ellos o bloquearlas al azar; hay un grado de sesgo sistemático. Si no entendemos con mucho detalle cómo funciona el filtro, quizá no

seamos capaces de predecir qué pasará a través de él y qué no, pero todavía podemos predecir que la distinción será sistemática.²¹ Los organismos no comparan sus aptitudes para determinar un ganador, tan solo compiten y descubren quién gana.

La palabra «competir» también pasa el examen. Piensa en un bosque habitado por zorros, conejos y búhos. ¿Qué competiciones son más importantes para la evolución? «La naturaleza de rojos dientes y garras» nos lleva a apuntar a zorros de dientes rojos o a búhos depredadores dando caza a inocentes conejos; la competición obvia es entre el depredador y la presa. Pero ¿qué organismos constituyen la competición más seria para los conejos?

Otros conejos.

Los conejos compiten unos con otros por los mismos recursos y en la lucha por sobrevivir a los mismos peligros. Están compitiendo por la misma comida e intentando escapar de los mismos zorros y

²¹ Pensemos en el fútbol. Ignorando los empates, un equipo debe ganar y otro debe perder en cada partido. Pero ganar no es puramente aleatorio. Los equipos que tienen mayor destreza con el balón tienden a ganar más partidos. Si definimos «destreza» de un modo tautológico, en términos por los cuales un equipo gana, la afirmación anterior todavía será cierta. Sin embargo, eso es el principio de la interpretación, no el final. Examinándolo más de cerca, podemos descubrir qué capacidades con el balón, o estrategias, o fortalezas, o pasión, o «creencia» hace que unos equipos tengan más probabilidad de ganar que otros. Si erradicásemos a los equipos que pierden y clonásemos a los que ganan, manteniendo sus destrezas, el estándar de juego mejoraría en general.

Louis Amaral usaba métodos de red para analizar las destrezas de los equipos en el Campeonato de fútbol europeo de la UEFA de 2008, asignando puntos por la precisión en el pase, tiros a puerta y así sucesivamente. Estos datos, obtenidos del material grabado de los partidos, se usaban para asignar un nivel de destreza a cada equipo. Esta clasificación se ajustaba bastante a los resultados reales en el torneo. Véase J. Duch, J.S. Waitzman y L.A.N. Amaral, «Quantifying the performance of individual players in a team activity», *PLoS ONE* 2010 5 (6): e10937, doi:10.1371/journal.pone.0010937.

búhos.²² Los conejos que ganan esta competición en curso son los que sobreviven para tener crías y las capacidades que se lo permiten hacer, si son del tipo que pueden heredarse, quizá pasen a sus descendientes y de modo similar mejoren sus posibilidades de supervivencia. Lo mismo para los zorros, cuya competencia principal son otros zorros, y para los búhos, cuyos principales rivales son otros búhos.

La competición entre zorros y conejos también ocurre y también tiene un efecto sobre la evolución, pero en una escala de tiempo más lenta. Lo que lleva a una «carrera armamentística» en la cual, por ejemplo, los conejos adquieren la capacidad de correr más rápido, pero los zorros evolucionan del mismo modo y el ciclo entero da vueltas y más vueltas, haciendo que las dos criaturas se esfuerzen cada vez más.

Además, está ocurriendo una tercera competición; entre zorros y búhos. Los zorros normalmente no comen búhos y los búhos no comen zorros, bueno, quizá a las crías. Ambos comen conejos y si la cantidad de conejos disminuye considerablemente, los búhos y los zorros no podrán evitar ir el uno contra el otro. Esta competición es indirecta, los participantes puede que ni siquiera sean conscientes de que la competición existe. Todo lo que saben es que no hay suficientes conejos y están empezando a tener hambre.

²² Dos pequeños dinosaurios herbívoros estaban felizmente comiendo plantas cuando sintieron a un velociraptor (solía ser un tiranosaurio, pero estamos en la era post-*Parque Jurásico*). Uno de ellos empieza a correr inmediatamente. «No hay razón para correr —dice el otro—, no puedes correr más que un velociraptor.» El primero mira hacia atrás sobre su hombro y le grita «No, pero puedo correr más rápido que ¡tú!»

La selección natural no es simplemente un asunto que enfrenta a un organismo contra otro. Sucede en el contexto del entorno que les rodea, un ecosistema local completo. La población de conejos depende de las plantas que ellos comen, la disponibilidad de tierra adecuada para hacer una madriguera, la cantidad de pequeños escondites. Estas cosas dependen de otras, características ecológicas menos obvias, tales como los insectos que fertilizan las plantas y los hongos y bacterias que acondicionan la tierra. De modo que lo que implica es realmente un ecosistema completo. Sí, la evolución está determinada por lo que le sucede a cada organismo individual, pero el ecosistema determina el contexto en el cual compiten. Los modelos matemáticos que se discuten en el capítulo 14 remarcan este punto.

¿Es la evolución aleatoria? Claramente no está predeterminada, no puedes prever qué conejo llegará al final del día, más de lo que puedes predecir acerca de si Francia machacará a México en la Copa del Mundo. Pero hay tendencias claras, algunos eventos son más probables que otros, etcétera. Bajando a un nivel molecular, los cambios genéticos quizá pueden calificarse como aleatorios. Mutaciones, cambios genéticos, pueden ser causados por sustancias químicas y radiación cósmica que son, efectivamente, aleatorias.²³ Pero esto no implica que la evolución por sí misma tenga las mismas probabilidades de cambiar en una dirección como en otra y la razón, una vez más, es la selección natural.

²³ En realidad, esto es una simplificación. Por ejemplo, algunas regiones del genoma son más propensas al cambio que otras.

Dependiendo del contexto apropiado, la selección introduce un grado de preferencia. Algunas mutaciones mejoran las oportunidades de supervivencia de las criaturas, algunas las disminuyen y otras son neutrales.

Permíteme sugerir una analogía. El movimiento de moléculas individuales del agua es aleatorio, pero eso no significa que el agua tenga las mismas probabilidades de ir cuesta abajo o cuesta arriba. El efecto parcial de la gravedad conlleva una preferencia fuerte por ir cuesta abajo. Pero lo que el agua hace, a grandes rasgos, no está simplemente determinado por el movimiento hacia abajo. Dónde acabe depende del paisaje por el cual fluye. La selección natural es bastante parecida a la fuerza de la gravedad, aunque no selecciona de un modo tan fuerte y no es tan fácil de calificar independientemente de sus efectos. Las mutaciones son como la excursión aleatoria de las moléculas de agua y el entorno es como el paisaje.

* * * *

En 1973, Theodosius Dobzhansky, un destacado biólogo evolucionista, escribió un ensayo bajo el título de «Nada en biología tiene sentido si no es a la luz de la evolución».²⁴ Todo lo que ha sido descubierto en biología desde entonces, que es muchísimo, ha reforzado esta afirmación. La palabra «teoría» tiene dos significados muy diferentes y hay un consenso científico aplastante sobre que en «teoría de la evolución» esta palabra ha hecho la transición del

²⁴ Theodosius Dobzhansky, «Nothing in biology makes sense except in the light of evolution», *American Biology Teacher* 35 (1973), 125-129.

sentido de «hipótesis provisional» hacia el sentido de «explicación coherente confirmada por un cuerpo de evidencias importantes que provienen de diversas fuentes que han sobrevivido a innumerables intentos de rebatirlas». Como Richard Dawkins ha observado, el término del día a día para «teoría» con este sentido es «hecho» y es, fundamentalmente, un deseo de evitar parecer dogmáticos lo que impide a los científicos usar el mismo término.

No sería necesario hacer esta observación si no fuera por la ruidosa oposición a la evolución de unos pocos grupos religiosos fundamentalistas. Si el mundo fue realmente creado por Dios hace diez mil años, entonces la Deidad hizo todo lo posible para fabricar una masiva red de características naturales entrelazadas, específicamente diseñadas para inducir a cualquier observador inteligente a la creencia errónea de que la vida en la Tierra se ha diversificado durante miles de millones de años, partiendo de unos comienzos simples. Esta visión de Dios como un embustero parece poco apropiada desde un punto de vista teológico y esta es la conclusión a la que el clero de la época victoriana llegó una vez asimilaron los descubrimientos científicos de su época. Y también lo hizo Dobzhansky, como cristiano ortodoxo ruso.

Las evidencias para la evolución llegan de fuentes diferentes. La variedad de estas fuentes y su independencia las unas de las otras, refuerza en gran medida el caso científico a favor de la evolución, porque cada nueva fuente proporciona un gran número de posibles modos de refutar la teoría. Pero lejos de eso, los principios básicos han sobrevivido indemnes, los detalles del proceso de evolución se

han clarificado y, a veces, cambiado, a medida que llegaban nuevas evidencias. Las evidencias con las que contamos hoy en día son mucho más exhaustivas que las que había en la época de Darwin, también hay más y más precisas. Las principales fuentes son:

- La flexibilidad de la forma y el comportamiento de los organismos, que se hace evidente en los programas de cría inducidos por el hombre para perros, palomas, caballos y otros animales domésticos.
- Las similitudes entre criaturas existentes, que sugiere un origen común.
- la incidencia de los mismos componentes bioquímicos y sistemas en organismos muy diferentes.
- Los registros fósiles, que revelan secuencias coherentes de cambios a lo largo del tiempo.
- Los registros geológicos, que confirman la datación de las especies de fósiles.
- las características genéticas de los organismos, especialmente secuencias de ADN, que confirman ambas líneas de ascendencia y las fechas de los cambios.
- Las relaciones entre la distribución de especies y las características geográficas actuales o históricas.
- Selección natural observada en el laboratorio y en el mundo real.
- Estudios matemáticos del efecto de los principios de selección en los cambios en sistemas complejos.

* * * *

Los críticos a la evolución, a menudo, afirman que como no podemos observar el pasado, la teoría no es científicamente comprobable. Pero la ciencia comprende tanto las deducciones como la observación directa. Cuando a Haldane se le preguntó qué evidencias posiblemente podrían rebatir la evolución, su respuesta inmediata fue: «Fósiles de conejos en el Cretáceo». Los fósiles son vestigios de seres vivos del pasado, transformados y conservados en rocas de nuestro planeta. Como las rocas con frecuencia son datables, muchos fósiles pueden ser asignados a períodos específicos de la historia con fiabilidad.

Los fósiles proporcionan un registro bastante escaso de formas de vida del pasado, porque es muy raro para cualquier organismo individual convertirse en un fósil. Sin embargo, ha habido muchísimos organismos durante unos pocos cientos de millones de años pasados y se han descubierto más de 250.000 fósiles de diferentes especies. El número de fósiles individuales conocido es grande, más de tres millones tan solo en el Rancho La Brea en Los Ángeles, por ejemplo, y está incrementando rápidamente con el descubrimiento de nuevos asentamientos por todo el mundo y con mejores técnicas para la localización de fósiles y su análisis.

A pesar de la relativa rareza de los fósiles, el registro es a veces muy extenso, con pocos huecos importantes, y ofrece evidencias claras de cambios sistemáticos de evolución en largos períodos de tiempo. El ejemplo clásico es la evolución del caballo, hace de 54 millones de años a un millón de años. La secuencia empieza con un mamífero con el aspecto de un caballo de apenas 0,4 metros de largo. A este

género se le dio inicialmente el poético nombre de *Eohippus*, caballo del alba, pero se renombro cómo *Hyracotherium* debido a las reglas de la taxonomía, que en este caso logró dictar un resultado tonto.²⁵ La secuencia continúa con *Mesohippus*, de 35 millones de años y 0,6 metros de largo, luego *Merychippus*, de 15 millones de años y 1 metro de largo, después *Pliohippus*, de 8 millones de años y 1,3 metros de largo, y finalmente, hasta ahora, *Equus*, esencialmente igual que el caballo actual, de 1 millón de años y 1,6 metros de largo.

Los taxonomistas pueden seguir el rastro, con mucho detalle, de la secuencia de cambios que ocurrió en este linaje de los ancestros del caballo antiguo, por ejemplo, por los dientes y pezuñas de los animales. También pueden seguir el rastro de las fechas de estos cambios, porque las rocas se pueden datar. De modo que ahora las evidencias que vienen de la geología pueden añadirse a la mezcla. En principio, bastaría con una especie de fósiles en el estrato de roca erróneo para poner en duda la historia evolutiva, y a esto es a lo que se refería Haldane. En la práctica, se necesitan varios ejemplos independientes, porque pueden existir explicaciones razonables para unas pocas excepciones aisladas. El hecho evidente es que la sucesión de rocas, sus edades, determinadas por una

²⁵ En 1841, Richard Owen, un paleontólogo muy importante, encontró un fósil incompleto que pensaba que era un hiracoideo debido a sus dientes y lo asignó a un nuevo género, *Hyracotherium*. En 1876 Othniel Marsh, el rival de Owen, descubrió un esqueleto completo, obviamente con el aspecto de un caballo y lo asignó a otro nuevo género, *Eohippus*, caballo del alba. Pasado un tiempo se dieron cuenta de que los dos fósiles pertenecían al mismo género y por las reglas de la taxonomía, el nombre que primero se publicaba era el que se quedaba. De modo que el evocador «caballo del alba» se perdió y el error de un científico perduró.

variedad de métodos diferentes, y las secuencias evolutivas de fósiles tienen un grado de concordancia notable.

Una objeción estándar al uso de fósiles para apoyar la evolución es la ausencia de las formas de transición, popularmente conocidas como «eslabones perdidos». Ninguno de los términos es demasiado satisfactorio, en biología evolutiva, en cierto sentido todas las especies están en transición, de sus antepasados a sus descendientes, y las formas transicionales no son «eslabones» modernos, sino ancestros antiguos comunes. Sin embargo, la pregunta importante es si la ausencia de estas formas es porque nunca existieron o porque existieron pero todavía no se ha encontrado ningún fósil. La evolución pronostica esto último (otra forma en la que la evolución tiene un poder de predicción), mientras que sus detractores afirman lo primero.

Cuantos más y más fósiles se descubren, más y más formas de transición se encuentran. Un ejemplo muy importante es la transición de los peces a los animales terrestres, los tetrápodos, criaturas con cuatro extremidades en lugar de aletas. Los únicos fósiles disponibles para los paleontólogos de la época victoriana eran o peces o anfibios, que dejaban un vacío de al menos cincuenta millones de años sin fósiles transicionales entre ellos. Pero a partir de 1881, nuevos descubrimientos fósiles introdujeron una serie completa de intermediarios entre peces y anfibios: *Osteolepis*, *Eusthenopteron*, *Panderichthys*, *Tiktaalik*, *Elginerpeton*, *Obruchevichthys*, *Ventastega*, *Acanthostega*, *Ichthyostega*, *Hynerpeton*, *Tulerpeton*, *Pederpes*, *Eryops*. Docenas de huecos

similares se han cubierto en los pasados veinte años y ahora cada año ve el descubrimiento de más formas transicionales, espaciadas incluso con más precisión.

Un crítico a la evolución ha remarcado que siempre que se rellene un hueco en un registro fósil, se crean dos huecos más a cada lado de él. Esta excusa, bastante a la desesperada, es cierta en un sentido trivial, pero constituye una confusión seria de la naturaleza de la inferencia científica. Cada descubrimiento de otra forma de transición representa una predicción exitosa para la evolución y un fracaso para sus detractores. Además, los dos huecos que se crean son considerablemente más pequeños que el que había antes. Una nueva forma transicional es un clavo más en el ataúd del creacionismo. Suficientes clavos fijarán la tapa firmemente, no es necesario un continuo ininterrumpido por todo el borde.

* * * *

No era su deseo crear controversia, pero Darwin abrió la caja de Pandora. A medida que las implicaciones de *El origen de las especies* daban en el blanco e incluso más las que proponía su sucesor, *El origen del hombre*, el cual exponía que los humanos y los simios eran descendientes de un antepasado común, los pelos se erizaban. Se herían sensibilidades. Los convencionalismos sociales eran ultrajados. Si tu visión del mundo por defecto coloca al ser humano en la cima de la creación, con el resto del universo como un recurso para que nosotros explotemos, entonces las sugerencias de que la gente y los animales tienen mucho en común son difíciles de aceptar. Y la idea de que los humanos y los animales de hoy en

día provienen de un antepasado común es un anatema. Inevitablemente, esto condujo a comentarios sarcásticos como: «Exactamente, ¿qué clase de simio era su abuelo, señor Darwin?» y caricaturas poco favorecedoras, muchas de las cuales, en la actualidad, se considerarían racistas.

Sin embargo, desde un punto de vista objetivo, la relación cercana entre humanos y animales es obvia. Comemos como animales, nos reproducimos como animales, excretamos como animales. Nuestras características anatómicas tienen muchas coincidencias con los otros miembros del reino animal. Nuestros esqueletos se corresponden con los de la mayoría de los mamíferos prácticamente hueso por hueso, solo la forma y el tamaño son un poco diferentes. Nuestros cerebros tienen mucho en común con los de mamíferos, anfibios y reptiles. Nuestras manos son muy similares a las de los grandes simios y no muy diferentes de las de los monos y lémures.

Cuando una diferencia de opinión en dichos asuntos era solo eso, el resultado se anticipaba por la convención social. En la tradición cristiana de Occidente, que era la predominante, se dio por hecho que la gente era completamente diferente a los animales. Las diferencias, tales como nuestra capacidad de hablar, escribir, componer música o pintar retratos, se enfatizaban; las similitudes, especialmente aquellas relacionadas con las embarazosas funciones corporales, se ignoraban, minimizaban o, como último recurso, se negaban. Pero las evidencias científicas se acumulaban, esta postura comenzaba a ser difícil de mantener. En la Inglaterra victoriana, y la mayoría de Europa, los religiosos lentamente se

convencían de que la idea de la historia de la creación en el Génesis era una metáfora y aceptaban los descubrimientos de la ciencia como nuevas percepciones de la creación de Dios. Los ateos no tienen ningún tipo de problema. Pero quienes creían en la verdad de la Biblia de un modo literal, se vieron a sí mismos arrinconados intelectualmente, por basar todo su sistema de creencias en una negativa poco convincente a un cuerpo de evidencias científicas enorme y cada vez mayor.

Capítulo 6

En el jardín de un monasterio

Hoy en día, los científicos académicos viven o mueren según lo que se les cite, según el número de veces que otros científicos hacen referencia a sus artículos en investigaciones publicadas. Los burócratas adoran las citas, como los clips, puedes contarlas. Sin embargo, hay riesgos. En matemáticas, algunos de los mejores artículos son tan conocidos que nadie se molesta en mencionarlos explícitamente. Pero el mayor problema es el tiempo que puede tardar en que la importancia de un descubrimiento se haga evidente. Un buen ejemplo de esto es un artículo publicado en el siglo XIX que creó entera la materia de la genética. Los descubrimientos y las ideas que exponía han probado ser absolutamente fundamentales para nuestra comprensión de los seres vivos, pero en los treinta y cinco años después de que apareciesen impresos, no se citaron más de tres o cuatro veces. El artículo, escrito en alemán, se publicó en 1865 en un boletín poco conocido *Verhandlungen des Naturforschenden Vereines in Brünn* (*Actas de la sociedad de Historia Natural de Brno*). El autor, nacido en Alemania, fue bautizado como Johann. De niño, cuidaba abejas y trabajaba de jardinero. En 1840, se convirtió en un estudiante en el Instituto Filosófico de Olomuc, una ciudad de Moravia, parte de la actual República Checa. Después de un único trimestre en el Instituto, enfermó y estuvo un año sin ir. Tras acabar sus estudios, Johann decidió convertirse en monje agustino.

Cambió su primer nombre al único que usaría en su vida monástica: Gregor. Su apellido era Mendel.

En 1851 la orden envió a Mendel a la Universidad de Viena, y a su vuelta a la abadía se hizo profesor. Fue entonces, en 1856, cuando empezó una serie de 29.000 experimentos científicos cultivando guisantes. Esto le llevó siete años. Después de los guisantes, se pasó a las abejas, pero con menos éxito. Crió una variedad de abejas que tuvo que matar porque eran peligrosas. Fracasó en obtener resultados claros porque era difícil controlar la elección de compañeros de la abeja reina. En 1868, pasó a ser abad y su productividad científica se acabó. Pero lo que logró desencadenaría, finalmente, la cuarta revolución en biología: la genética.

Fue una lucha. La mayoría de los biólogos de la época rechazaron las teorías de Mendel, principalmente porque entraban en conflicto con la creencia predominante de que los caracteres se pasan de padres a hijos por una «mezcla». La idea principal, si se le puede dar esa categoría, es que un niño tendrá una altura que está en algún punto entre las alturas de sus padres. Como si las dos alturas se pusiesen en un bol, se removiesen y se volcase al niño. La altura puede ser reemplazada por cualquier otro carácter: peso, fuerza, tamaño de los bíceps, talento matemático, lo que sea.

Las pruebas que apoyaban la teoría de la herencia por mezcla no tenían una base fuerte, mientras que las pruebas de lo contrario, la mayoría de ellas de forma más que obvia, eran extensas. Sin embargo, prácticamente todo el mundo creía en la herencia por mezcla. Sospecho que una motivación era la metáfora, entonces

popular, de «sangre» en la herencia de caracteres. Los ganaderos se refieren a las «líneas de sangre» para describir el árbol genealógico de perros o caballos. Incluso hoy en día hablamos de alguien que tiene «sangre real» o de ser un «pariente de sangre». Con esta metáfora podemos remontarnos a la Antigua Grecia, donde era conocida como pangénesis (pan = todo, génesis = nacimiento, origen). Incluso Darwin cayó en la trampa, cuando escribió *El origen de las especies*, era la pangénesis lo que tenía en mente como mecanismo de herencia.

Sin embargo, la herencia por mezcla no tiene sentido, como se hizo patente una vez la mezcla se enfrentó a la ciencia. Entre 1869 y 1871, el primo de Darwin, Francis Galton, uno de los pioneros de la estadística, realizó una larga serie de experimentos para probar la teoría de la pangénesis. Su aproximación era directa de un modo apabullante, hacia una transfusión de sangre de varios tipos de conejos a otros tipos, luego los criaba y observaba los caracteres de las crías resultantes. No encontró ningún indicio de una sustancia en la sangre del conejo que determinase los caracteres de sus crías. Los biólogos más competentes abandonaron rápidamente la pangénesis. Pero antes de Galton, la pangénesis estaba simplemente ahí, una nube de suposiciones tácitas e incuestionables flotando alrededor de las cabezas de los biólogos, ganaderos y la gente en general. Si eras realmente listo, podías encontrar maneras ingeniosas de apoyarla, del mismo modo que un experimentado defensor de que la Tierra es plana puede siempre ganar un debate, punto por punto, recurriendo a teorías poco

ortodoxas de refracción óptica, geometría extraña o, cuando está desesperado, conspiraciones.

Contra estos antecedentes de aceptación incuestionable de la pangénesis, los resultados de Mendel destacaron de modo escandaloso. Pero en vez de tratar de entenderlos o repetir y ampliar sus experimentos, era mucho más sencillo ignorarlos, asumiendo que hubiese leído el artículo. Darwin no lo había hecho. Si hubiese sabido del trabajo de Mendel cuando escribió *El origen de las especies*, habría hecho algunos cambios bastante grandes.

* * * *

A primera vista, los experimentos de Mendel no parecen terriblemente revolucionarios. Todo lo que hizo fue cultivar guisantes y comparar las características de la nueva generación con las de la generación anterior. Pero lo que encontró era un explosivo en potencia y, finalmente, después de su muerte, explotó con un estruendo que todavía se puede oír, al menos, por cualquiera que no llene su cabeza de sinsentidos con la esperanza de que tapen sus oídos.

El artículo de Mendel languideció, sin que se leyese ni apreciase, hasta más o menos 1890, treinta años después de la publicación de *El origen de las especies*. Fue redescubierto por dos botánicos, Hugo de Vries y Carl Correns.

Los descubrimientos de Mendel giraban en torno a relaciones numéricas sencillas que observó cuando cultivaba los guisantes. La idea básica era simple: centrarse en unas cuantas características específicas, fecundar por fertilización cruzada una planta que tiene

una versión concreta de un carácter con otra planta, una que tiene la misma versión u otra diferente de dicho carácter, y ver cuál es el carácter correspondiente en la siguiente generación. La fertilización cruzada o fecundación cruzada quiere decir que el polen de una planta, le llamaré a esta «padre», se usa para fertilizar a la otra, la «madre». Las plantas son ideales para este tipo de experimentos, porque el científico puede aplicar el polen del padre directamente en los órganos reproductores de la madre, lo cual hace fácil controlar la línea de descendencia. Lo que no es fácil con jabejas enfadadas!

Uno de los primeros caracteres que Mendel estudió fue el color de la flor: blanco o violeta. Lo primero con lo que dio fue que estos eran los únicos colores que aparecían. No había signos de mezcla, no había flores blancas y violetas o de color violeta claro. No importaba cuántas veces cruzase las plantas del guisante, las flores claramente permanecían o blancas o violetas. La teoría de la herencia por mezcla no encajaba con las evidencias, de modo que Mendel se propuso descubrir qué sucedía realmente.

Quizá parezca obvio que si cruzas dos plantas «blancas», es decir, plantas con flores blancas, siempre deberías obtener plantas blancas y lo mismo para las violetas. Pero esa suposición tiene un regusto a la mezcla y es errónea. Mendel descubrió que blanca más blanca siempre daba blanca, pero violeta más violeta podía dar otro color. De modo que no era un caso simple de dos «razas» de guisantes distintas, cuyas crías tiene el mismo color que sus padres. Era más complicado. En realidad, parecía que había tres posibles resultados cuando se cruzaba violeta con violeta.

- Todos los descendientes eran violetas.
- Tres cuartos de los descendientes eran violetas y el otro cuarto blanco.
- La mitad de los descendientes eran violetas y la mitad blancos.

Por el contrario, un cruce blanco-violeta podría comportarse como las dos primeras de estas posibilidades, pero la tercera, la más natural por intuición, no sucedía. Las proporciones de resultados diferentes (un medio, un cuarto y tres cuartos) no eran exactas, variaban de un experimento al siguiente, pero los datos observados encajaban bien con estas proporciones.²⁶

¿Qué estaba pasando? Un paso importante hacia la respuesta es seleccionar las plantas que cruzas, lo cual simplifica los resultados posibles. Por ejemplo, una característica particular «produce puros» si reaparece en todas las crías. Las variedades puras dependen de ambos padres, por lo tanto almacenando algunas de sus semillas y usando el resto para cultivar una generación nueva y luego cruzando las de la nueva generación, puedes averiguar qué semillas provienen de plantas que generan variedades puras y usar las semillas restantes de esas plantas en otro experimento.

Ahora resulta que si cruzas una planta blanca pura con una violeta pura, el resultado es siempre violeta. Sin embargo, si coges dos plantas de la nueva generación y las cruzas, entonces siempre

²⁶ Quizá demasiado bien: al volver a analizar los datos de Mendel parece que encajan mejor de lo que se esperaría estadísticamente. Quizá el subconsciente hizo algunos reajustes de los datos en casos ambiguos. Véase R.A. Fisher, «Has Mendel's work been rediscovered?», *Annals of Science* 1 (1936), 115-137.

tienes aproximadamente tres cuartos de violetas y un cuarto de blancas en la siguiente generación. Esto es extraño, es casi como si las plantas tuvieran algún tipo de «memoria» de generaciones pasadas. Y en cierto sentido, lo tienen.

Puedes imaginarte al pobre Mendel, dándole vueltas a sus observaciones, tratando de encontrar una explicación sensata. Finalmente se dio cuenta de que todo tenía sentido si el carácter «color» estaba determinado no solo por un factor genético en cualquiera de las plantas, sino por dos. Un factor se heredaría del padre, el otro de la madre. Qué eran estos factores físicamente, era un misterio. Pero los números, los patrones matemáticos, sugerían con firmeza que debían existir.

Supongamos que el color está determinado por un factor no específico que puede ser B o V, blanco o violeta, y que cada planta tiene dos de ellos. Los posibles pares son BB, BV y VV. Consideramos BV igual que VB, lo que cuenta es la combinación de factores, no el orden en que los escribimos.²⁷

Cuando dos plantas se cruzan, los descendientes heredan un factor de cada parente. Si ambos factores son idénticos, BB o VV, entonces no afecta de quién de los dos lo ha heredado. Estas son las plantas «puras». Pero supongamos que BV se cruza con, por ejemplo, VV. Entonces los descendientes pueden heredar B o V del primer progenitor y heredarán seguro una V del segundo. Por lo tanto hay dos resultados: BV y VV.

²⁷ Esta convención no es obvia. Normalmente los símbolos son estándar de modo que en AB el factor A viene del parente y B de la madre, por lo tanto AB y BA son potencialmente distinguibles. Los experimentos de Mendel fueron los que indicaron que AB = BA.

Las matemáticas que hay aquí es combinatoria, cómo se pueden combinar diferentes objetos matemáticos, en este caso, los símbolos B y V. Pero en este caso no necesitas saber combinatoria para llegar a la respuesta por ti mismo.

- Si cruzamos BB con BB, la única posibilidad es BB.
- Si cruzamos VV con VV, la única posibilidad es VV.
- Si cruzamos BB con VV, la única posibilidad es BV.
- Si cruzamos BB con BV, hay dos posibilidades: BB y BV.
- Si cruzamos VV con BV, hay dos posibilidades BV (= VB) y
- Si cruzamos BV con BV, hay cuatro posibilidades: BB, BV, VB y VV, pero BV = VB, así que las cuatro posibilidades se reducen a tres.

¿Qué hay de las proporciones que Mendel observó? Resolvieron la discusión de modo contundente. Para ver por qué, ayuda dibujar un diagrama, conocido como cuadrado de Punnett por el especialista en genética británico Reginald Punnett, que lo inventó alrededor de 1900. Examinaré BV y BV, que es uno de los casos más complicados, pero más típicos y por lo tanto más fáciles de entender.

| | | |
|---|----|----|
| | B | V |
| B | BB | BV |
| V | VB | VV |

Figura 13. Cuadrado de Punnett que muestra cómo BV se cruza con BV.

La fila de arriba en la figura 13 muestra los dos factores (B y V) presentes en la madre, la columna de la izquierda muestra los dos factores (de nuevo B y V) presentes en el padre. Los cuatro cuadrados muestran las combinaciones resultantes (BB, BV, VB, VV) cuando cada factor en particular está presente en los descendientes. La convención común es poner el factor derivado del parente primero. Hemos visto que el orden no afecta al carácter de la planta resultante, pero ayuda para mantener las matemáticas claras.

He coloreado algunas de las celdas grandes de blanco y otras de gris, estos colores representan el color de las flores para la planta correspondiente, siendo el gris para las plantas violetas. También he roto la tradición añadiendo etiquetas rectangulares en la esquina superior, estas indican el color de los padres. Los colores nos dicen que BB da blanco, mientras que BV, VB y VV da violeta. La idea, muy simple, como todas las buenas ideas, y una de las grandes visiones de Mendel, es que B y V «votan» el color, pero si B trata de

contradecir a V, entonces V gana. En jerga genética, B es recesivo y V es dominante.

Es esta regla de las votaciones la que hace que, en los casos mixtos como BV, se seleccione uno de los dos colores que tienen los padres, en vez de mezclarlo de algún modo u hacer otra cosa. En principio, la regla de la votación «violeta gana» es solo una de las maneras posibles de asignar un color a una planta con factores mixtos, se pueden concebir muchas otras. Este método es muy ingenioso y simple y funciona para los colores de la planta de los guisantes. Sin embargo, siendo la biología lo que es, cuantos más especialistas en genética investigan estas reglas, más alternativas descubren e, irónicamente, cierta cantidad de mezcla.

En la figura 13, tres de las celdas son grises, flores violetas, y solo una es blanca, flor blanca. Esta proporción 3:1 de violetas por blancas es exactamente lo que Mendel encontró en algunos de sus experimentos. Lo que sugiere que las regularidades numéricas que Mendel observó en las proporciones de las plantas con varios caracteres deben tener una explicación estadística. Los números son las pruebas sobre las probabilidades de varios resultados.

Ahora, otra área de las matemáticas se ha unido a la fiesta junto con la combinatoria: la teoría de la probabilidad. Esta es una de las ramas importantes de la materia, las matemáticas de la incertidumbre. Se originó con preguntas sobre el juego; el primer libro de texto fue de Jacob Bernoulli, *Ars Conjectandi*, en 1713. Me gusta traducir esto como «El arte de la adivinación», pero una traducción más fiel es «El arte de las conjeturas». Bernoulli definió

la probabilidad de algunos eventos como la proporción de veces que suceden a la larga, en un número grande de intentos. Esto encaja con la intuición. Por ejemplo, si tiramos un dado que no está trucado, entonces cada cara (1, 2, 3, 4, 5, 6) «debería» salir aproximadamente el mismo número de veces. Si 6 se mantuviese apareciendo con más frecuencia que 2, el dado estaría trucado. Esto está bien como definición aceptable, pero implica la suposición de que lo que sucede a la larga es representativo. No obstante, es perfectamente posible que se obtengan un centenar de 6 seguidos al tirar un dado que no está trucado. Bernoulli probó un teorema matemático, la ley de los grandes números, el cual demuestra que excepciones de este tipo son muy improbables. Más tarde, los matemáticos pusieron unas bases lógicas sólidas para la materia en su totalidad, estableciendo una lista de axiomas rotundos; propiedades que cualquier noción de probabilidad debe satisfacer. La ley de los grandes números pasó a ser un teorema, una consecuencia lógica de los axiomas y nos permite calcular probabilidades usando la combinatoria, contando. De modo que podemos calcular la probabilidad de la flor violeta contando cuántas combinaciones de factores dan violeta y dividiendo por el número total de combinaciones, en este caso, 3 dividido por 4.

El plan de Mendel para la herencia combina caracteres de ambos padres y evita la mezcla. Trata al padre y a la madre del mismo modo. El padre tiene dos factores, pero contribuye solo con uno en los descendientes, lo mismo pasa con la madre. En cada caso tenemos que escoger un factor de dos. Supongamos que esto se

hace de modo aleatorio, tal como lanzar una moneda: cara, un factor, cruz, el otro. Esto implica que cada factor del padre tiene la misma probabilidad de ser escogido y de modo similar para la madre. Por lo tanto, cada una de las combinaciones del cuadrado de Punnett es igualmente posible, tiene una probabilidad de $1/4$. Puesto que hay tres celdas grises de un total de cuatro, esperamos que $3/4$ de las plantas sean violetas. Puesto que hay solo una celda blanca, el $1/4$ restante debería ser blanco. Así la combinación de dos símbolos, B y V, sujeto a la regla de votación «V gana si está presente», indica las frecuencias observadas de los dos colores, siempre que escojamos un factor de cada parente al azar con igual probabilidad.

Cálculos semejantes explican las proporciones que Mendel observó en otros casos. El aspecto aleatorio del proceso explica por qué las proporciones que observó Mendel no eran fracciones exactas como $3/4$ y $1/4$. En procesos al azar, hay siempre un grado de «dispersión», cuando el comportamiento no es exactamente como el caso de la media, que es lo que la probabilidad refleja. Por ejemplo, si lanzas una moneda cuatro veces seguidas, entonces la «media» o el resultado «esperado» es dos caras y dos cruces. Sin embargo, el resultado real podría ser cualquiera, desde cuatro caras a cuatro cruces y el caso de la media ocurre menos que la mitad de las veces. Mendel no se detuvo cuando tuvo esta gran visión. Ideó métodos para probar sus hipótesis. El truco era eliminar las plantas que le molestaban, porque daban lugar a diferentes colores, cultivando varias generaciones y desechariendo cualquier planta cuyos

descendientes no fueran todos del mismo color. Habiendo identificado las plantas cultivadas particularmente como puras, Mendel podía volver a su almacén de semillas y usar esas semillas para cultivar nuevas plantas que podía cruzar de varios modos. Después de unas pocas generaciones, aparecían patrones claros que apoyaban sus teorías.

* * * *

Para Mendel, los genes eran «factores» misteriosos y no sabía dónde se encontraban en el organismo y qué eran. La respuesta surgió de estudios de la división de la célula. Una célula no es una simple bolsa de sustancias químicas, sino que es una estructura organizada muy compleja, lo suficientemente organizada y lo suficientemente compleja para reproducirse. Es un truco increíble copiar una célula, pero insignificante en comparación con copiar un organismo entero. Este proceso, fundamental para la vida compleja, se ha dado continuidad a sí mismo en un tipo especial de proceso de copia para células.

Las procariotas se reproducen dividiéndose en dos copias, este proceso se llama fisión binaria. Las eucariotas también se dividen en dos copias, pero debido a que dichas células son más complejas, su división también es más compleja. Además, las eucariotas, normalmente, son capaces de una reproducción sexual en la cual la descendencia tiene contribuciones genéticas de dos padres (o para unos pocos organismos como la levadura, posiblemente más); las plantas de guisante de Mendel son un ejemplo. Para las especies sexuadas, la creación de importantes células germinales

(espermatozoides y óvulos) implica un segundo tipo de división celular llamada meiosis.

Durante mucho tiempo después de que Mendel dedujese la presencia de «factores» genéticos en las plantas, nadie sabía las bases físicas de la herencia, esto es, como ahora sabemos, molecular. Cuando se dispuso de tintes artificiales, se descubrió que secciones finas de células podían mancharse para revelar bajo el microscopio estructuras escondidas. Entre ellas había características misteriosas conocidas como cromosomas, cuerpos coloreados. Las procariotas tenían un único cromosoma, un lazo atado a la pared de la célula. Las eucariotas tienen sus cromosomas en el interior del núcleo celular y cada organismo tiene un número particular de cromosomas, por ejemplo en los humanos es 46. Los cromosomas se forman aproximadamente como una X y los hay de muchos tamaños y aspectos.

Los cromosomas estaban de algún modo involucrados en la división celular, porque uno de los primeros pasos en la división de ambas, procariotas y eucariotas, supone hacer copias de ellos. Con esto como una pista, los biólogos empezaron a sospechar que los cromosomas eran el material genético de la célula. De manera independiente, Theodor Boveri y Walter Sutton llegaron a esta idea en 1902 y realizaron una serie de experimentos para probarlo. Boveri trabajó con erizos de mar y demostró que a menos que todos los cromosomas estuviesen presentes, el organismo no se desarrollaba completamente. Sutton se centró en los saltamontes e hizo el descubrimiento crucial de que los cromosomas vienen en

pares, un miembro de cada par proviene del padre y el otro de la madre. Estos pares seguramente son los factores de Mendel.

Esta propuesta fue controvertida durante más o menos diez años, pero en 1913, Eleanor Carruthers demostró que los cromosomas se combinan unos con otros de modo independiente, lo que concordaba con las proporciones numéricas que Mendel había observado. Por ejemplo, los 46 cromosomas del ser humano vienen en 23 pares, pero las células germinales solo contienen un miembro de cada par, como veremos más adelante. Estas provienen tanto del padre como de la madre y la elección es hecha aleatoriamente e independientemente para cada par. El argumento decisivo llegó dos años más tarde, cuando Thomas Hunt Morgan llevó a cabo experimentos definitivos en la mosca de la fruta, *Drosophila melanogaster*. Demostró que los genes asociados con regiones del cromosoma que estaban muy cerca unos de otros tendían a asociarse en sus descendientes, o tenían ambos o no tenían ninguno. Este efecto influyente se debilita lentamente a medida que las regiones distan más unas de otras.

En la fisión binaria de una procariota, el primer paso es hacer una copia del único cromosoma circular. Después de eso, la célula se hace más grande. Las dos copias del cromosoma se unen por sí mismas a la membrana celular. Luego la célula se estira, separando los cromosomas. Por último, la membrana celular crece en el interior dividiendo, finalmente, a la célula, de modo que los cromosomas acaban en distintas mitades. El resultado final son dos copias de la célula original, más o menos idénticas a ella, y en

especial con la misma genética (esto no es del todo cierto, porque pueden ocurrir errores de copia, pero dejaremos eso para más adelante).

* * * *

La reproducción de una célula eucariota es más complicada y es conocida como división celular. Puede suceder de dos modos diferentes: mitosis, en la cual las células hijas también son capaces de reproducirse, y meiosis, en la cual se obtienen dos gametos, las unidades básicas de reproducción sexual. En los humanos, estos son los espermatozoides en el macho y los óvulos en la hembra.

La mitosis empieza en el núcleo de la célula. El primer paso, de nuevo, es hacer una copia más del material genético de la célula. En las eucariotas se encuentra en varios cromosomas, de modo que hay que copiar cada cromosoma. Esto, generalmente, se hace para todos los cromosomas al mismo tiempo, mejor que hacerlo de uno en uno. Luego los pares de cromosomas se separan en dos conjuntos, cada conjunto contiene un cromosoma de cada par de idénticos, mientras que el núcleo se divide en dos partes y cada una contiene un conjunto de cromosomas. Mientras esto sucede, los orgánulos que componen la célula, como las mitocondrias, también se duplican por un proceso que es muy parecido a la fisión binaria en las procariotas. Finalmente, crece la membrana celular en el interior y divide a la célula de un modo que asegura que cada célula hija contenga su porción equitativa de todos estos componentes, en especial, un núcleo.

Esta secuencia es típica pero no única; los detalles de la mitosis son diferentes en diferentes organismos. La mitosis es cuidadosamente coreografiada, los biólogos distinguen cinco etapas sucesivas (véase la figura 14). El contenido duplicado de las células madre debe organizarse en dos conjuntos separados. La célula dividida hace esto usando microtúbulos, moléculas alargadas que normalmente forman el «esqueleto» de las células y actúan como cuerdas que pueden transportar varios orgánulos a sus posiciones correctas.

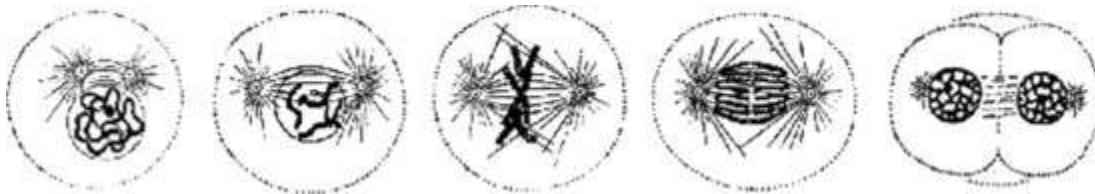


Figura 14. Etapas de la mitosis. De izquierda a derecha: Profase: el centrosoma se divide. Prometa fase: los microtúbulos entran en el núcleo. Metafase: los cromosomas se alinean en ángulo recto con los microtúbulos. Anafase: los microtúbulos empiezan a retroceder y separar las parejas de cromosomas. Telofase: conjuntos de cromosomas se reúnen en dos núcleos, la membrana celular empieza a hacer la división.

* * * *

Cada orgánulo se comporta un poco como una procariota, en particular, se reproducen por fisión binaria. Esto da una pista sobre el origen de las células eucariotas; son, hasta cierto punto, colonias de las una vez procariotas independientes, que han evolucionado para cooperar dentro de una unidad mayor, la célula eucariota. La idea se llama teoría endosimbiótica o endosimbiosis seriada. Fue

propuesta por primera vez en 1905 por el ruso Konstantin Mereschkovski, quien indicó que los cloroplastos en las plantas, los cuales contienen la clorofila, se dividen de un modo que es sorprendentemente similar a la división de las cianobacterias, que son procariotas. En la segunda década del siglo XX, Iván Wallin hizo una proposición parecida para la mitocondria. Estas teorías no contaron con mucho apoyo hasta la década de los cincuenta, cuando se descubrió que estos y otros orgánulos tenían su propio ADN, separado del principal genoma de la célula. En 1967, Lynn Margulis proporcionó más pruebas para la idea de que las células eucariotas surgen como un tipo de simbiosis entre muchas procariotas diferentes, incorporadas a la célula en desarrollo en una serie de pasos.

* * * *

Da gusto ver lo directa que es la reproducción de las procariotas, un organismo se divide en dos organismos. En las eucariotas, incluso la reproducción de células es menos directa y la reproducción de organismos es muy indirecta. Las eucariotas hacen dos copias de la información genética en ciertas células del organismo y luego construyen un organismo nuevo desde cero usando esa información. La reproducción de una procariota es como partir un trozo de tiza por la mitad para obtener dos trozos de tiza. La reproducción de una eucariota es como hacer un proyecto de un coche, fotocopiar el proyecto y usar esa copia para fabricar un coche nuevo, con la vuelta de tuerca extra de que el proyecto se almacenó

en la guantera del coche original y su copia se colocó en la guantera del coche nuevo.

El proceso que inicia el copiado de la información genética es la meiosis. Esta sigue pasos más o menos parecidos a la mitosis, pero tiene once etapas en vez de cinco. La diferencia más importante es que los cromosomas no se duplican, sino que se parten. En organismos que se reproducen sexualmente, los cromosomas normalmente vienen en pares, uno heredado del padre y otro de la madre. En la meiosis estos pares aleatoriamente intercambian su material genético, un proceso conocido como recombinación y la principal fuente de la variación genética en una población. Los pares modificados se separan. El resultado final es un conjunto de cuatro células, cada una contiene la mitad del contenido normal de los cromosomas.

A diferencia de la mitosis, la meiosis no es un ciclo, al menos no en un único organismo. Crea células germinales y una vez lo ha hecho, se detiene. Las células germinales no hacen demasiado hasta que dos organismos adultos de sexos diferentes hacen lo que es natural y fertilizan un óvulo con un espermatozoide. Llegados a este punto, las dos mitades de cromosomas reconstituyen un conjunto completo. El óvulo fertilizado empieza a desarrollarse y crece para formar la etapa juvenil del mismo tipo de organismo. En resumen, dos adultos tienen un bebé.

Si piensas en un organismo como un pastel, entonces la mitosis parte el pastel en dos trozos. La meiosis copia la receta del pastel y la guarda en un cajón, para usarla cuando necesite hornear un

nuevo pastel. Pero estos pasteles pueden crecer y la receta está guardada dentro del pastel.

Como la meiosis implica la recombinación, el genoma de un niño es una mezcla de los genomas de sus padres; parte aleatoria y parte sistemática. En los humanos, el niño está, normalmente, dotado de 23 pares de cromosomas correctos. Cada par consiste en un cromosoma del padre y el correspondiente de la madre. Un miembro lo dona el espermatozoide, el otro el óvulo. En 22 de estos pares, los dos cromosomas afectados tienen la misma estructura global, la misma secuencia de «genes», pero pueden diferir en las elecciones que hacen de un gen en particular. Por ejemplo, el pelo humano tiene una variedad de colores: castaño, negro, caoba, etcétera. Los colores los provoca el pigmento de unas proteínas llamadas eumelanina y feomelanina. La eumelanina puede presentarse en dos formas: marrón y negra. La feomelanina es rosa o roja. Las proteínas están hechas por genes y diferentes elecciones de los genes adecuados causan diferentes colores de pelo.

Considerando lo obvios que son los colores del pelo y su relación con la herencia ampliamente reconocida («tiene el pelo de su madre...»), todavía no sabemos con precisión qué genes determinan el color del pelo o cómo lo hacen. Una teoría popular es que hay dos genes: uno en el que el castaño es dominante y el rubio recesivo, como violeta/blanco para los guisantes, y otro en el cual ocultar el color rojo es dominante y el rojo es recesivo. Pero esto no explica toda la variedad de colores de pelo de los humanos.

El par de cromosomas número 23 es diferente, contiene los cromosomas sexuales, que determinan el sexo del niño. En los mamíferos, y más casos, el cromosoma sexual femenino X es más grande que el masculino Y. Las hembras tienen el par XX, los machos el par XY. La presencia de dos X asegura que el sistema es estable en la reproducción, los mismos pares posibles XY y XX se repiten en los descendientes porque el hijo siempre obtiene una X de su madre. Pueden ocurrir errores, en particular, un hijo puede tener tres cromosomas sexuales, en vez de los dos habituales.

Un miembro de cada par de cromosomas proviene del padre, el otro de la madre, con posibles diferencias genéticas. Esta es la explicación molecular para las observaciones de Mendel, en las que el único modo sensato de explicar los resultados de sus experimentos era asumir que cualquier carácter que se escogiese resultaba de dos «factores», uno de cada progenitor. Este proceso ofrece un modo de combinar la «información» genética de nuevas maneras, mientras que conserva su organización global; permite la reproducción sin la replicación exacta, proporcionando una fuente de diversidad genética. Esto, a su vez, abre la puerta a la evolución; de hecho, hace algún tipo de filtrado selectivo de organismos bastante inevitable, ya que proporciona una fuente de variación heredable.

No obstante, la característica más intrigante de este proceso es que hay una segunda fuente de variación genética más drástica: la recombinación. Un espermatozoide del padre no contiene uno u otro de sus pares de cromosomas. Si lo hiciese, entonces habría también

una copia del cromosoma correspondiente de su padre, o del de su madre. En vez de eso, contienen un cruce mezclado de ambos pares; parte del cromosoma de su padre con los huecos cubiertos por las piezas complementarias del de su madre.

Sin la recombinación, separar parejas de cromosomas en mitades y poner esas dos mitades juntas, una del padre y otra de la madre, podría ser una manera de cambiar cómo los cromosomas se emparejan, pero no alteraría la información genética dentro de cada cromosoma individual. Esto sería un modo bastante débil para remover la genética. La recombinación significa que los genes se modifican con los cromosomas, un modo mucho más drástico de alterar la composición genética. Una consecuencia curiosa de este proceso de mezcla en dos pasos es que las diferencias más significativas entre los genes de los hijos y los de sus padres surgen revolviendo lo que los padres heredaron de los *abuelos*.

Capítulo 7

La molécula de la vida

En la actualidad el ADN es un ícono cultural. Apenas pasa un día sin que alguna compañía o persona reclame en televisión o en el periódico que alguna actividad o producto está «en su ADN». Es aclamado como «la molécula de la vida» y «la información necesaria para hacer un organismo». Está relacionado con nuevas curas para enfermedades, la teoría «*Out of Africa*» de propagación de los primeros seres humanos por el planeta y si, hace decenas de miles de años, algunos antepasados del ser humano moderno tuvieron sexo con Neandertales (lo tuvieron). A veces, al ADN parece atribuirsele un significado casi místico. A menudo podemos escuchar que alguien va a tener un hijo «para pasarle su ADN», o quizá «pasarle sus genes». Puede que hoy en día alguna gente realmente tenga hijos por estas razones, pero durante cientos de miles de años, la gente ha tenido hijos porque querían tenerlos, por razones personales o porque no lo podían evitar. De cualquier modo, sus genes se heredaron, junto con su ADN, como una parte vital del proceso... pero esa no era la *razón* para tenerlos. No podía serlo. No sabían que teníamos genes.

Legar genes o ADN puede ser visto como una razón evolutiva para tener niños, una que ayudó a inculcar en nosotros un fuerte instinto para reproducirnos a pesar de los peligros del parto, pero no deberíamos confundir la volición humana con el funcionamiento mecánico del desarrollo biológico y la selección natural. Esa

confusión es un síntoma del ADN como ícono, algo con significado casi mágico. Pero después de décadas de decir al público que el entender la secuencia de ADN humano nos guiaría hacia curas para innumerables enfermedades o permitiría a los científicos crear nuevas criaturas, los biólogos no deberían sorprenderse cuando la gente se toma estos reclamos en serio.

No hay duda de que el ADN es importante. El descubrimiento de su importante estructura molecular fue probablemente el mayor avance científico reciente. Pero el ADN es solo una parte de una historia mucho más compleja. Y por mágico que pueda parecer, no funciona con magia.

* * * *

El camino tortuoso de la humanidad hacia la naturaleza química del gen y la bella geometría del portador de la herencia molecular duró más de un siglo.

En 1869 un doctor suizo, Friedrich Miescher, estaba enfrascado en una parte muy poco atractiva de una investigación médica: analizar pus en vendas que se tiraban después de usarse en una operación. Se habría sorprendido si supiese que estaba abriendo la puerta a una de las áreas de la ciencia más atractivas que ha habido nunca. Miescher descubrió una nueva sustancia química, que resultó que se originaba en los núcleos de las células. Acorde a esto, la llamó nucleína. Cincuenta años más tarde, Phoebus Levine hizo incursiones en su estructura química, demostrando que la molécula de Miescher se construía a partir de muchas copias de una unidad básica, un nucleótido formado por un azúcar, un grupo fosfato y

una base. Hizo conjeturas acerca de que toda la molécula estaba hecha de un moderado número de copias de este nucleótido, unidas las unas a las otras por los grupos fosfato y repitiendo el mismo patrón de bases una y otra vez.

Cuando se descubrió más sobre esta nueva molécula, se la llamó ácido desoxirribonucleico, que todos conocemos por su acrónimo ADN. Era una molécula enorme y las técnicas disponibles entonces nunca serían capaces de revelar su estructura (los átomos que contenía y cómo estaban enlazados unos con otros). Pero dos décadas más tarde, la técnica de difracción de rayos X estaba empezando a usarse y resultó ser justo lo que se necesitaba.

La luz es una onda electromagnética y también lo son los rayos X. Cuando una onda se encuentra con un obstáculo o pasa a través de una serie de obstáculos que no están muy separados, parece que se desvía. Este efecto se llama difracción. El mecanismo exacto depende de las matemáticas de la interferencia de ondas. Los principios básicos los descubrió un equipo de padre e hijo, Lawrence Bragg y William Henry Bragg, en 1913. La longitud de onda de los rayos X está en el rango correcto para que haya difracción de estos causada por los átomos en un cristal.

Hay técnicas matemáticas para reconstruir la estructura atómica del cristal a partir del patrón de difracción que produce. Una de ellas es la ley de Bragg, que describe el patrón de difracción que crea una serie de capas de átomos paralelas y a la misma distancia unas de otras, un tipo de entramado de cristal particularmente simple. La ley se puede usar para deducir la separación y la

orientación de dichas capas en un cristal. El concepto matemático que proporciona todos los pequeños detalles sobre cómo los átomos están colocados es la transformada de Fourier, definida por el matemático francés Joseph Fourier a principios del siglo XIX en un estudio sobre la transmisión del calor. En este caso, la idea es representar un patrón periódico, en el espacio o el tiempo, como una superposición de ondas acompañadas de todas las posibles longitudes de onda. Cada una de estas ondas tiene una amplitud (cuánto dista el pico de la base) y una fase (determina la posición precisa de los picos).

El objetivo principal de la difracción de rayos X es encontrar el mapa de densidad electrónica del cristal, es decir, el modo en que sus electrones se distribuyen en el espacio. A partir de esto, su estructura atómica y las cadenas químicas que mantienen a los átomos juntos pueden calcularse. Para hacer esto, los cristalográficos observan los patrones de difracción que produce un haz de rayos X pasando a través del cristal. Repiten estas observaciones colocando el cristal de modo que forme diferentes ángulos con el haz. Con estas medidas, deducen la amplitud de cada onda que lo compone usando la transformada de Fourier de la densidad electrónica. Encontrar la fase es mucho más difícil. Un método es añadir átomos de metal pesado, como el mercurio, al cristal y luego comparar el nuevo patrón de difracción con el original. Las amplitudes y las fases juntas determinan la transformada de Fourier de la densidad electrónica completa, y una transformada de Fourier «inversa» más convierte a esta en la propia densidad electrónica. Por lo tanto, si

tienes una molécula interesante y puedes persuadirla para que se cristalice, puedes usar la difracción de los rayos X para explorar su estructura atómica. Como es el caso, el ADN puede cristalizarse, aunque no fácilmente. En 1937, William Astbury usó la difracción de rayos X para confirmar que la molécula tiene una estructura regular, pero no pudo precisar qué era esa estructura.

Mientras tanto, los biólogos celulares habían estado descifrando qué hacia el ADN. Realmente había mucho por todas partes, por lo que debería tener alguna función importante. En 1928, Frederick Griffith estaba estudiando la bacteria que por aquel entonces se llamaba *Pneumococcus*, ahora *Streptococcus pneumoniae*, una causa muy importante de neumonía, meningitis e infecciones de oído. La bacteria existe con dos formas distintas. El tipo II-S se reconoce por su superficie lisa, una cápsula que lo protege del sistema inmune del organismo huésped y le proporciona tiempo para matar al huésped. El tipo II-R tiene una superficie rugosa, no tiene cápsula, por lo tanto no tiene protección, así que sucumbe al sistema inmune del organismo huésped. Griffith inyectó bacterias vivas rugosas en ratones, que sobrevivieron. Lo mismo sucedió cuando inyectó bacterias lisas muertas. Pero cuando inyectó una mezcla de estas dos formas aparentemente inofensivas, los ratones murieron. Esto fue una sorpresa, pero Griffith se percató de algo incluso más sorprendente. En la sangre de los ratones muertos, encontró bacterias lisas vivas. Dedujo que algo, no sabía qué, debía haber pasado de las bacterias lisas muertas a las bacterias rugosas vivas, y le dio un nombre vago en la terminología tradicional de biología: el

«principio de transformación». La explicación llegó en 1943, cuando Oswald Avery, Colin MacLeod y Maclyn McCarty demostraron que el «principio de transformación» de Griffith era una molécula, el ADN. El ADN de una bacteria lisa muerta era de algún modo responsable de la existencia de la cápsula protectora que había sido ocupada por las bacterias vivas rugosas, que rápidamente se hicieron con sus propias cápsulas y, de hecho, se convertían a la forma lisa. Se supone que las rugosas no tienen ese tipo particular de ADN, aunque tienen su propio ADN. El experimento de Avery-MacLeod-McCarty proponía, de modo convincente, que el ADN era el portador molecular de la herencia buscado durante tanto tiempo. Esto lo confirmó Alfred Hershey y Martha Chase en 1952, cuando demostraron que el material genético de un virus conocido como el fago T2 es indudablemente el ADN. El experimento también sugiere que moléculas de ADN superficialmente idénticas pueden ser sutilmente diferentes una de la otra.

La competición ahora estaba en determinar la estructura molecular exacta del ADN. Como ocurre con frecuencia en ciencia, el resultado clave se obtuvo tras una serie de pasos, a no todos ellos se les reconoció su importancia cuando se descubrieron por primera vez. Gracias al trabajo de Levine, ya se sabía que el ADN estaba hecho de nucleótidos y cada nucleótido de un azúcar, un grupo fosfato y una base. Finalmente resultó que eran cuatro bases distintas: adenina, citosina, guanina, timina, todas moléculas pequeñas y sencillas (véase la figura 15).

¿Cómo se colocan estas cuatro bases dentro de una molécula de ADN completa? Una pista importante, pero inicialmente desconcertante, la encontró el bioquímico austriaco Erwin Chargaff, quien huyó a Estados Unidos escapando de los nazis en 1935. Chargaff realizó estudios cuidadosos de los ácidos nucleicos, incluyendo el ADN, y en 1950 observó un patrón curioso. La tabla 4 muestra algunos de sus datos sobre la frecuencia de aparición de cada base en el ADN de varios organismos, expresados como un porcentaje sobre el número total de bases.

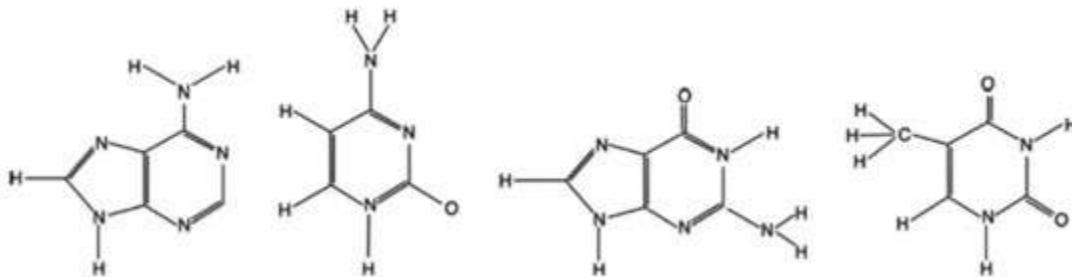


Figura 15. Las cuatro bases de ADN. De izquierda a derecha: adenina, citosina, guanina, timina.

TABLA 4. Algunos de los datos de Chargaff sobre el porcentaje de las cuatro bases del ADN de varios organismos

| <i>Organismo</i> | <i>%A</i> | <i>%T</i> | <i>%G</i> | <i>%C</i> |
|------------------|-----------|-----------|-----------|-----------|
| Ser humano | 29,3 | 30,0 | 20,7 | 20,0 |
| Pulpo | 33,2 | 31,6 | 17,6 | 17,6 |
| Pollo | 28,0 | 28,4 | 22,0 | 21,6 |
| Rata | 28,6 | 28,4 | 21,4 | 20,5 |
| Saltamontes | 29,3 | 29,3 | 20,5 | 20,7 |
| Erizo de mar | 32,8 | 32,1 | 17,7 | 17,3 |
| Trigo | 27,3 | 27,1 | 22,7 | 22,8 |

Los números varían considerablemente de una especie a otra, por ejemplo, A aparece un 29,3% en los humanos, mientras que un 32,8% en los erizos de mar. Sin embargo, hay algunos patrones claros. Uno es conocido como la primera regla de la paridad de Chargaff. En cada organismo de la tabla (y en muchos otros), el porcentaje de A y T es casi igual y lo mismo ocurre para G y C. Sin embargo, los porcentajes de A/T pueden diferir bastante de los de G/C. Hay también una segunda regla de la paridad de Chargaff, cuya afirmación implica saber, como sabemos ahora, que el ADN consiste en dos hebras entrelazadas. La regla dice que se mantienen las mismas igualdades en los porcentajes en cada hebra por separado. Además, Wacław Szybalski observó que normalmente, aunque no siempre, el porcentaje de A/T es mayor que el de G/C. Estas tres reglas se refieren solo a los porcentajes totales de las cuatro bases en grandes cantidades de ADN. No nos dice, no directamente, nada sobre la posición de las bases dentro de la molécula. Todavía no sabemos por qué la segunda regla de la

paridad de Chargaff y la regla de Szybalski se sostienen, pero la primera regla de la paridad de Chargaff tiene una explicación muy simple, que fue una de las pistas que llevó a Crick y Watson a la famosa doble hélice. Se percataron de que la guanina y la citosina se unen de manera natural usando tres cadenas de hidrógeno, y de modo similar, la adenina y la timina se unen usando dos cadenas de hidrógeno (las líneas de puntos de la figura 16). Además, los dos pares resultantes son químicamente muy parecidos, tienen casi la misma forma, el mismo tamaño y el mismo potencial para unirse a otras moléculas en la estructura del ADN.

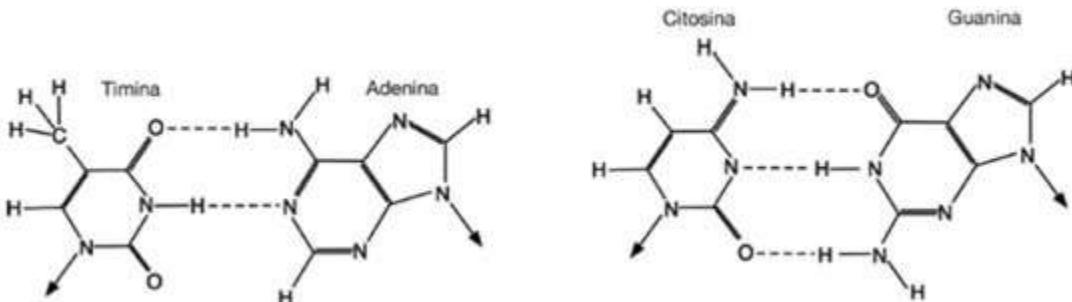


Figura 16. Cómo las bases se emparejan en el ADN. Los dos pares unidos tienen casi forma y tamaño idénticos.

Fue como si Chargaff hubiese analizado una remesa enorme de cubertería y vajilla y encontrase que el porcentaje de cuchillos y tenedores era el mismo, y lo mismo pasaba para tazas y platos. Lo que podía parecer una coincidencia para la remesa entera, tenía un sentido inmediato si se compone de paquetes que consisten o bien en un par de cuchillo y tenedor, o bien en un par de plato y taza. Entonces los porcentajes coincidirían y coincidirían en cada parte

de la remesa, no solo en el recuento total. De modo similar, si Crick y Watson estaban en lo cierto, la primera regla de la paridad de Chargaff sería una consecuencia inmediata. No solo los porcentajes serían iguales en el ADN en bruto, además las bases se organizarian por parejas, como los cuchillos y los tenedores.

La simple observación proponía que el ADN de los organismos estaba hecho de estos pares de bases. Cuando se consideraba junto con otras características conocidas de la molécula, y un patrón de difracción de rayos X obtenido por Maurice Wilkins y Rosalind Franklin, sugería una idea sencilla y brillante. El ADN era una pila de pares de bases, apiladas unas encima de otras, que se mantenían unidas por otras partes de la molécula tales como grupos fosfato. Las fuerzas químicas entre los átomos causaban que cada par de base consecutivo se girase un ángulo fijo, con respecto al par anterior. Los pares de bases estaban colocados como los escalones de una escalera de caracol o, más exactamente, dos escaleras de caracol entrelazadas. El término matemático para la forma es «hélice», de modo que el ADN era una doble hélice.

El libro de Watson con ese nombre explica la historia, con todos sus defectos, incluyendo su visión de las dificultades encontradas cuando intentaban tener acceso a los datos de Franklin y cómo Crick y él se las apañaron. Según él mismo admite, esto no fue el pináculo de la ética científica, pero estaba justificado por la necesidad apremiante de encontrar la estructura antes de que el ganador del Premio Nobel, Linus Pauling, se les adelantase. La

historia tuvo un trágico final: Franklin murió de cáncer, mientras que Crick y Watson, y en menor grado Wilkins, se llevaron la gloria. Cuando Crick y Watson publicaron la estructura de la doble hélice del ADN en *Nature* en 1953, señalaron que el hecho de que las bases se agrupasen en pares específicos sugería un modo obvio del ADN para copiarse, lo que era necesario tanto para la división celular como para transmitir la información genética de los padres a los hijos. La razón es que si sabes la mitad de un par, inmediatamente sabes cuál es la otra mitad. Si una mitad es A, la otra debe ser T; si una mitad es T, la otra debe ser A. Lo mismo ocurre para G y C. De modo que puedes imaginar algunos procesos químicos separando las dos hebras helicoidales, agregando la mitad que falta de cada par de bases y volviendo a enrollar en dobles hélices las dos copias resultantes.

Si piensas en la geometría, está claro que este proceso no puede ser sencillo, y puede que no haya una descripción paso por paso. Las hebras se enredan por razones topológicas, trata de separar hebras de un trozo de cuerda y pronto verás por qué.

Los bioquímicos tienen ahora pruebas consistentes de que el proceso actual implica a muchas otras moléculas, tipos de enzimas, cuya estructura, curiosamente, también está codificada en el ADN de los organismos.¹ Dos de estas enzimas, una helicasa y una topoisomerasa, desenrollan la doble hélice localmente (véase la figura 17). Luego las mitades que faltan de los pares de bases en las dos hebras separadas se reconstituyen, aunque no muy simultáneamente. Una hebra lidera y la otra está rezagada,

probablemente porque eso hace hueco para que la maquinaria molecular necesaria acceda y haga el trabajo. Después, otra enzima llamada ADN polimerasa rellena los pares que van juntos para la copia de la hebra adelantada, mientras una segunda ADN polimerasa hace lo mismo para la hebra retrasada. La ADN polimerasa hace sus copias en cadenas pequeñas llamadas fragmentos Okazaki. Luego otra enzima trabajadora más, la ADN ligasa, junta los fragmentos Okazaki.

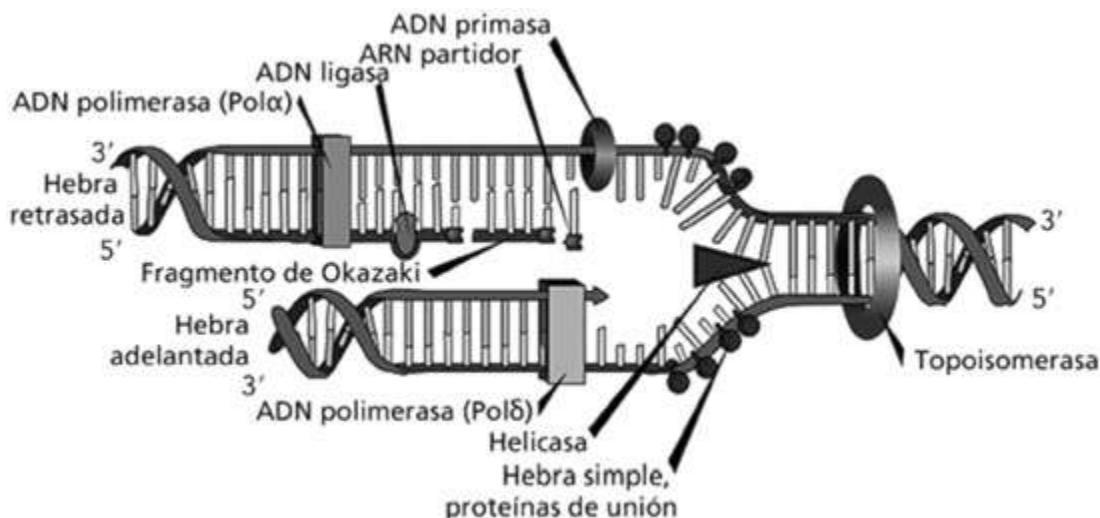


Figura 17. Cómo copiar una doble hélice de ADN. El proceso completo va de izquierda a derecha en la hélice.

Puedes ver por qué Crick y Watson mantienen sus especulaciones sobre la duplicación, pero también por qué sienten la necesidad de decir algo, ya que de otro modo, otra persona habría hecho la misma sugerencia obvia y reclamado el mérito. Y puedes ver por qué se tardó alrededor de cincuenta años en averiguar cuál era realmente el truco.

* * * *

Lo visto hasta ahora es cómo el ADN representa la «información» genética y cómo se copia la información para pasar de padres a hijos. Pero ¿qué significa la información?

La primera propuesta fue que el ADN es una receta para proteínas. Los organismos están hechos de proteínas, y más cosas, pero las proteínas son el constituyente más complejo, el más común y, podría decirse, el más importante. Las proteínas son cadenas largas de moléculas conocidas como aminoácidos y veinte de estos se dan en los organismos vivos. En una molécula real, la cadena se pliega de maneras muy complejas, pero la clave para hacer la cadena es especificar la secuencia de aminoácidos.

Poco después de la publicación de la estructura de la doble hélice de Crick y Watson, el físico George Gamow sugirió que el modo más probable en que las secuencias de ADN especificasen las secuencias de aminoácidos era con un código de tres letras. Su razonamiento era un experimento de pensamiento matemático. Usando las cuatro bases como letras, puedes formar cuatro palabras de una letra (A, C, G, T), $4 \times 4 = 16$ palabras de dos letras (AA, AC,..., TT) y $4 \times 4 \times 4 = 64$ palabras de tres letras (AAA, AAC,..., TTT). Usando una o dos letras tenemos un total de veinte posibles palabras, pero ¿cómo la química podría aclararnos que AA es una palabra de dos letras y no dos A separadas? Tiene más sentido usar palabras de una longitud fija, que tenían que ser al menos de tres letras ya que no había suficientes palabras de dos letras para especificar veinte aminoácidos. Al entrar en juego 64 palabras de tres letras, hay

cierta flexibilidad, por lo tanto parece muy poco eficiente usar más letras.

Una larga serie de experimentos brillantes probó que Gamow tenía razón y nos condujo a lo que ahora llamamos el código genético. Merece la pena analizar esto con detalle, porque muestra una mezcla misteriosa de patrones e irregularidades.

La tabla 5 enumera los veinte aminoácidos implicados y qué triplete de bases de ADN codifica cada aminoácido. Para llamar la atención sobre la estructura, he dividido los tripletes en cuatro bloques, según la primera letra, luego en cada bloque, la segunda letra es la misma para toda la fila y la tercera se corresponde con la columna. Los tripletes TGA, TAA, TAG y ATG son especiales. Los tres primeros no son el código de ningún aminoácido, pero detienen la conversión de los tripletes en aminoácidos. Cuando el cuatro triplete, ATG, está al principio de un gen, provoca que el proceso empiece, si no es así, es el código para la metionina.

Hablamos de «el» código genético porque exactamente el mismo código se aplica para las secuencias del ADN nuclear de prácticamente todo microorganismo conocido, plantas y animales. Hay un número muy pequeño de excepciones, casi todas ellas tienen asignado un aminoácido de los tres tripletes de terminación. También la mitocondria contiene su propio ADN y el código genético para el ADN mitocondrial tiene algunas pequeñas pero importantes diferencias.

TABLA 5. Los veinte aminoácidos implicados en el código genético y qué triplete de base de ADN es el código para cada aminoácido.

| | | | | | | | |
|-----|-----|-----|-----|-----|-------------|-----|-------------|
| TTT | Phe | TTC | Phe | TTA | Leu | TTG | Leu |
| TCT | Ser | TCC | Ser | TCA | Ser | TCG | Ser |
| TAT | Tyr | TAC | Tyr | TAA | TERMINACIÓN | TAG | TERMINACIÓN |
| TGT | Cys | TGC | Cys | TGA | TERMINACIÓN | TGG | Trp |

| | | | | | | | |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| CTT | Leu | CTC | Leu | CTA | Leu | CTG | Leu |
| CCT | Pro | CCC | Pro | CCA | Pro | CCG | Pro |
| CAT | His | CAC | His | CAA | Gln | CAG | Gln |
| CGT | Arg | CGC | Arg | CGA | Arg | CGG | Arg |

| | | | | | | | |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------------|
| ATT | Ile | ATC | Ile | ATA | Ile | ATG | Met/INICIO |
| ACT | Thr | ACC | Thr | ACA | Thr | ACG | Thr |
| AAT | Asn | AAC | Asn | AAA | Lys | AAG | Lys |
| AGT | Ser | AGC | Ser | AGA | Arg | AGG | Arg |

| | | | | | | | |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| GTT | Val | GTC | Val | GTA | Val | GTG | Val |
| GCT | Ala | GCC | Ala | GCA | Ala | GCG | Ala |
| GAT | Asp | GAC | Asp | GAA | Glu | GAG | Glu |
| GGT | Gly | GGC | Gly | GGA | Gly | GGG | Gly |

Alanina (Ala), arginina (Arg), asparagina (Asn), ácido aspártico (Asp), cisteína (Cys), ácido glutámico (Glu), glutamina (Gln), glicina (Gly), histidina (His), isoleucina (Ile), leucina (Leu), lisina (Lys), metionina (Met), fenilalanina (Phe), prolina (Pro), serina (Ser), treonina (Thr), triptófano (Trp), tirosina (Tyr), valina (Val)

Un código muy similar se aplica para la molécula hermana del ADN, el ARN (ácido ribonucleico), que entre otras cosas desempeña un papel clave en convertir el código del ADN en proteínas, un proceso

conocido como transcripción. El código en el ARN tiene exactamente la misma estructura, pero la timina (T) es reemplazada por una molécula parecida, uracilo (U). Con frecuencia verás U usada en el lugar de T en secuencias de datos.²⁸

El código genético contiene tanto indicios de orden misteriosos, como irregularidades desconcertantes. Hay más tripletes que aminoácidos, incluso si contamos las terminaciones y el inicio, de modo que los aminoácidos deben venir definidos por varios tripletes. El número más común es cuatro tripletes para un aminoácido, por ejemplo TCT, TCC, TCA, TCG son todos código para la serina (en la parte de arriba de la tabla). Aquí la tercera letra no nos dice nada nuevo, de modo que es redundante en lo que al código se refiere. Esta característica es común, ocho de las dieciséis filas en la tabla se corresponden a un aminoácido concreto. La tercera letra no podría eliminarse en todos los casos, porque la maquinaria química actual trabaja con tripletes. Pero este patrón sugiere que quizá hubo una vez un código más simple, usando pares de bases, y TC sería la serina. Más tarde, el código en sí mismo evolucionó.

Sin embargo, a la fenilalanina le corresponde TTT y TTC, pero a TTA y TTG les corresponde la leucina. Es como si el propio código genético también evolucionase, pero ¿cómo podía hacerlo y todavía «funcionar»?

²⁸ Las mitocondrias de animales o microorganismos, no en las plantas, usan UGA (U = uracilo) para codificar el triptófano más que ser una terminación. Cuando se traduce con la maquinaria molecular de las células, la síntesis se para donde debería ir el triptófano. Además, la mayoría de las mitocondrias de los animales usan AUA para la metionina, no para la isoleucina. Las mitocondrias de los vertebrados usan AGA y AGG como terminación y las mitocondrias en la levadura asignan todos los tripletes que empiezan con CU a la treonina en vez de a la leucina.

Hay cuestiones matemáticas en esto que tienen que ver con los cambios en los códigos y por qué ocurren, así como cuestiones biológicas. Cualquier cambio importante en el código debe haber sucedido en un primer momento, cuando las primeras muestras de vida estaban surgiendo en la Tierra, porque una vez la vida comienza, los cambios incluso en un nivel tan básico se vuelven cada vez más difíciles y deberíamos ver restos de códigos descartados en algún lugar del mundo de los seres vivos, aunque fuese en algunos organismos recónditos. Como he dicho, hay unas pocas excepciones al código genético estándar, pero parecen pequeños cambios recientes, no importantes y antiguos.

La «teoría del accidente congelado» plantea que el código genético fácilmente podría haber sido muy diferente. Un código diferente habría funcionado bien, pero cuando la vida empezó a diversificarse, cualquiera que fuese el código que existía no pudo sobrevivir a cambios importantes. Un código que inicialmente surgió por accidente se quedó congelado tal y como estaba una vez que las variantes no pudieron competir con el código establecido.

Sin embargo, hay indicios tentadores de que el código actual sería más «natural» que muchas alternativas. Hay afinidades bioquímicas entre aminoácidos particulares y tripletes particulares, de modo que el sistema completo habría sido predispuesto hacia alguna variante relativamente secundaria del código que encontramos hoy en día.

Se está intentando examinar la posible evolución de un código inicial, antes de que se quedase fijo, basándose en principios de simetría y un montón de otros usos especulativos de matemáticas y

física, e intentar reconstruir lo que fuera que sucediese hace alrededor de 3,8 miles de millones de años. Encontrar pruebas definitivas, cuando los datos del ADN para organismos con poco más de unas decenas de miles de años son imposibles de conseguir, será difícil. De modo que habrá tema para rato.

* * * *

El ADN proporcionó una fuente inesperada de evidencias independientes a favor de la evolución.

Antes de que Crick y Watson descubriesen la estructura del ADN, los taxonomistas habían convertido el plan de clasificación de Linneo en una descripción extensa de «El árbol de la vida», la supuesta ascendencia evolutiva de los organismos actuales, comparando las características anatómicas y el comportamiento de las criaturas existentes. Esta secuencia compleja de especies divergentes constituye una colección masiva de predicciones basadas en la teoría de la evolución. Lo que era necesario era un modo independiente de probar estas predicciones y fue exactamente lo que hizo la secuencia del ADN. Cuando técnicas apropiadas estuvieron disponibles, resultó que los organismos que se creían que estaban relacionados por la evolución, generalmente tenían secuencias de ADN parecidas. En algunos casos incluso es posible determinar un cambio genético específico que diferencia a las dos especies. Las crisopas son insectos voladores elegantes y delicados que abarcan 85 géneros y sobre 1.500 especies. En América del Norte, las dos especies más comunes son la *Chrysopa carnea* y la *C. downesi*. La primera es de un verde luminoso en primavera y

verano, pero marrón en otoño, mientras que la segunda es siempre verde oscuro. La primera vive en praderas y árboles de hoja caduca, la segunda vive en las coníferas. La primera cría dos veces, una vez en invierno y una vez en verano, la segunda solo se reproduce en primavera.

En libertad, los dos tipos no se aparean entre ellos, de modo que satisfacen la definición usual de especies distintas. Sin embargo, las diferencias genéticas entre ellas son pequeñas y muy específicas y centradas en tres genes. Uno controla el color y los otros dos controlan la época de cría a través de la respuesta de los insectos a las horas de luz al día, un mecanismo común que se encuentra en los insectos para asegurar que crían en la época adecuada del año. Estas diferencias genéticas inicialmente se dedujeron de experimentos de laboratorio en los cuales las dos especies se pusieron juntas, dándole la oportunidad de cruzarse.

La selección natural propone una explicación sencilla de estos hallazgos. Un insecto verde oscuro es menos visible en una conífera verde oscuro que uno verde claro. De modo que cuando las mutaciones oscuras aparecieron, la selección natural hizo efecto, las crisopas verde oscuro que viven en coníferas estaban mejor protegidas contra los depredadores que las verde claro y al contrario, las verde claro que viven sobre hierba verde claro están mejor protegidas que las verde oscuro. Una vez las dos especies incipientes acabaron ocupando hábitats separados, se acabó el cruce, no porque no fuese posible en principio, sino porque no están

juntas con mucha frecuencia. Los cambios adicionales referentes a la época de cría reforzaron este «aislamiento reproductivo».

El análisis detallado de un número realmente enorme de secuencias de ADN nos lleva a un Árbol de la vida que es muy similar al que ya se elaboró por razones puramente taxonómicas. La correspondencia no es perfecta, sería muy sospechoso si lo fuese, pero es sorprendentemente buena. De modo que las mutaciones de ADN se unieron a la historia, confirmando la mayoría de las secuencias evolutivas que los taxonomistas habían deducido de los fenotipos y proporcionando una prueba clara de las mutaciones genéticas subyacentes que permitieron los cambios fenotípicos.

El fósil de un conejo en el estrato geológico equivocado rebatiría la evolución. También lo haría un conejo moderno con el ADN equivocado.

* * * *

La supremacía de los genes se ha afianzado en nuestra conciencia colectiva hasta tal punto que las noticias a menudo hablan de «genética» cuando no hay ni genes ni ADN realmente involucrados. La imagen vívida y viciada pero no por ello absurda del «gen egoísta», introducida en el libro de Richard Dawkins del mismo título, ha capturado la imaginación pública.²⁹ La principal motivación para esta imagen es la existencia del llamado ADN basura,³⁰ que se replica con las partes importantes del genoma cuando un organismo se reproduce. A partir de esto, Dawkins

²⁹ Richard Dawkins, *El gen egoísta*, Salvat, Barcelona (2000).

³⁰ Se usa con el significado de «no entendemos que hace este trozo» y se acostumbra a confundir con «este trozo no hace nada».

razona que la supervivencia de un segmento de ADN es el único criterio para que se replique con éxito, de ahí el ADN «egoísta».³¹ Esto es, por supuesto, la vieja línea de pensamiento de «un pollo es solo una forma del huevo para criar un nuevo huevo», aderezada con lujosa alta tecnología. Es igualmente posible dar una explicación de la genética y la evolución desde un punto de vista de un organismo, siguiendo lo que el biólogo Jack Cohen y yo llamamos el «gen servil», obsesionado con actividades que no dañen las oportunidades de supervivencia del organismo.³² La metáfora del gen egoísta no es errónea, de hecho, es intelectualmente defendible como un punto de debate. Pero desvía nuestra atención más que aportar entendimiento. La relación entre genes y organismos es un circuito de retroalimentación; los genes influyen en el organismo a través del desarrollo, los organismos influyen en los genes (en la siguiente generación) a través de la selección natural. Es una falacia atribuir las dinámicas de este circuito a solo uno de sus componentes. Es como decir que el incremento de salario causa inflación, pero olvidar que el incremento de los precios alimenta las demandas para salarios más altos.

La imagen del gen egoísta también ha inspirado un tipo de determinismo genético bastante simplista, en el cual la única cosa que importa sobre los seres humanos son sus genes. La visión del gen como un dictador absoluto de la forma y comportamiento es bastante superficial si se tiene en cuenta la biotecnología actual,

³¹ Un malentendido rocambolesco, a veces inspirado por este término, es que tu ADN te hace egoísta.

³² Jack Cohen e Ian Stewart, *The Collapse of Chaos*, Viking, Nueva York (1994)

llamada «ingeniería genética». Cortando y ensamblando moléculas de ADN, es posible insertar nuevos genes en un organismo o eliminarlos, o al menos modificar los existentes. Los resultados son a veces beneficiosos: resistencia a la peste en plantas de cultivo agrícola, por ejemplo. Pero incluso esto puede tener efectos colaterales no deseados.

Dicha tecnología es polémica, especialmente cuando hablamos de alimentos modificados genéticamente. Hay buenas razones para esta controversia, pero ambos bandos han presentado algunos razonamientos persuasivos. Mi sentimiento es que sabemos suficiente sobre las matemáticas de sistemas complejos para ser muy cautelosos con modelos simplistas de cómo actúan los genes y este sentimiento está reforzado con la gran cantidad de cosas que no sabemos sobre los genes. No confiaría en un ordenador cuyo *software* ha sido *hackeado* por un genio de diez años, incluso si con el resultado tengo un salvapantallas bonito. Me preocuparía que algo se hubiese dañado sin querer cuando se pirateó el programa. Sería más probable que confiase en un programador profesional que realmente entienda del sistema operativo de los ordenadores. Pero justo ahora, los ingenieros genéticos realmente son tan solo piratas informáticos listos y nadie tiene mucha idea de cómo el «sistema operativo» genético funciona en realidad.

Con enormes cantidades de dinero en juego, la discusión ha empezado a polarizarse. Los que se oponen a la modificación genética son, con frecuencia, tachados de histéricos, incluso cuando hacen sus críticas de manera moderada y bien razonada. Las

compañías de biotecnología son acusadas de correr riesgos enormes para sacar beneficio, aunque algunos de sus motivos son más benévolos. Alguna gente niega que exista algún riesgo, otros lo exageran. Tras estas discusiones hay un problema científico serio que merece más atención. Para decirlo sin rodeos: nuestra comprensión actual de la genética es completamente insuficiente para valorar los probables beneficios, costes o daño potencial de la modificación genética.

Esto quizá parezca una reivindicación fuerte, pero los especialistas en genética están con frecuencia cegados por su propia pericia. Por saber mucho más sobre genes y su modificación que la oposición, caen en la trampa de pensar que lo saben todo. Sin embargo, la historia de la genética en su totalidad muestra que en cada etapa de su desarrollo, siempre que nuevos datos estuviesen disponibles, la mayoría de las teorías anteriores que se apoyaban con seguridad, se vienen abajo.

Solo hace unas pocas décadas, se pensaba que cada gen ocupaba un único segmento relacionado del genoma y que su localización era fija. Bárbara McClintock, una genetista de la Universidad de Cornell, hizo una serie de estudios del maíz y dedujo que los genes pueden estar encendidos o apagados y que a veces pueden moverse. Durante años sus ideas sobre los «genes que saltan» fueron ridiculizadas, pero estaba en lo correcto. En 1983, ganó el Premio Nobel por el descubrimiento de lo que ahora llamamos transposón, elementos genéticos móviles. Antes de que se hiciese la secuencia del genoma humano, una historia que contaré en el próximo

capítulo, la sabiduría popular era que un gen fabrica una proteína y como los humanos tenemos 100.000 proteínas, debemos tener 100.000 genes. Esto era más o menos considerado como un hecho. Pero cuando se obtuvo la secuencia, el número de genes era solo un cuarto de esa cantidad. Este descubrimiento inesperado hizo entender un mensaje que los biólogos ya sabían, pero que no habían considerado del todo; los genes pueden cortarse y se vuelven a ensamblar cuando las proteínas se están formando. Aprovechándose de este proceso, de media, cada gen humano fabrica cuatro proteínas, no una.

Cada derrota de la sabiduría tradicional se puede ver de un modo positivo, de este modo el conocimiento humano avanza y entendemos mejor las sutilezas de la vida. Pero hay un aspecto negativo también, la abrumadora confianza en que se ha comprendido perfectamente el sistema y que no van a aparecer grandes sorpresas, hasta el momento en que todo se hace pedazos. Esto no establece un precedente convincente.

La modificación genética tiene un potencial enorme, pero existe el peligro de que esto se desaproveche por poner en el mercado organismos experimentales prematuramente. El uso comercial de plantas en la alimentación que han sido modificadas genéticamente ya ha llevado a efectos adversos inesperados y ninguna de las plantas ha estado realmente a la altura del bombo publicitario que le precedió. La mayoría se retiraban rápidamente. Algunas que inicialmente parecían tener éxito, acababan teniendo problemas. Hay una tendencia entre las compañías de biotecnología a centrarse

en la seguridad alimenticia («nuestro cereal es perfectamente seguro»), donde se sienten cómodas. Tienden a ignorar los efectos potenciales en el entorno no deseado, especialmente los efectos de acción retardada, de los que tenemos un conocimiento lamentable, principalmente porque no entendemos los ecosistemas lo suficientemente bien. Ninguna cantidad de pericias genéticas mejorará eso.

No obstante, la seguridad es también una preocupación importante. La discusión de que la modificación genética simplemente hace más rápido y directamente lo que la mejora del cultivo de plantas hace lentamente y de modo indirecto no tiene sentido. La mejora del cultivo tradicional imita a la naturaleza formando nuevas combinaciones usando genes existentes, a través del funcionamiento de la maquinaria genética normal de la planta. La modificación genética lanza ADN ajeno de modo aleatorio al genoma, permitiéndole depositarse donde quiera que caiga. Pero el genoma de un organismo no es simplemente una lista de bases. Es un sistema dinámico muy complejo. Es ingenuo imaginar que hacer cambios a lo bruto aquí y allí solo tendrá los efectos obvios esperados.

Imagina coger un gen cuyo efecto, en su localización normal en su organismo normal, es fabricar una proteína que no tiene efectos negativos en los humanos, que es básicamente lo que significa «apto para el consumo». ¿Garantiza que será igualmente «apto» cuando se introduzca en un nuevo organismo? Al contrario, podría causar estragos porque con frecuencia no sabemos dónde se coloca la

nueva porción de ADN e incluso si lo sabemos, los genes se pueden mover. El nuevo gen quizá no se limite a fabricar la proteína deseada. Podría ser que ni siquiera la fabricase. Podría acabar dentro de otro gen, interfiriendo con la función del gen. Esta función podría ser hacer una proteína; si es así, o bien se fabrica la proteína que no se debe con posibles riesgos, o bien no se hace, con consecuencias para toda la planta. Peor, el recién llegado podría acabar en un gen regulador y la red de interacciones de los genes al completo podría estropearse.

Nada de esto es particularmente probable, pero es posible. Los organismos se reproducen, de modo que cualquier desastre puede propagarse y crecer. Tenemos el problema perenne de que un evento no es muy probable, pero podría hacer un daño enorme si pasase, con el añadido de que se puede reproducir.

En la carrera por el mercado, los experimentos han sido llevados a cabo a gran escala en un entorno natural, cuando las pruebas de laboratorio controladas habrían sido mucho más efectivas e informativas. El gobierno británico sancionó plantaciones a gran escala de plantas modificadas genéticamente cuyo objetivo era probar si su polen se extendía solo a unos pocos metros (como se esperaba) y asegurarse de que el nuevo gen no se incorporaría de manera espontánea a otras especies de plantas (*ídem*). Resultó que el polen se propagaba millas y el nuevo gen podía transferirse sin dificultad a otras plantas. Efectos como este podrían, por ejemplo, crear variedades de malas hierbas resistentes a los pesticidas. Con el tiempo, el experimento había revelado que el saber popular estaba

equivocado, no había modo de recuperar el polen o sus genes. Pruebas sencillas en el laboratorio, como aplicar polen directamente en las plantas, podrían haber establecido los mismos hechos de manera más económica sin liberar nada en el entorno. Era un poco como probar una nueva sustancia química ignífuga rociándola en una ciudad y prendiéndole fuego, con el añadido de que el «fuego» podría extenderse de modo indefinido si, contrariamente a las expectativas, prendía.

Es muy fácil imaginar que el genoma es un lugar tranquilo y ordenado, un almacén de información que puede cortarse y pegarse de un organismo a otro, solo realizando «la función» que los genetistas esperan que realice. Pero no es así, es el caldo de cultivo de interacciones dinámicas, de las cuales entendemos solo una pequeñísima parte. Los genes tienen muchas funciones, además, la naturaleza puede inventar nuevas. No llevan una etiqueta «USAR SOLO PARA HACER LA PROTEÍNA X».

Seguir haciendo investigación en la modificación genética y, de vez en cuando, usarla con éxito al modificar organismos para un propósito específico tal como la producción de medicinas caras, tiene sentido. Ayudar a los países en desarrollo a producir más comida es un objetivo digno, pero a veces suele ser una excusa para una agenda alternativa o un modo práctico de demonizar al adversario. No hay duda de que la tecnología necesita una regulación mejor, yo encuentro extraño que las pruebas de seguridad estándar en la alimentación no sean necesarias, amparándose en que las plantas no han sido cambiadas de un

modo significativo, pero que las innovaciones son tan buenas que merecen la protección de la patente, contrario al viejo acuerdo de que objetos y sustancias de origen natural no pueden ser patentados. O bien es nuevo y necesita hacer las pruebas como todo lo demás, o no lo es, y no debería ser patentable. También resulta alarmante, en una época en que los patrocinadores lucen sus logos en las camisetas de los deportistas y las pantallas de televisión, que la industria de la biotecnología haya librado una campaña política larga y pesada para prevenir cualquier mención de sus productos como comida. La razón es muy clara, evitar cualquier peligro de un boicot por parte del consumidor. Pero los consumidores están siendo alimentados a la fuerza y con eficacia con productos que quizás no querían y cuya presencia se está ocultando.

Nuestro entendimiento actual de la genética y la ecología es inadecuado en lo que se refiere al uso extenso de organismos modificados genéticamente en el medio ambiente o la agricultura. ¿Por qué asumimos el riesgo de distribuir este material cuando los posibles beneficios para la mayoría de nosotros, a diferencia de los beneficios a corto plazo para las compañías de biotecnología, son minúsculos o inexistentes?

* * * *

Una vez se pensó que el ADN del organismo contenía toda la información que se necesitaba para determinar su forma y comportamiento. Ahora sabemos que no es el caso. El genoma, por supuesto, influye mucho, pero otros tantos factores pueden afectar al desarrollo del organismo. Colectivamente, se conocen como

características epigenéticas. La palabra epigenética significa «encima de la genética». Se refiere a los cambios en el fenotipo, o expresión del gen, que pueden pasarse a la siguiente generación pero no residen en el ADN.

Entre los primeros procesos epigenéticos que se descubrieron estaba la metilación del ADN. En él, una región del ADN adquiere unos pocos átomos extra, un grupo metilo. Esto provoca que una base citosina se transforme en una molécula bastante afín, 5-metilcitosina. Esta forma modificada de la citosina todavía forma par con la guanina en la doble hélice del ADN, pero tiende a «apagar» esa región del genoma, con el resultado de que las proteínas que estaban siendo codificadas se producen en cantidades más pequeñas.

Otra interferencia es la del ARN. Este notable fenómeno es tremadamente importante, aunque no fue descubierto en uno de los principales programas de investigación, varios biólogos descubrieron el efecto de manera independiente. Uno de ellos fue Richard Jorgensen. En 1990 su equipo de investigación estaba trabajando con petunias, esperando cultivar nuevas variedades con colores más vivos. Empezaron intentando una modificación genética obvia, manipulando copias extra del gen que produce el pigmento en el genoma de las petunias. Obviamente, más enzimas producirían más pigmento.

Pero no fue así. No produjeron menos pigmento, tampoco. En vez de eso, obtuvieron petunias a rayas.

Finalmente, resultó que algunas secuencias de ARN pueden apagar un gen y con ello se detiene la producción de proteínas. Las rayas aparecieron porque los genes de pigmentación se activaron en algunas células y se apagaron en otras. Esta «interferencia del ARN» resultó ser muy común, lo que abrió la posibilidad al encendido y apagado de genes deliberadamente, que sería importante en la ingeniería genética. Más fundamentalmente, cambia cómo los biólogos ven la actividad de los genes.

La imagen ortodoxa, como he dicho, era que cada gen hace una proteína y cada proteína tiene una función en el organismo. Por ejemplo, el gen de la hemoglobina fabrica hemoglobina y la hemoglobina transporta oxígeno en la sangre y lo libera donde es necesario. De modo que una secuencia específica en un organismo de ADN puede ser traducida directamente en una característica del organismo. Pero como el especialista en genética John Mattick escribió en *Scientific American*:³³

Las proteínas desempeñan un papel en la regulación de la expresión genética eucariota, aunque un sistema regulador paralelo y oculto consistente en ARN, que actúa directamente sobre el ADN, los ARN y las proteínas, está también trabajando. Esta red señalizada de ARN ignorado podría ser lo que, por ejemplo, permite a los humanos lograr una complejidad estructural mucho más allá de nada visto en el mundo unicelular.

³³ John S. Mattick, «The hidden genetic program of complex organisms», *Scientific American*, octubre 2004, 291(4), 60-67.

Algunos efectos epigenéticos implican ADN, pero en organismos diferentes. En los mamíferos, por ejemplo, las etapas tempranas del desarrollo de un óvulo las controla no el ADN del óvulo, sino el de la madre. Esto tiene bastante sentido, porque permite a un organismo en total funcionamiento reactivar el crecimiento de la siguiente generación. Pero significa que la etapa clave en el crecimiento de, por ejemplo, una vaca, no está controlada por el ADN de la vaca. Está controlado por el ADN de otra vaca.

Incluso más ampliamente, algunas cosas pueden ser transmitidas de padres a hijos a través de interacciones culturales más que genéticas. Este efecto es muy común en los humanos, adquirimos nuestro lenguaje de nuestra cultura, nuestras creencias religiosas o carencia de ellas y muchas otras cosas que nos hacen humanos. Pero ratas, perros y muchos otros animales adquieren su comportamiento por interacciones culturales parecidas.

* * * *

Cuando el código genético se descubrió, el ADN se veía como un tipo de anteproyecto. Una vez tú posees un proyecto de ingeniería de, por ejemplo, un avión, entonces cualquier ingeniero competente será capaz de decirte cómo hacerlo. Una vez posees «la información» para «fabricar» un animal, puedes «fabricar» ese animal. Y si puedes fabricarlo, debes saber todo lo que hay que saber sobre él.

Es lógico.

Bien, no lo es. Decirlo así, sin rodeos, suena como una exageración obvia, un juego de palabras en el que diferentes significados de la

palabra «información» se confunden. Ni siquiera funciona para ingeniería. Necesitas mucho más que un «anteproyecto» para construir un avión. Necesitas saber todos los conocimientos de ingeniería que están implícitos en el anteproyecto. Necesitas saber cómo fabricar los componentes, cómo escoger y obtener materiales adecuados y necesitas las herramientas correctas.

Funciona incluso peor en la biología, donde los «conocimientos» análogos están implícitos en el modo en que los organismos funcionan. No puedes hacer una cría de un tigre del ADN de un tigre. Necesitas a la madre tigre, también, o, al menos, necesitas saber cómo la madre tigre hace su trabajo. E incluso si esto estuviese implícito en su ADN (que no lo está debido a los efectos epigenéticos), tendrías que hacer lo implícito, explícito. A pesar de eso, la visión del ADN como el Rey condujo a progresos enormes en biología. Ese, y los descubrimientos asociados sobre moléculas biológicas, son una razón importante por la que en la actualidad los médicos pueden realmente curar muchas enfermedades. Para generaciones anteriores, esto era esencialmente imposible.

Las secuencias genéticas codificadas en el ADN son una gran parte de «el secreto de la vida». Si no eres consciente del papel del ADN, si no sabes qué aspecto tiene la secuencia, te estás perdiendo una parte muy grande de la imagen. Es como tratar de imaginar cómo funciona la sociedad actual cuando no sabes lo que es un teléfono.

Pero el ADN no es el único secreto.

Averiguar esto llevó mucho tiempo y fue mucho más desalentador. Cuando has hecho un avance tan grande, uno que te lleva muy lejos

en comparación con todo lo que has hecho antes, es frustrante descubrir que abrir una caja llena de secretos y levantar su tapa no es como la caja de Pandora y desvelar todo tipo de insectos molestos y viles criaturas, tan solo desvela... otra caja cerrada dentro.

Capítulo 8

El libro de la vida

En 1990, los genetistas del mundo se embarcaron en el programa más ambicioso de investigación en biología que jamás se ha visto, que muchos comparan en su escala al proyecto de la era Kennedy del viaje del hombre a la Luna. Los biólogos aspiraban a estar en los *rankings* de ciencia importante, anteriormente ocupados principalmente por la física de partículas, la física nuclear y los astrónomos, donde los gobiernos estaban dispuestos a gastar miles de millones de dólares y no solo unos pocos millones. Este propósito económico era explícito, pero el objetivo científico era impecable e importante: la secuencia del genoma humano, esto es, obtener la secuencia completa de las bases de ADN en un humano típico. Se sabía que había en torno a tres mil millones, de modo que la tarea era difícil y cara, pero factible. A medida de los grandes retos de ciencia.

El proyecto surgió de una serie de trabajos apoyados por el Departamento de Energía de Estados Unidos, que empezaron en 1984 y de los que se obtuvo un informe en 1987.³⁴ Esto fijó la meta de hacer la secuencia del genoma humano, señalando que este objetivo era «tan necesario para continuar progresando en medicina y otras ciencias de la salud, como el conocimiento de la anatomía

³⁴ Las agencias gubernamentales de Estados Unidos tienen un gran registro de seguimiento de fondos de investigación que parecen fuera de sus competencias naturales. El proyecto estaba dirigido por un subcomité especial de salud del Departamento de Energía y el Comité Asesor de Investigación Medio Ambiental.

humana lo ha sido para la situación actual de la medicina». En los medios de comunicación populares, los biólogos estaban buscando el Libro de la Vida.

En 1990, el Departamento de Energía y el Instituto Nacional de Salud de Estados Unidos anunciaron un proyecto de 3.000 millones de dólares, un dólar por par de bases. Varios países se unieron a Estados Unidos para crear un consorcio: Japón, Reino Unido, Alemania, Francia, China e India. En esa época, encontrar incluso una secuencia pequeña de ADN llevaba mucho tiempo y era laborioso, y se estimó que el proyecto duraría quince años. Esta estimación no fue muy mala, a pesar de las grandes mejoras en la tecnología. Sin embargo, una pieza que entró tarde en juego demostró que el proyecto entero podría haberse completado en tres años aproximadamente, por una décima parte de los costes, destinando más energías en pensar y menos en bioquímica complicada. En 1998, Craig Venter, un investigador del Instituto Nacional de Salud, fundó su propia compañía, Celera Genomics, y se propuso obtener toda la secuencia independientemente usando 300 millones de dólares que aportaron inversores privados.

El Proyecto Genoma Humano (PGH) financiado públicamente publicaba sus nuevos datos diariamente y anunció que todos sus resultados estarían disponibles sin restricción. Celera publicaba sus datos anualmente y anunció su intención de patentar algunos de ellos, unos pocos cientos de genes. Llegado el momento, Celera inició patentes preliminares de 6.500 genes o parte de ellos. Estos derechos de propiedad intelectual eran los que, con suerte, pagaría-

a los inversores. Una consecuencia era que los datos de Celera no estarían disponibles para el uso de todos los investigadores; así, el acuerdo inicial de la compañía de compartir datos con PGH se fue al traste cuando Celera rechazó almacenar sus datos en la base de datos de acceso público GenBank. Pero Celera usó datos de PGH como parte de sus propios resultados, bueno, eran públicos.

Para proteger la cesión libre de datos científicos vitales, PGH tomó medidas para publicar sus datos primero, lo cual, sujeto a discusiones legales, constituiría «estado de la técnica» e invalidaría las patentes de Celera. Llegado el momento, PGH publicó la secuencia «final» unos pocos días antes que Celera. Para entonces, el presidente Bill Clinton ya había manifestado que no permitiría que la secuencia del genoma se patentase, y el valor en el mercado de Celera se desplomó. En bolsa, el NASDAQ, sobrecargado con compañías de biotecnología, perdió decenas de miles de millones de dólares.³⁵

En el año 2000, Bill Clinton y Tony Blair anunciaron al mundo que se había obtenido un «borrador del genoma». Al año siguiente, tanto PGH como Celera publicaron borradores que estaban alrededor del 80% del total. Un genoma «esencialmente completo» fue anunciado por ambos grupos en 2003, aunque había desacuerdos sobre el significado de esta frase, pero mejoras alcanzadas en 2005 llevaron a alcanzar un 92% de la secuencia completa. La principal etapa del programa era la secuencia completa de los cromosomas (recordar

³⁵ En 2010, una corte de Estados Unidos dictaminó que nueve patentes presentadas por una compañía llamada Myriad, relacionadas con los genes del cáncer de mama BRCA1 y BRCA2, eran inválidas. Mientras escribo esto, la decisión está siendo apelada.

que los humanos tenemos 23 pares de ellos). La secuencia del cromosoma humano final se publicó en *Nature* en 2006.

En 2010, la mayoría de los huecos en la secuencia habían sido cubiertos, aunque quedaba un número significativo. Lo mismo ocurre con numerosos errores. Un grupo de entregados genetistas ha asumido la tarea de llenar los huecos y eliminar los errores en regiones supuestamente conocidas. Esto es esencial desde un punto de vista científico, pero no obtendrán demasiado reconocimiento por ello porque los nuevos y excitantes objetivos son otros. Su devoción a la ciencia es admirable.

* * * *

¿Cómo «lees» la secuencia de una molécula tan grande como el ADN? No empezando por un extremo y siguiendo a lo largo hacia el otro.³⁶ Las actuales técnicas de secuenciación no funcionan para moléculas gigantes, normalmente usan tramos de 300-1.000 bases de ADN. Al revés, esta restricción es obvia, aunque no su implementación: romper la molécula en fragmentos, secuenciarlos y luego pegarlos en el orden correcto.

El primer método de secuenciación efectivo se remonta a 1976 y se debe a Allan Maxam y Walter Gilbert. La idea era cambiar la estructura de la molécula del ADN en bases específicas y añadir una «etiqueta» radiactiva en uno de los extremos de cada fragmento. Luego, cuatro procesos químicos diferentes identificarían los cuatro

³⁶ Al menos no todavía. Pero la nanotecnología descubre la posibilidad de tirar de una hebra de ADN usando un aparato que podría leer una por una las bases aprovechándose de diferencias sutiles en sus propiedades electrónicas. Algunos progresos ya se han hecho, el último es hacer un pequeño agujero en una capa de grafeno, que es un panal plano de átomos de carbono.

tipos de base. Habría sido ingenioso y claro si estos procesos pudiesen cortar las hebras en A, C, G y T respectivamente, pero la química no funciona así. En vez de eso, dos procesos crearon cortes en bases específicas, C y G, mientras que las otras son un poco ambiguas: crearon cortes en una u otra base, A o G y C o T. No obstante, si conocías los datos de «A o G» y los datos de G, podías deducir si el corte de «A o G» era A o era G, y lo mismo para los cortes «C o T». Sabiendo qué tipo de base se encuentra en el corte, y usando las etiquetas radiactivas para poner los fragmentos en orden permitiéndoles esparcirse por una hoja de gel, podrías deducir las secuencias de las bases. Este método se llama electroforesis en gel, porque pasas una corriente eléctrica a través del gel para hacer que las moléculas se esparzan.

El siguiente avance fue el método de terminación de la cadena, también llamado método de Sanger en honor a su inventor, Frederick Sanger. Este procedimiento también crea fragmentos de varias longitudes que son, de modo similar, esparcidos en un gel para ponerlos en orden. El paso ingenioso es dar un tinte fluorescente a las etiquetas moleculares (verde para A, azul para C, amarillo para G, rojo para T) y leer estas automáticamente usando métodos de óptica.

Esta técnica funciona bien para hebras de ADN relativamente cortas, hasta más o menos mil bases, pero se hace imprecisa para hebras más largas. Se han concebido numerosas variaciones técnicas en el método de terminación de la cadena para hacer más eficiente y más rápido el proceso. Se han desarrollado métodos

estadísticos para mejorar su precisión en casos en los que el trozo de tinte fluorescente es un poco débil o borroso. Secuenciadores automáticos de ADN pueden procesar 384 muestras de ADN de una sola vez y pueden realizar uno de estos procesos por hora. Así que en un día puedes secuenciar sobre nueve mil hebras, un poco menos de diez millones de bases por secuenciador al día. A medida que la experiencia crece y la demanda de nuevas secuencias incrementa, estos números aumentan rápidamente.

* * * *

En esta etapa hay una compensación entre dos aspectos del problema. Crear puntos de ruptura y secuenciar los fragmentos resultantes es una cuestión bioquímica. Cuanto más listo seas al romper la molécula, más fácil será reensamblar las piezas. Si cortas las cadenas en puntos «conocidos» y haces un seguimiento de qué piezas estaban a sus lados, entonces volver a unirlas es, en principio, sencillo. Es como marcar los finales correspondientes de los fragmentos con etiquetas que encajan la una con la otra.

Si los puntos de ruptura convenientes existiesen siempre, este método sería muy efectivo. Pero con frecuencia no existen y entonces se necesita una alternativa. Tanto PGH como Celera usaron el método de secuenciación por fuerza bruta. Este rompe la hebra en fragmentos aleatorios. Se secuencia cada fragmento, luego se encajan unos con otros usando técnicas matemáticas implementadas en ordenadores potentes. El método funciona porque los fragmentos aleatorios a veces se superponen donde un

trozo del ADN ha sido cortado en dos puntos diferentes. Estas superposiciones dicen cómo encajar las piezas.

Simplificando mucho los términos, funciona así. Supongamos que tenemos dos trozos:

CCTTGCCAAA y TGTGTGAACC

Y sabes que tienen que estar juntos pero no en qué orden. Entonces tienes que decidir si la unión correcta es:

CCTTGCCAAATGTGTGAACC

o

TGTGTGAACCCCTTGCCAAA

Si tienes un fragmento que se superpone que se lee:

GAACCCCTTG

Entonces encaja con la segunda posibilidad:

TGTGTGAACCCCTTGCCAAA

Pero no con la primera. En la práctica, tienes un montón de estos fragmentos y una variedad de información sobre posibles modos de reordenarlos. Y los fragmentos son mucho más largos, que ayuda

más que entorpecer, porque las superposiciones pueden ser largas y por lo tanto menos ambiguas.

De nuevo, hay muchos modos diferentes de llevar a cabo esta estrategia para secuenciar hebras largas de ADN. Todas ellas dependen mucho de los ordenadores para hacer los cálculos matemáticos y para manejar las grandes cantidades de datos, pero tiene que invertirse mucho pensamiento matemático en saber qué es lo que los ordenadores mandan hacer. Un ejemplo sencillo de dichos métodos es el llamado algoritmo voraz. Dada una colección de fragmentos, muchos de ellos que se superponen, primero encuentra el par de fragmentos con la mayor superposición. Únelos en una única cadena y reemplázalos por esta nueva cadena. Repite este proceso. Finalmente, muchos de los fragmentos se habrán fusionado en una única cadena y, si hay suficientes superposiciones, todos ellos. Este método no siempre genera la cadena más corta que concuerde con todos los fragmentos y puede no dar el ensamblaje correcto. Es también computacionalmente ineficiente porque, en cada etapa, hay que calcular todos los tamaños de las superposiciones para todos los pares de fragmentos. Como muestra, con números más pequeños, supongamos que los fragmentos son:

TTAAGCGC CCCCTTAA GCTTTAAA TCCCCCCA

La mayor superposición se da entre CCCCTTAA y TTAAGCGC, que, por lo tanto, se unen en CCCCTTAAAGCGC y esta reemplaza a las

dos primeras secuencias de la lista. La mayor superposición ahora es con CCCCTTAAGCGC y GCTTTAAA, que se fusionan para dar CCCCTTAAGCGCTTAAA. La cuarta secuencia de la lista no se superpone con esto, de modo que se queda suelta hasta que se obtengan más datos.

El PGH invirtió la mayoría de su dinero en el paso de la bioquímica y primero rompió el genoma, cortándolo en puntos específicos, en secuencias de alrededor de 150.000 bases. Se requiere mucho esfuerzo para encontrar las enzimas que hagan que los cortes sean apropiados y a veces estas resultan escurridizas. Luego cada uno de estos fragmentos se secuencia por el método de secuenciación por fuerza bruta. Celera invirtió todo su dinero en el paso matemático y aplicó el método de secuenciación por fuerza bruta en todo el genoma humano. Luego usó un gran número de máquinas de secuenciación para encontrar las secuencias de ADN de los fragmentos y las ensambló con el ordenador.

Se puede usar de modo inteligente la química para simplificar las matemáticas, o usar de modo inteligente las matemáticas para simplificar la química. El PGH siguió el primer enfoque, Celera el segundo. El segundo resultó ser el más barato y más rápido, principalmente gracias a la gran potencia de los ordenadores actuales y al desarrollo de métodos matemáticos muy logrados. Que esta opción era la acertada no era del todo obvio al principio, debido a los datos que Celera usó del PGH en su proceso de ensamblaje. Pero a medida que más y más genomas se secuenciaban, se hacía

más claro que la fuerza bruta en el genoma entero era el modo de proceder, al menos hasta que algo mejor apareciese.

Hoy en día, secuenciar genomas se ha convertido en casi una rutina. Es raro que pase una semana sin que se anuncie que se ha secuenciado un nuevo organismo, sobre 180 especies hasta la fecha. La mayoría son bacterias, pero también está el mosquito responsable de infectar a los humanos con malaria, la abeja, el perro, el pollo, el ratón, el chimpancé, la rata y el pez globo japonés moteado. Cuando escribo, la última secuenciación es una esponja, cuya secuencia podría arrojar algo de luz acerca del origen de las eucariotas.

En *Parque Jurásico*, los dinosaurios volvían a la vida gracias a la secuenciación de su ADN, extraído de la sangre que había ingerido un mosquito que se había conservado en ámbar. Esta técnica de la ficción no funciona en la vida real, porque el ADN antiguo se degrada demasiado rápido, pero en los últimos años, algo parecido se ha hecho con ADN que tiene decenas de miles de años. En particular, el conocimiento sobre el genoma Neandertal está, en la actualidad, creciendo. Los Neandertales eran una forma de homínido más robusta que coexistió con los primeros seres humanos modernos, hace entre 130.000 y 30.000 años aproximadamente. Hasta hace poco, algunos taxonomistas los habían considerado como una especie distinta, *Homo neanderthalensis*, mientras que otros los habían clasificado como una subespecie del *H. sapiens*, el *H. sapiens neanderthalensis*. En la actualidad se sabe que alrededor del 4% de la gente que vive hoy

en día tiene algunas secuencias de ADN derivadas del genoma Neandertal, transmitido a través de un macho Neandertal y una hembra humana moderna. De modo que el ADN apoya la clasificación de subespecie.

* * * *

La palabra «gen» se usa como si todo el mundo supiese qué significa. Los genes hacen lo que eres. Explican todo sobre ti. Los genes te hacen gordo, homosexual, causan enfermedades, controlan tu destino.

Los genes son mágicos. Los genes hacen milagros.

Merece la pena distinguir dos usos de la palabra «gen». Uno es muy limitado: un gen es una porción del genoma (no necesariamente en una pieza conectada) que codifica una o más proteínas. No hace tanto, la sabiduría tradicional habría eliminado el «o más», pero el Proyecto Genoma Humano reveló que aunque tenemos 100.000 proteínas diferentes en nuestro cuerpo, vienen dadas por solo 25.000 genes. Los genes a menudo están en varios trozos y las secuencias de aminoácidos que estas piezas especifican pueden ensamblarse unas con otras de muchos modos diferentes. De manera que el mismo gen puede, y con frecuencia lo hace, codificar varias proteínas diferentes.

El segundo uso de «gen» es extraordinariamente amplio. Surge de las actividades de neo-darwinistas, que reinterpretaron la evolución de Darwin en términos del ADN. Esta aproximación tiene un valor científico enorme, pero algunas de las interpretaciones asociadas con ella son cuestionables y, desafortunadamente, estas

interpretaciones se han convertido en moneda de uso común, mientras que solo los especialistas entienden la ciencia subyacente. En su célebre obra maestra *El relojero ciego*, Richard Dawkins definió la frase «un gen para X» con el significado de «cualquier tipo de variación genética que afecta a X». En este caso X se refiere a cualquier característica de un organismo, el ejemplo de Dawkins es «atarse los cordones».

La definición es más o menos defendible, aunque aparecen problemas cuando X es «tener una madre de ojos azules». En la práctica «afecta a X» se interpreta como «cambios en los genes que están correlacionados con cambios en X», porque causa y efecto, a menudo, son difíciles de establecer. Los niños de madres de ojos azules de hecho presentan una variación genética que está en correlación con tener una madre de ojos azules, de modo que en ese sentido «tienen un gen para tener una madre de ojos azules». Pero en el sentido más estricto, el gen que importa está realmente en la madre, los hijos muestran la variación genética porque a veces heredan ese gen.

Incluso ignorando dichos ejemplos, la segunda definición de «gen», más abstracta, puede causar problemas si se confunde con la primera definición, más concreta. Como era de esperar, eso es exactamente lo que sucede. Mucha gente ahora asume que nuestras peculiaridades en la conducta y la predisposición a varias enfermedades pueden ser debidas a secuencias específicas de ADN en nuestra composición genética. Los periódicos informan de genetistas que encuentran «el gen para» un algo que puede llevarnos

a creer que el algo en cuestión está, de algún modo, escrito en nuestros (en algunos de ellos) genes. Hay genes, nos han dicho, para los ojos azules, fibrosis quística, obesidad, búsqueda de la novedad, susceptibilidad a la adicción a la heroína, dislexia, esquizofrenia y sensibilidad emocional. Los análisis de gemelos idénticos separados al nacer sugieren que los genes podrían incluso determinar con qué tipo de persona te casarás y qué marca de coche comprarás.

En algún lugar en mis genes, por lo que parece, dice «Toyota». Encuentro esto muy curioso, porque según mi certificado de nacimiento mis genes existen desde 1945, pero Toyota no hizo exportaciones significativas a Reino Unido hasta la década de los setenta.

Se han anunciado, a bombo y platillo, presuntos «genes para» la esquizofrenia, alcoholismo y la agresividad, y luego, sin hacer ruido, se han retractado cuando pruebas posteriores fracasan en dar respaldo a la afirmación inicial. La ubicación de un gen para el cáncer de mama se ha reivindicado varias veces, no siempre correctamente. Las compañías de biotecnología han luchado en los tribunales por derechos en las patentes de genes que se pensaba que incrementaban el riesgo de contraer varias enfermedades.

En 1999, el periódico *The Guardian* publicó un artículo bajo el titular de «‘Gay gene’ theory fails blood test»³⁷ («La ‘teoría del gen gay’ suspende el análisis de sangre»). La historia empezó en 1993, cuando un segmento del cromosoma humano conocido como Xq28,

³⁷ T. Radford, «‘Gay gene’ theory fails blood test», *The Guardian*(23 de abril de 1999), 11.

heredado de la madre, se relacionó con la homosexualidad masculina. Las pruebas iniciales provenían de un estudio de gemelos y hermanos homosexuales llevado a cabo por Dean Hamer entre otros, que concluía que los hombres homosexuales tienden a tener más parientes gay, por parte de la madre, que los que tienen los hombres heterosexuales.³⁸ Más tarde, varios investigadores encontraron que en las 40 parejas de hermanos homosexuales, las similitudes genéticas en la región Xq28 eran mayores de lo esperado. Este hallazgo causó sensación en los medios a escala mundial y el «gen gay» parecía que estaba asentado en bases científicas sólidas, incluso aunque ningún científico jamás afirmase haber precisado nada sobre ni un solo gen.

El profético segmento de cromosoma Xq28 jugó un importante papel en el libro de Hamer, *Living with Our Genes* (*Vivir con nuestros genes*), pero incluso antes de que se publicase, afloraron serias dudas. En particular, otros investigadores no podían reproducir exactamente los resultados de Hamer. En 1999, la revista *Science* publicó un artículo de George Rice y otros investigadores, que examinaban la sangre de 52 parejas de hermanos y trataban de confirmar la relación entre Xq28 y la homosexualidad. Afirmaron que: «Nuestros datos no apoyan la presencia de un gen con gran efecto en la influencia de la orientación sexual en la posición Xq28».³⁹

³⁸ . D.H. Hamer, S. Hu, V.L. Magnusson, N. Hu y A.M. Pattatucci, «A linkage between DNA markers on the X chromosome and male sexual orientation», *Science* 261 (1993), 321-327.

³⁹ G. Rice, C. Anderson, N. Risch y G. Ebers, «Male homosexuality: absence of linkage to microsatellite markers at Xq28», *Science* 284 (1999), 665-667.

Esta conclusión negativa permanece vigente hoy en día. De hecho, el papel de genes individuales para determinar caracteres humanos a gran escala, a la que nos encontramos en un nivel humano, parece ser muy pequeño. Dejando de lado unas pocas conexiones directas, tales como el color del pelo o de los ojos, la relación entre cualquier gen en concreto y un carácter al nivel de los humanos es prácticamente inexistente. Como prueba, consideremos la altura. No hay duda de que los genes de la gente desempeñan un papel importante en determinar su altura, padres altos suelen tener hijos altos. De modo que no sorprende que, hasta la fecha, la altura sea el carácter que se ha encontrado que tiene una estrecha correlación con la presencia o ausencia de un único gen (de nuevo exceptuando el color y aspecto del pelo). Sin embargo, lo que sorprende es el alcance en el cual este gen en particular afecta a la altura. Se tiene en cuenta para un sorprendente... 2% en la variación de la altura. Y esta es la mayor correlación entre un único gen y un carácter humano.

¿Cómo pueden dos estudios competentes, ambos usando métodos parecidos, llevar a unos resultados tan diferentes? No estoy sugiriendo que los científicos implicados actúasen de un modo indebido. Pero hay un mecanismo que puede fácilmente llevar a este tipo de resultados contradictorios, incluso aunque los experimentos se hayan realizado de manera honesta y competente. Esto viene de una sutil mala interpretación de las estadísticas.

Los métodos estadísticos se usan para calcular correlaciones entre dos conjuntos de datos. Por ejemplo, enfermedades cardíacas y

obesidad en humanos suelen estar asociadas. El grado de la correlación se puede calcular matemáticamente, su significado estadístico es una medida de lo probable que es para una correlación haber surgido por puro azar. Si, por ejemplo, el nivel de correlación se da un 1% de las veces en conjuntos de datos escogidos aleatoriamente, entonces se dice que la correlación es significativa en un nivel de confianza del 99%.

La extensa disponibilidad de *software* ha convertido en prácticamente fluido un procedimiento que hace no mucho necesitaba días de trabajo en un dispositivo de cálculo de mesa, lo que podríamos llamar la aproximación «dispersa» para correlaciones significativas entre genes y caracteres. Supón que empiezas con una lista de genes, o segmentos de ADN o regiones del genoma, y una lista de caracteres en una muestra de gente. Ahora preparas una gran tabla, llamada matriz de correlación, para encontrar las asociaciones más importantes. ¿Con qué frecuencia están las enfermedades hepáticas asociadas con el gen Visigoth? ¿Con qué frecuencia está asociado el ser bueno en fútbol con el gen BentSquirrel5? (Estoy inventando los nombres de los genes... espero.) Después de haber hecho esto, escoges la mayor asociación que puedas encontrar y revisas los datos relevantes con el paquete estadístico para calcular lo significativos que son. Entonces declaras que esta asociación es estadísticamente significativa con el nivel que hayas calculado y publicas ese resultado en particular, a la vez que ignoras todos los otros pares de variables que has observado.

¿Qué está mal? ¿Por qué el siguiente estudio no encuentra dicha asociación? ¿Por qué no deberíamos esperar confirmación? Porque has escogido un par de conjuntos de datos que están, de modo poco usual, muy correlacionados. A continuación, finges que has llegado a ella por azar. Es como revisar la baraja para encontrar el as de espadas, ponerlo sobre la mesa y presumir que has logrado una hazaña que tiene una probabilidad de 1/52.

Supón que estás observando diez genes y diez caracteres. Eso nos da cien pares. De estas cien correlaciones, dada una variación aleatoria, esperas que una, de media, sea «significativa al 99%», incluso si no hay, en absoluto, una conexión fortuita. (En realidad, esos cien eventos no serán completamente independientes. Una crítica similar dice que si tan solo eso se tiene en cuenta, las matemáticas son menos transparentes.) Si ahora usas el criterio de significancia para rechazar los otros 99 pares y mantienes el nivel de confianza que el paquete te da, aquí tienes la falacia. No sorprende, el siguiente intento independiente no encuentra una asociación significativa en absoluto. Nunca existió.

La metodología correcta debería usar un grupo de temas para dirigirse a una posible conexión, pero luego comprobarlo usando un segundo grupo independiente, ignorando todos los datos de la primera prueba y observando solo las asociaciones que ya has escogido en la primera prueba. Sin embargo, a menudo, el primer estudio publicado en un boletín y que se anuncia a los medios de comunicación solo ha hecho el primer paso. Finalmente un equipo diferente lleva a cabo el segundo paso... y, sorpresa sorpresa, el

resultado no puede repetirse con exactitud. Desafortunadamente, puede que pase un tiempo hasta que se realice el segundo paso y se corrija la afirmación errónea, porque no se gana mucho prestigio científico repitiendo los experimentos de otra gente.

* * * *

Los tres mil millones de bases de ADN en «el» genoma humano pueden parecer muchas, pero en términos de almacenamiento informático constituyen apenas unos 825 *megabytes* de datos sin tratar. Esto es más o menos lo mismo que un CD de música. De modo que somos aproximadamente tan complejos como Sergeant Pepper's Lonely Hearts Club Band.

Como la información contenida en el genoma humano es tan pequeña, ahora es posible secuenciar el genoma de un individuo con un coste de entre 5.000 y 15.000 dólares, y es previsible que baje a 1.000 dólares en un par de años. El coste exacto depende de cuánto genoma se analizará y otros factores, incluyendo por qué se está secuenciando y quién lo está haciendo. Esta «genómica personal» da paso a un aspecto del Proyecto Genoma Humano que de algún modo se desatendió con la prisa vertiginosa por obtener la secuencia. *El genoma humano* como tal no existe. Diferentes individuos tienen diferentes alelos (las variantes del gen) en localizaciones genéticas particulares, que incluyen, entre otros, el color del pelo, el de los ojos y el grupo sanguíneo, y también difiere en partes del genoma que no son código para proteínas, tales como las variables llamadas de repetición en tandem, donde la misma secuencia de ADN se repite una y otra vez. De hecho, esta es la base

de la huella genética que los científicos forenses presentaron como un modo de asociar los rastros de ADN con sus dueños. Esto no funcionaría si todos los humanos tuviésemos el mismo genoma. No obstante, todos tenemos más o menos el mismo marco básico para nuestro ADN y sobre esto trataba el Proyecto Genoma Humano, ya que resultó que el genoma de Celera era realmente personal, estaba en parte basado en el ADN de su fundador Craig Venter.

Durante la embriagadora época en la que el Proyecto Genoma Humano era el primero en buscar fondos, la idea no se vendió a los gobiernos e inversores privados como una pieza esencial de la ciencia básica, sino como algo que inevitablemente nos llevaría a avances tremendos en nuestra capacidad para curar enfermedades. Una vez conoces «la información» que forma a un ser humano, seguramente sabes todo sobre ese ser. Bien, pues no es así, porque estás confundiendo dos significados diferentes de «información», la que está codificada en el ADN y la que necesitarías saber para formar a un ser humano desde cero. De manera parecida, el directorio telefónico te da la «información» que necesitas para llamar a alguien, pero también necesitas un teléfono y estás de suerte si no están de vacaciones... menos ahora que tenemos teléfonos móviles, pero supongo que entiendes qué quiero decir.

Hasta la fecha, los beneficios obtenidos por el Proyecto Genoma Humano, en términos de curar enfermedades, han sido prácticamente inexistentes. Esto no es una gran sorpresa. Por ejemplo, la base genética de la fibrosis quística es el gen CFTR.

Contiene alrededor de 250.000 pares de bases, pero la proteína que codifica (regulador de la conductancia transmembrana de la fibrosis quística) es una cadena de 1.480 aminoácidos. Obtén mal esta cadena y la proteína no funciona. En un 70% de las mutaciones observadas en personas con fibrosis quística, tres pares de bases específicas se extraviaron. Este triplete codifica la fenilalanina en la posición 508 de la proteína. Esta omisión causa la fibrosis quística. El 30% restante de los pacientes con fibrosis quística tienen, entre todos, alrededor de un millar de mutaciones diferentes del CFTR.

La mayoría de ellas se conocen desde 1988, pero todavía no se ha descubierto una cura para la fibrosis quística. La terapia génica, una técnica para cambiar el ADN en las células de un ser humano vivo infectándolas con un virus que porta la secuencia necesaria, se ha tropezado con problemas serios debido a la muerte de varios pacientes. Algunas formas de este tratamiento son actualmente ilegales en varios países; sin embargo, la técnica ha tenido un éxito limitado en el tratamiento de la inmunodeficiencia combinada grave ligada al cromosoma X, popularmente llamada el síndrome del niño burbuja, porque quienes la padecen tienen que aislarse de quienes les rodean para evitar infecciones graves.

Hay una comprensión creciente de que, con unas pocas excepciones estándar, nuestros genes no causan, ni predicen, las enfermedades que contraeremos a lo largo de nuestra vida. El gobierno de Estados Unidos está ahora tomando medidas urgentes para regular las actividades de compañías genómicas privadas para prevenir la

explotación de percepciones inexactas de los genes por parte de la gente.

Como ciencia básica, el Proyecto Genoma Humano constituye un avance enorme. Como gran avance en medicina, todavía hay que esperar. Incluso como ciencia básica, su principal resultado ha sido forzar revisiones importantes de suposiciones de biólogos anteriores sobre la genética humana. Ya he mencionado que antes de que el genoma humano se secuenciase, se creía que debía haber sobre 100.000 genes, en el sentido de «secuencias que codifican proteínas». La razón era sencilla: el cuerpo humano tiene alrededor de 100.000 proteínas diferentes. Como ya indiqué, resultó que solo hay 25.000 de dichos genes. Lo que luego aprendimos es que los genes se rompen en segmentos aislados, que pueden combinarse de muchos modos, de manera que el mismo gen puede ser el código de varias proteínas. La idea de que una secuencia de ADN individual es como un diccionario de sus proteínas resulta ser ingenua y simplista.

Todo esto hace que Proyecto Genoma Humano sea una muestra de ciencia excelente, que cambia nuestra visión. Desafortunadamente, la imagen resultante se ha vuelto más complicada de lo que los biólogos habían esperado y se está haciendo claro que el hueco entre secuenciar el ADN de un organismo y saber cómo funciona el organismo es mucho más grande de lo que la mayoría de la gente había imaginado.

Capítulo 9

Taxónomo, taxónomo, ten piedad de ese árbol

Cualquiera que visite un zoológico, rápidamente se da cuenta de que algunos animales se parecen entre ellos más de lo que se parecen a otros. Leones, tigres, leopardos, guepardos son todos variaciones de un modelo de «felino» básico; osos polares, osos pardos y osos grizzly son todos osos; lobos, zorros y chacales son de la familia de los perros; etcétera. Nuestra mejor explicación para estos parecidos (con excepciones engañosas como los delfines pareciéndose a los tiburones) es la evolución. No obstante, las similitudes se establecieron acorde una clasificación sistemática de vida en la Tierra, mucho antes de que Darwin concibiese la primera teoría creíble para su existencia. Uno de los primeros pasos en el desarrollo de cualquier rama de la ciencia es encontrar un modo de organizar la abundancia de observaciones que la naturaleza nos ofrece, y esto es especialmente necesario en biología debido a la vasta diversidad de la vida.

Como hemos visto, el primer paso importante en esta dirección lo hizo Von Linneo con su ambicioso proyecto para clasificar no solo los animales, sino plantas y minerales también. No fue el primero que intentó traer algún tipo de orden a dicha materia y parte de esta terminología se remonta a Aristóteles, pero su método fue el primero que se adoptó de modo generalizado.

Podemos representar su jerarquía en ocho pasos de rangos taxonómicos en un diagrama. La vida se subdivide en tres dominios,

cada dominio se divide en un número de reinos independientes, y así sucesivamente. Matemáticamente, una serie de subdivisiones de este tipo tiene la estructura de un árbol, un diagrama con ramificaciones reiteradas (véase la figura 18). El tronco del árbol es la Vida, esta se divide en tres ramas principales, los dominios, que son eucariotas, procariotas y arqueas. Cada dominio se divide en reinos, por ejemplo, el dominio de las eucariotas se divide en animales, plantas, hongos, amebozoos, chromalveolata, rhizaria y excavata.

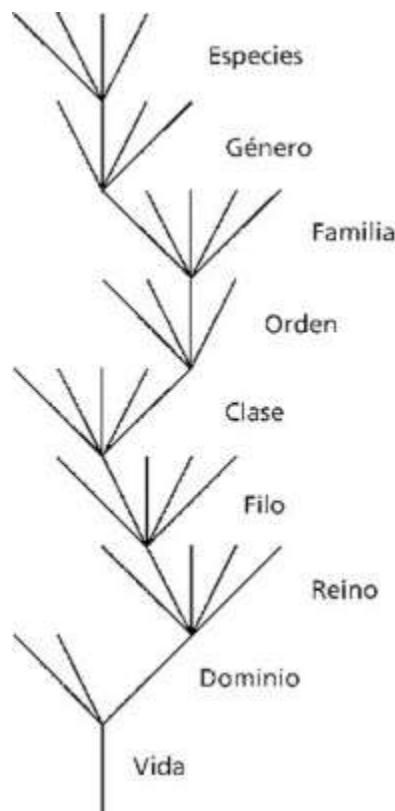


Figura 18. Plan para la clasificación representado como un árbol (la mayoría de las ramas no se muestran).

Los dos primeros son animales y plantas, el tercero es lo que parece ser y puedes buscar los raros si quieres saber qué son. Después, los animales se dividen en un gran número de filos, tan grande que es normal primero hacer una división en subreinos, luego dividir estos en superfilos y, finalmente, estos en filos.

Una de las razones por las que se han planteado estas nuevas subdivisiones es que, con el tiempo, hemos descubierto muchísimas más especies de las que se conocían cuando Linneo empezó por primera vez a catalogar la diversidad de la naturaleza. Pero la complejidad creciente del sistema de nomenclatura y las discusiones que, con frecuencia, acompañan este proceso, también indican que la rica colección de vida no encaja fácilmente en una camisa de fuerza científica pre asignada. Muchos biólogos actuales creen que este sistema ya no es adecuado para describir las complicadas interrelaciones encontradas en los seres vivos, lo que es probablemente correcto, pero es suficiente para etiquetarlas, y esto es práctico, tradicional y comprensible para los humanos, a diferencia de las sustituciones propuestas.

* * * *

El plan de clasificación de Linneo hizo posible determinar, de manera justa y definitiva, si cualquier organismo nuevo que se encontrase era una nueva y genuina especie o una que ya se conocía. Esto también tiene un encanto tentador, estructurar todas las formas de vida en la Tierra en un único Árbol de la vida, una de las imágenes de la evolución perdurables y que es un ícono. Esto capta, en forma de diagrama, las relaciones entre especies del

presente y los antepasados a partir de los que evolucionaron. Ernst Haeckel realizó muchos árboles de la evolución maravillosos, en un estilo de representación un tanto barroco. Sus precursores se remontan a los cuadernos de Darwin y un diagrama en *El origen de las especies*. Darwin, que se dio cuenta de que carecía de los datos suficientes, no se comprometió con un origen único. Pero está claro que no esperaba docenas de orígenes independientes para varios tipos de criatura. Un árbol majestuoso, con bifurcaciones en grandes ramas, ramas, ramitas y brotes de ramitas, proporciona una vívida metáfora para la idea de que todos los seres vivos están relacionados y que hubo un origen de la vida único (véase la figura 19). O posiblemente un número pequeño de orígenes independientes, lo que llevaría a varios árboles inconexos.

Parte del atractivo de la imagen es nuestra familiaridad con los «árboles genealógicos», especialmente de las familias reales. Hoy en día hay páginas web sobre genealogía donde puedes investigar la historia de tu familia y dibujar un árbol en el que aparezcan tus padres, abuelos, hermanos y otros parientes.

Esta familiaridad nos hace pensar que entendemos los árboles genealógicos y nos lleva a ver el Árbol de la vida como algo similar. Sin embargo, los diagramas como este pueden provocar confusión.

¿Las ramas representan especies o relaciones entre las especies?
¿Representan especies que existen en la actualidad o especies que existieron y ahora solo encontramos como fósiles?

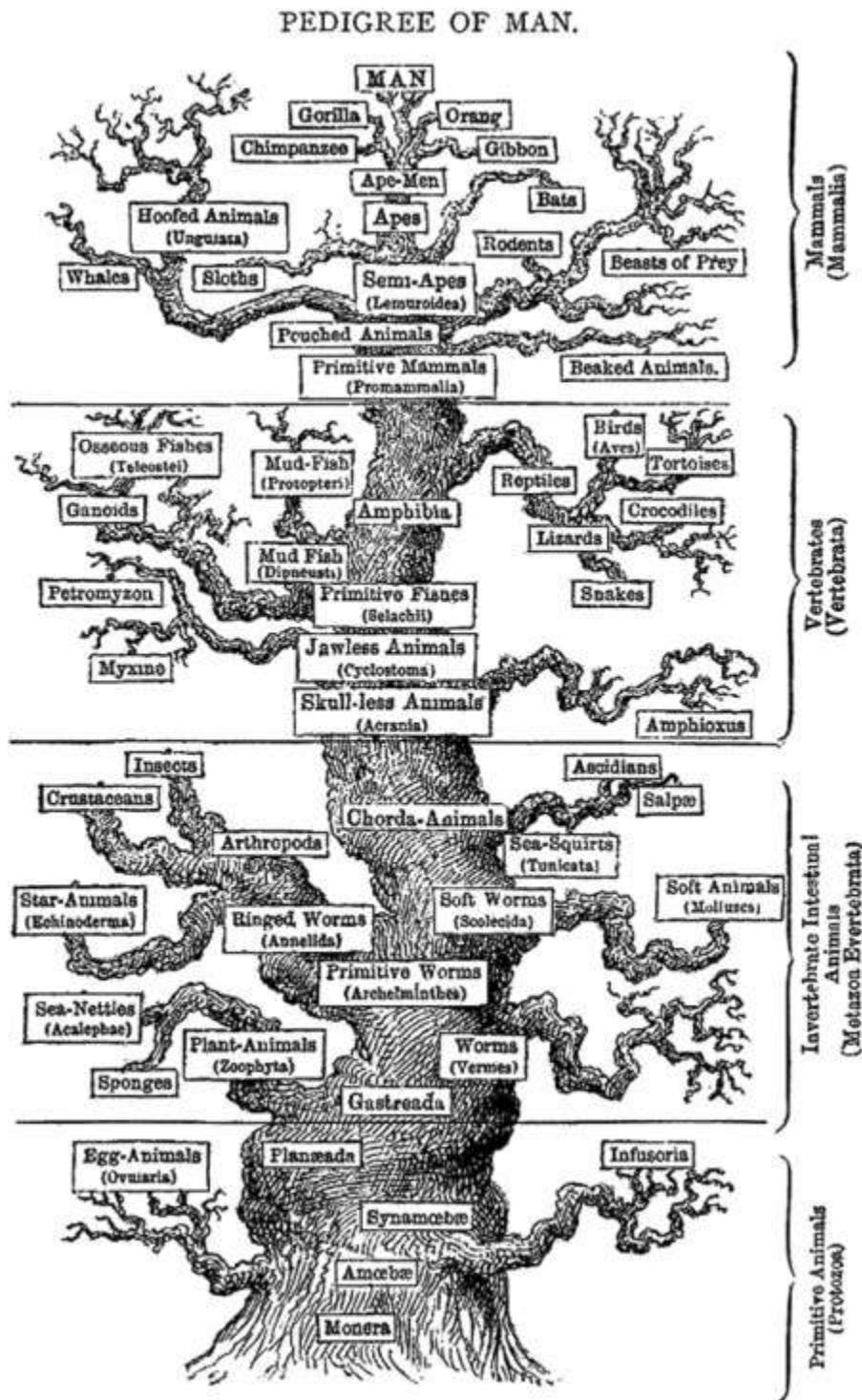


Figura 19. El linaje del Hombre de Haeckel, 1906.

Cuando las explicaciones de la evolución se pusieron de moda, la distinción se hizo vital, pero con frecuencia se ignoraba. Por

ejemplo, la pulla « ¿Qué clase de simio era su abuelo, señor Darwin?», asume que los simios actuales podrían ser los antepasados de la humanidad. Esto no es lo que Darwin estaba proponiendo y, en cualquier caso, es imposible a menos que alguien invente la máquina del tiempo.

¿Es un árbol la metáfora adecuada para la divergencia en la evolución?

Cuando las especies se separan debido a la evolución, en un proceso conocido como especiación, una única especie normalmente se convierte en dos. Es difícil no hablar de este proceso como «ramificación» y tal como las ramas de un árbol real, las especies se dividen repetidamente. Los árboles siempre han tenido importancia en el día a día de los humanos, de modo que la metáfora es natural. Sin embargo, no puede llevarse demasiado lejos. Los diagramas de árbol de Haeckel parecen árboles reales, aunque estilizados de forma artística. Su autor incluso les dio corteza y raíces. Y les hizo un tronco más grueso que las ramas que se separan de él, lo que es claramente engañoso si, como parece natural, el grosor de una rama representa la abundancia de las especies correspondientes. El Árbol de la vida real empieza con un tronco fino y muchas ramas son más gruesas que el tronco del que parten, ya que algunas especies han tenido un éxito tremendo y habitan el planeta en cantidades enormes. Haeckel también diseñó sus árboles, de modo que «más arriba» significa «más avanzado». Superficialmente, esto también tiene correlación con «más reciente», hasta que te das cuenta de que ramas que corresponden a, por ejemplo, una bacteria tienen que

llegar a la punta del árbol y en los dibujos de Haeckel no lo hacen. Para tal propósito, una representación mejor se parece menos a un árbol real, aunque todavía tiene las características del comportamiento ramificado (véase la figura 20).

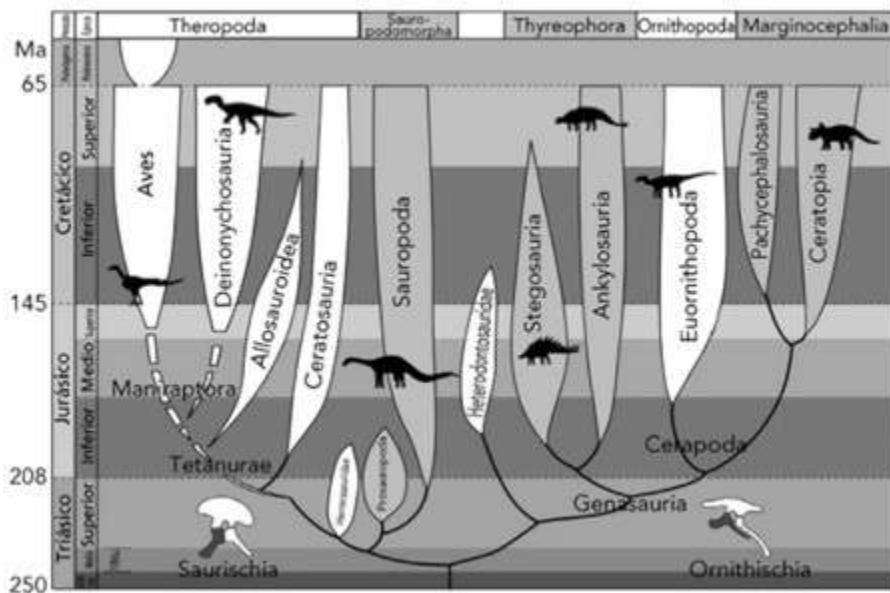


Figura 20. Un Árbol de la vida menos engañoso que muestra cómo los pájaros evolucionaron a partir de los dinosaurios.

Los matemáticos tienen su propio concepto de «árbol» y también es una metáfora, un concepto que se ha consagrado como un concepto específico: un diagrama en el que los puntos, que pueden omitirse cuando las uniones son obvias, están conectados por líneas y las ramas no pueden conectarse de nuevo, esto es equivalente a decir que ninguno de los extremos se une para formar una curva cerrada. Los árboles matemáticos aparecen en una representación más moderna de la metáfora del «árbol» conocida como un cladograma,

que consta de poco más que los puntos de bifurcación y cuándo sucedieron.

La figura 21 muestra un cladograma para el perro doméstico y varios parientes evolutivos. Observa que el tiempo va de izquierda a derecha en este gráfico, mientras que en las figuras 19 y 20 va de abajo hacia arriba. Ambas convenciones son comunes. El oso negro está incluido a propósito como un «grupo externo» que se espera que, en muchos aspectos, esté mucho menos relacionado con el perro que otras especies del diagrama. Esto es una estratagema técnica que permite comparaciones fiables y, también, una prueba rápida del resultado final: si los perros resultan estar mucho más relacionados con los osos que con los chacales, sospecharíamos que algo va mal y revisaríamos nuestros datos. Se espera que el grupo externo determine la base (el tronco) del árbol.

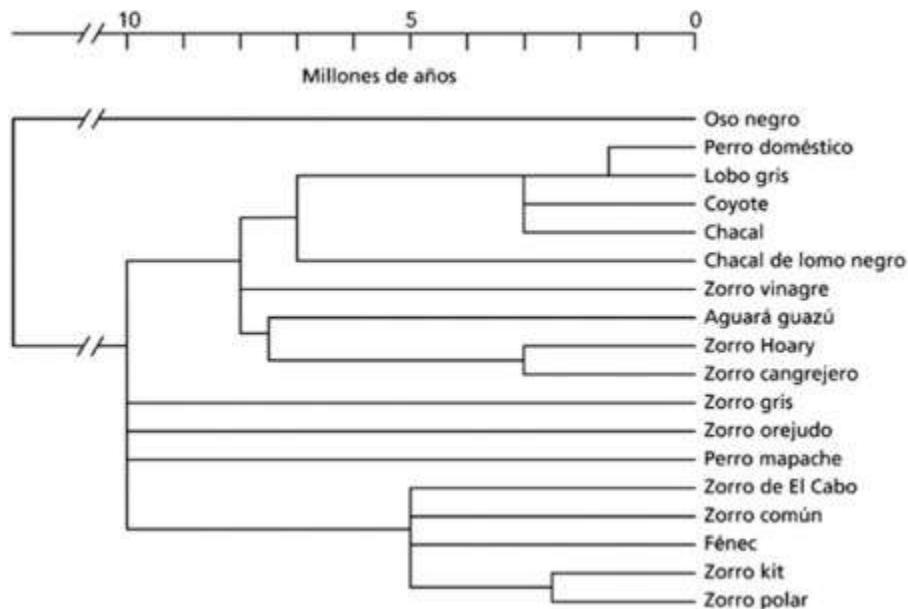


Figura 21. Cladograma para el perro doméstico

Los cladogramas se hacen a través de un análisis informático de las similitudes y las diferencias entre especies. Estas podrían ser listas de caracteres como «cuatro patas» o «tiene dientes caninos». Los tiempos aquí son imprecisos y dan poco más que el orden de las sucesivas divisiones. Aunque cada vez es más común usar listas de alelos (variantes del gen) o incluso de secuencias de ADN relacionadas con los genes, deduciendo el tiempo del «reloj genético», que es el ritmo medio en el que ocurren las mutaciones. Podría decir mucho sobre todo esto, pero no quiero desviarme hacia un área técnica. Basta decir que nada está garantizado con un 100% de exactitud. En particular, el árbol resultante es aquel en el que es más probable que encajen los datos, según varias medidas más o menos arcanas de probabilidad. Esto no significa que sea definitivamente una reconstrucción exacta del patrón real de los descendientes evolutivos. Por supuesto, si se pueden recoger más datos independientes y la estructura de árbol dada sobrevive, eso incrementa la probabilidad de que sea correcta. Un cladograma es un diagrama que se obtiene codificando una larga lista de afirmaciones como «según el siguiente criterio, un zorro cangrejero es más parecido a un aguará guazú que a un coyote».

* * * *

La cladística fue presentada por el entomólogo Willi Hennig en 1966 en su libro *Phylogenetic Systematics* (*Filogenética sistemática*). Como el título sugiere, quería hacer la clasificación de los organismos más sistemática, evitando las decisiones, con frecuencia subjetivas, de la taxonomía tradicional. Para Hennig, la unidad básica de

clasificación era el clado, un organismo ancestral, junto con todos sus descendientes evolutivos. En un diagrama de árbol, un clado es una única rama con todas las que crecen a partir de ella.

La cladística tradicional (la construcción de cladogramas) empieza con la suposición de que lo que estamos buscando es un árbol. Si el patrón real de descendientes no tiene el aspecto de un árbol, el método encontrará un árbol de todos modos. Esto no es tan malo como puede parecer, porque un árbol es normalmente una opción sensata. Con modificaciones simples en el método, la propia estructura de árbol puede probarse.

El número de posibles árboles crece rápidamente con el número de especies. Hay, por ejemplo, 105 árboles distintos para cinco especies y 34.459.425 para diez especies. Incluso hay una fórmula, para n especies, el número de árboles es $1 \times 3 \times 5 \times 7 \times \dots \times (2n-3)$. Esto es un crecimiento super exponencial, más rápido que cualquier potencia de un número concreto. De algún modo, el «mejor» árbol tiene que escogerse de entre todas estas posibilidades. Naturalmente, hay muchas definiciones diferentes de «mejor», y para cualquiera de esas definiciones, hay muchas estrategias matemáticas diferentes para encontrarla.

Los métodos usados se han vuelto muy técnicos. Se llevan a cabo usando ordenadores, porque la cantidad de datos y la complejidad de los cálculos son mayores de lo que un humano sin ayuda puede manejar. Pero en los inicios de la cladística se hacían muchas cosas con las manos. En términos simples, la técnica supone tres pasos: recoger datos de los organismos a los que se refiere, pensar en el

cladograma apropiado, escoger el mejor de ellos. Los datos toman la forma de lista de caracteres específicos, de modo que para las especies de aves podrían aparecer cosas como ancho del pico, longitud del pico, color de las plumas, tamaño de las patas. Una vez que secuenciar el ADN se hizo factible (inicialmente para secuencias cortas como ADN mitocondrial), los datos recogidos normalmente incluían el ADN y hoy muchos profesionales no usan otra cosa.

La tarea matemática ahora es encontrar qué árbol es el que cuadra mejor con los datos. Esto requiere definir algunos números, conocidos como una métrica, que cuantifican cuánto coinciden el árbol y los datos. Dos especies con datos parecidos deberían estar muy cerca la una de la otra en el árbol, es decir, no habría que ir muchas ramas hacia atrás para encontrar su antepasado común. Las especies en las que coincidan menos datos deberían estar separadas por más ramas. Las fórmulas reales no son tan vagas como este resumen puede sugerir. También hay pautas bien establecidas para evitar una elección de caracteres que podría resultar engañosa, algo que se presenta en muchos organismos diferentes por razones que no están relacionadas con un antepasado común. La forma de los tiburones y los delfines, con el mismo tipo de cola y aleta dorsal triangular, son ejemplos.

Supongamos, por ejemplo que estamos tratando de poner en orden las relaciones entre cuatro especies de felino: el gato (doméstico), el leopardo, el tigre y el guepardo. Para ser honestos, incluimos un grupo externo: caracoles. Seleccionamos cuatro caracteres (son pocos para un análisis serio, pero nos mostrará cómo funciona el

método), y, con las cinco especies, los ponemos en una tabla que se rellena usando 1 para «sí» y 0 para «no», como se ve en la tabla 6.

TABLA 6. Cuatro caracteres en cinco especies

| | <i>Bigotes</i> | <i>Motas</i> | <i>Ronroneo</i> | <i>Es grande</i> |
|----------|----------------|--------------|-----------------|------------------|
| Gato | 1 | 0 | 1 | 0 |
| Leopardo | 1 | 1 | 1 | 1 |
| Tigre | 1 | 0 | 1 | 1 |
| Guepardo | 1 | 1 | 1 | 0 |
| Caracol | 0 | 0 | 0 | 0 |

Como una medida de lo cerca que se encuentran especies diferentes (que es lo opuesto de «distancia», así que minimizar la distancia es lo mismo que maximizar la cercanía), podríamos usar el número de entradas que tienen en común en la matriz. Por ejemplo, gato y leopardo coinciden en bigotes y ronroneo, pero no en manchas y tamaño, por lo tanto la distancia es 2. En este caso la pequeña cantidad de datos nos permite tabular todas las posibles «cercanías», como se ve en la tabla 7.

El siguiente paso es aplicar algo de heurística, una palabra elegante para «conjeturas bien fundadas». Lo más cerca que están dos especies es 3, y esto ocurre con los cuatro tipos de felinos, de modo que suponemos que los cuatro tipos de felinos están más estrechamente relacionados entre ellos que con el caracol. Lo que sitúa al caracol en la parte baja del árbol, adonde pertenece. A continuación, el gato está más estrechamente relacionado con el tigre y el guepardo (cercanía 3) y más alejado del leopardo (cercanía

2), de modo que esperamos encontrar a estos tres en la parte de arriba del árbol. Hacemos que el guepardo sea la primera de las especies que se separa del caracol. Entre gato, leopardo y tigre, las dos primeras están más cerca del guepardo, así que hacemos la rama del tigre antes que las otras dos. Llegados a este punto hay dos modos diferentes de completar el árbol, como se muestra en la figura 22: o bien el gato y el leopardo se ramifican de la línea que lleva al guepardo y luego se dividen, o bien el guepardo y el gato se ramifican a partir del leopardo.

TABLA 7. Cercanía entre las cinco especies

| | |
|-------------------|---|
| Gato/leopardo | 2 |
| Gato/tigre | 3 |
| Gato/guepardo | 3 |
| Gato/caracol | 2 |
| Leopardo/tigre | 3 |
| Leopardo/guepardo | 3 |
| Leopardo/caracol | 0 |
| Tigre/guepardo | 2 |
| Tigre/caracol | 1 |
| Guepardo/caracol | 1 |

En el primer cladograma, gato está más cerca de leopardo que de guepardo, pero realmente es más cercano a guepardo que a

leopardo, que es lo que el segundo cladograma refleja. Por lo tanto nos decantamos por el segundo árbol.

Pero este árbol no es la respuesta, solo el primer paso para encontrarla. Si, por ejemplo, hubiésemos hecho las comparaciones en un orden diferente, quizá el árbol obtenido habría sido diferente.

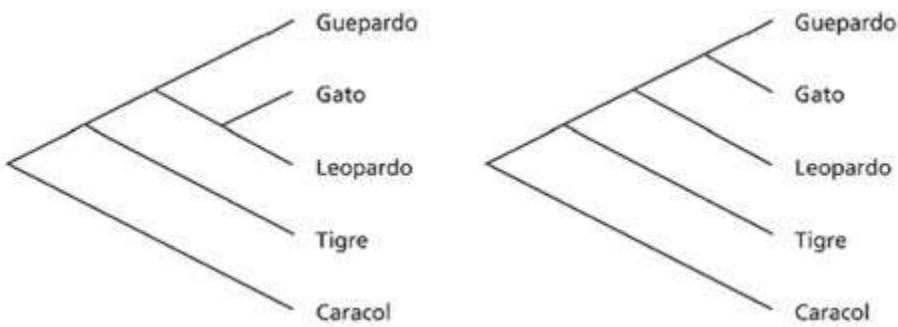


Figura 22. Dos cladogramas posibles.

Por eso, para completar la construcción del árbol que mejor se ajusta, necesitamos alguna medida que nos diga lo bien que se ajusta en conjunto el árbol a los datos. Luego observamos las variaciones en nuestro árbol candidato, por ejemplo, intercambiar leopardo y tigre, y vemos si se ajusta mejor. Deberíamos también intercambiar caracol con, por ejemplo, tigre, para estar seguros de que nuestro grupo externo es realmente un grupo externo, de otro modo, no hay razón para haberlo incluido como tal desde el comienzo.

Para encontrar el mejor árbol necesitamos calcular las sumas de todos los posibles árboles. La fórmula nos dice que hay quince árboles, de modo que el cálculo es viable, pero en la práctica, trabajamos con muchos más caracteres y se necesita una

aproximación diferente, descrita más adelante. De cualquier modo, como este ejemplo es demasiado simple, no llevaré el análisis más lejos, pero la idea general de lo esencial del método debería estar ahora clara.

Debido a que el número de árboles posibles crece muy rápidamente según el número de especies, no es viable en la práctica calcular el árbol que mejor se ajusta con una exactitud perfecta. Sin embargo, existen muchos métodos para encontrar un árbol que se ajuste casi tan bien como lo haría el mejor árbol teórico. Estos métodos provienen de un área de las matemáticas conocida como optimización, que se usa con frecuencia en la industria y la economía.

La construcción de un cladograma plausible sigue estos pasos. Primero se usa la experiencia, u otros métodos heurísticos, para escribir un pequeño número de árboles que se cree que se parecerán al óptimo. Estos árboles su usan como datos de entrada en un *software* adecuado y el ordenador genera aleatoriamente árboles que son ligeras modificaciones de los intentos iniciales. Luego calcula la métrica, lo buena que es la aproximación y ve cuál de las modificaciones de los árboles es la mejor representación. Después se repite el proceso, con variantes aleatorias de este nuevo árbol y se continúa hasta que ninguna modificación aleatoria dé un árbol mejor.

En una analogía, imagina que la métrica representa la altura en un paisaje. El árbol que mejor se ajusta corresponde al punto más alto en todo el paisaje. No obstante, quizá haya varias colinas, cada una

con su propio pico, solo uno será el punto más alto del entorno. Así que la idea es escoger unos pocos puntos de partida plausibles y luego buscar aleatoriamente cerca si alguna ruta no lleva más alto. Si es así, recorre un poco de camino hacia arriba y repite la búsqueda. El principal problema con estos métodos es que si tu intento inicial no fue bueno, quizás te quedes atascado en una colina que no es la más alta del entorno. Buscando cerca no mejorará el resultado, tienes que buscar más allá. Hay modos razonables de hacerlo, pero ninguno de ellos infalible.

Tampoco hay garantías de que el árbol que se obtenga por este método sea realmente el exacto árbol de la evolución de las especies que aparecen. Pero podemos sentirnos bastante seguros de que si el árbol muestra que dos especies están muy relacionadas o muy poco relacionadas, entonces algo bastante parecido es lo que ocurre en el árbol de la evolución auténtico. Podemos sentirnos seguros si datos diferentes, analizados por métodos diferentes, nos llevan a resultados similares.

* * * *

Todo esto está muy bien, pero... ¿cómo de razonable es hacer un árbol para representar la evolución?

En *La vida maravillosa*, Stephen Jay Gould habla de las diversas criaturas sin esqueleto encontradas en fósiles de Burgess Shale, un yacimiento de estratos de roca en Canadá. Estos yacimientos, y los fósiles que hay en ellos, datan de la época de la explosión cámbrica, un estallido repentino de diversidad que provocó la evolución de criaturas muy diferentes y tremadamente complejas.

Excepcionalmente, los fósiles conservan muchas características delicadas que normalmente se habrían perdido. Según la interpretación de Gould, los descendientes evolutivos de los fósiles de Burgess Shale se parecen más a una sabana llena de arbustos que a un único árbol. Sin embargo, los arbustos corresponden a especies que se han extinguido y no han llegado a nuestros días y, por lo tanto, no podemos reconstruirlos a partir de los datos que tenemos hoy.

De hecho, Gould propone que la fauna de Burgess Shale contiene más filos, una de las unidades más grandes en las que se clasifican las formas de vida, de los que existen actualmente. Los humanos, por ejemplo, pertenecen al filo de los cordados, criaturas que desarrollan un notocordio cuando son embriones. Continuó deduciendo que la evolución de la humanidad implicaba un «accidente» al azar en la época de la explosión cámbrica. Pikaia, que entre la fauna de Burgess Shale es el mejor candidato a antepasado para todos los cordados, tuvo descendientes que sobrevivieron. No fue así con Anomalocaris, Opabinia, Nectocaris, Amiskwia y otros tantos organismos; cada uno representa un filo distinto y que ahora está extinguido, a pesar de que todas estas criaturas estuvieron coexistiendo en armonía y no parece que haya buenas razones para esperar que unas de ellas sobreviviesen y otras se extinguiesen.

Ahora parece que Gould exageró sin querer las diferencias entre los fósiles que tuvo en cuenta, y muchos de ellos, de hecho, están relacionados con criaturas existentes, al contrario de lo que él pensaba. Sin embargo, también es cierto que muchos fósiles de

Burgess Shale igual de desconcertantes no se han analizado por completo todavía, de modo que la teoría de Gould aún podría ser resucitada. En cualquier caso, si buscas un árbol, encontrarás un árbol, de manera que para algunas cuestiones tiene sentido no empezar asumiendo que el árbol existe.

* * * *

En una interpretación genética, el Árbol de la vida representa cómo los genes pasan de (organismos en) especies ancestrales a (organismos en) especies que son sus descendientes. Sin embargo, hay un segundo modo para los genes de pasar de un organismo a otro, lo descubrió en 1959 un equipo japonés. Lo que descubrieron fue que la resistencia a un antibiótico podía transmitirse de una especie de bacteria a diferentes especies.⁴⁰ Este fenómeno se conoce como transferencia horizontal (o lateral) de genes, mientras que la transmisión de genes convencional a descendientes es llamada transferencia vertical. Los términos se derivan del habitual diagrama de árbol para la evolución, con el tiempo avanzando verticalmente y los tipos de especies horizontalmente, y no tienen otro significado.

Pronto se hizo patente que la transferencia horizontal de genes está generalizada entre las bacterias y no es poco común en eucariotas unicelulares. Esto cambia el paradigma de la evolución entre dichas criaturas, porque introduce un modo diferente en el que el genoma cambia. El concepto clásico de cambios genéticos que surgen a

⁴⁰ K. Ochiai, T. Yamanaka, K. Kimura y O. Sawada, «Herencia de la resistencia a los medicamentos (y su transferencia) entre las cepas de *Shigella* y entre *Shigella* y cepas de *E. coli*», *Hihon Iji Shimpor* 1861 (1959), 34.

través de mutaciones (incluyendo supresiones, duplicaciones y cambios totales, así como mutaciones puntuales) en el genoma de un organismo de una única especie debe ampliarse para permitir la inserción de segmentos de ADN de una especie diferente. Hay tres mecanismos principales para dicha transferencia: la célula puede que incorpore material genético ajeno a través de sus propias funciones, el ADN ajeno lo puede traer un virus o dos bacterias pueden intercambiar material genético («sexo bacteriano»).

Hay también algunas evidencias de que eucariotas pluricelulares podrían haber sido receptoras de transferencias horizontales de genes en alguna etapa de su historia evolutiva. Los genomas de algunos hongos, en particular la levadura, contienen secuencias de ADN derivadas de bacterias. Lo mismo ocurre para especies particulares de escarabajos que han adquirido material genético de la bacteria Wolbachia, que vive dentro del escarabajo en un estado de simbiosis. Los áfidos contienen genes de hongos que les permiten fabricar carotenoides. El genoma humano incluye secuencias derivadas de virus.

Estos efectos cambian con seguridad nuestra visión de cómo los cambios genéticos, una de las fuerzas motoras tras la evolución, pueden ocurrir. Dan a entender que en muchas criaturas la ascendencia genética involucra no solo a sus antepasados evolutivos obvios. Un número de biólogos han alegado que esto nos obliga a abandonar la metáfora del Árbol de la vida. Científicamente, esto no plantea grandes obstáculos, el Árbol de la vida no es sagrado y si la evidencia indica que es erróneo, debería descartarse.

Entonces, nuestra visión de la evolución sería diferente, al menos en lo que se refiere a la metáfora estándar, ya que la ciencia con frecuencia progresó al revisar ideas anteriores. Así que, la transferencia horizontal de genes ¿echa por tierra la metáfora del Árbol de la vida?

A simple vista, la respuesta parece que es «sí». La transferencia horizontal de genes puede presentar circuitos cerrados, uniendo dos ramas distintas del árbol habitual. Y entonces no es un árbol.

Sin embargo, las ramas en el Árbol de la vida de Haeckel, y los cladogramas, representan cómo las especies se ramifican, bien históricamente, bien conceptualmente. No representa organismos individuales. La transmisión horizontal de genes traslada un fragmento de ADN de un organismo a otro. De modo que esta nueva unión no es una rama en el árbol de las especies. Una vaca se convierte en una vaca con un poco de ADN ajeno, pero es todavía una vaca. Por supuesto, el ADN ajeno afecta quizás a evoluciones en un futuro, pero eso llegará más tarde, si es que llega.

En un diagrama con ramas conceptuales que muestran cómo los organismos o especies están conectados por los cambios en su ADN, la transferencia horizontal de genes agrega algunas conexiones extra que estropean la estructura del árbol, pero eso no significa que la metáfora original del Árbol de la vida esté equivocada. Solo significa que estamos hablando de una metáfora diferente.

En resumen, la transferencia horizontal de genes no tiene efecto en el Árbol de la vida para las especies. Tiene un pequeño efecto en el árbol para los organismos y un gran efecto en el árbol para el ADN.

Hay, quizá, una excepción a estas afirmaciones: cuando las especies son de bacterias o virus. Entonces, la transferencia horizontal de genes es tan común que incluso el concepto de especies es cuestionable.

La especiación, considerada para individuos, no tiene probablemente los bordes bien definidos. Representar cada suceso de especiación como un simple punto en una rama casi con seguridad simplifica en exceso el proceso y nos lleva a preguntas y distinciones que quizá no sean apropiadas, tales como «¿exactamente cuándo se separaron las dos especies?». Algunos modelos de sistemas complejos de especiación, presentados por Toby Elmhirst bajo el nombre de BirdSym, exhiben cadenas de cambios en fenotipos muy complejas durante casos de especiación. La imagen se parece más a ríos que se entrelazan que a simples puntos en ramas.

* * * *

¿Puede que no haya un único Árbol de la vida, sino que haya varios? Darwin dejó esta posibilidad abierta en *El origen de las especies*. La idea general de evolución no se vería afectada en gran medida, cualquiera que sea la respuesta, pero hay una razón evolutiva para preferir un único árbol. Una vez que la vida se pone en marcha, cualquiera que sea el método, se reproduce y esto hace poco probable que cualquier origen independiente posterior llegue muy lejos. Los nuevos niños del barrio tienen que competir con los que ya estaban, que tienen una ventaja porque se han hecho bastante buenos jugando al juego de la evolución. De manera que

esperaríamos un único origen y necesitaríamos nuevas ideas para explicar uno múltiple.

En 2010, Douglas Theobald usó métodos de la cladística para comprobar su hipótesis, conocida como «ascendencia común universal» y el resultado se mostró firmemente a favor de una ascendencia común para toda la vida que hay en nuestros días.⁴¹ La palabra usada aquí es «ascendencia», no «antepasado», y por una buena razón. El modelo de Theobald permite que el último antepasado común universal sea una población de diferentes organismos, con genéticas diferentes viviendo en épocas diferentes. Su método involucra las secuencias de aminoácidos de 23 proteínas, encontradas en los tres dominios de la vida: arqueas, procariotas y eucariotas. Puedes pensar en ellas como sondas moleculares que cubren el rango completo de seres vivos y se remonta hasta el origen de la Tierra. Una vez escogidas las proteínas, el siguiente paso es calcular los árboles evolutivos y los conjuntos de varios árboles. El paso final es, dando los datos, comparar la probabilidad de estos resultados.

Theobald comparó un único árbol, quizá con transferencia horizontal de genes, con, por ejemplo, dos árboles, que podían o no estar unidos por transferencia horizontal de genes. Su resultado es drástico; un único árbol es alrededor de $10^{2.860}$ veces más probable que dos o más árboles (véase la figura 23). Por poner esto en perspectiva, es como tener una baraja, barajarla aleatoriamente y

⁴¹ D.L. Theobald, «A formal test of the theory of universal common ancestry», *Nature* 466 (2010), 219-222.

encontrar que las cartas están perfectamente ordenadas, del as al rey para picas, corazones, tréboles y diamantes... y repetir esto 42 veces.

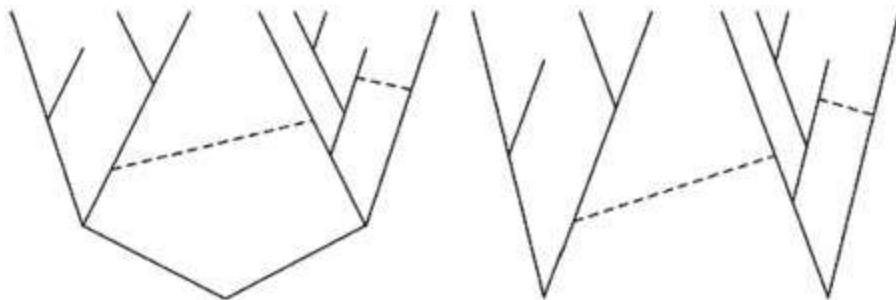


Figura 23. Un único Árbol de la vida como el diagrama de la izquierda es 102.860 veces más probable que uno de múltiples árboles como el de la derecha. Las líneas de puntos representan transmisiones de genes horizontales y no son parte del árbol.

Capítulo 10

Un virus de la cuarta dimensión

La geometría se convirtió en una rama muy desarrollada y poderosa de las matemáticas gracias al trabajo de filósofos y matemáticos de la Antigua Grecia. El geómetra más famoso de la Antigua Grecia, aunque no el de más talento, era Euclides de Alejandría.⁴² Estableció unas bases sistemáticas para la geometría en sus *Los elementos*, un desarrollo lógico de la geometría escrito alrededor del año 300 a.C. Se convirtió en el libro de texto más exitoso que nunca se ha escrito, con miles de ediciones desde su primera impresión en Venecia en 1482.

El clímax de *Los elementos* es la clasificación y construcción de los cinco sólidos regulares: el tetraedro, el cubo, el octaedro, el dodecaedro y el icosaedro. Los nombres, el cubo aparte, se refieren al número de caras: 4, 6, 8, 12 y 20, respectivamente.⁴³ Las caras del cubo son cuadradas; las del dodecaedro, pentagonales y las de los otros tres son triángulos equiláteros (véase la figura 24).

En la mayoría de las áreas de la ciencia, los descubrimientos hechos hace 2.300 años ya no son demasiado relevantes, aunque el

⁴² Euclides estableció una base sistemática para la geometría, pero él parece no haber creado por sí mismo mucha geometría. Se considera generalmente que otros geómetras griegos, tales como Apolonio, Eudoxo o Arquímedes, han sido más creativos como matemáticos.

⁴³ El cubo también puede llamarse hexaedro, para que haya concordancia de los nombres, pero no es tan habitual.

principio de Arquímedes sobre los cuerpos flotantes y su ley de la palanca todavía están en uso y tienen más o menos esa edad.⁴⁴

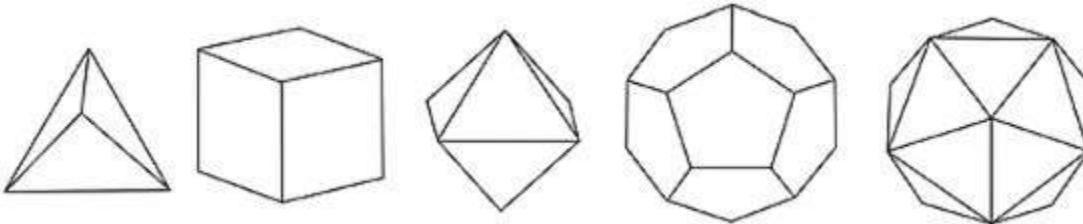


Figura 24. Los sólidos regulares. De izquierda a derecha: tetraedro, cubo, octaedro, dodecaedro e icosaedro.

Pero los matemáticos basan los nuevos descubrimientos en los que ya había, y una vez se prueba que algo es cierto, permanece de ese modo. Así que tiende a estar presente. Se crean nuevos estándares de rigor, las definiciones se hacen más herméticas, se presentan nuevas interpretaciones y temas que una vez estuvieron en boga se hunden en la oscuridad, pero las ideas matemáticas fundamentales son bastante permanentes.

El icosaedro es un buen ejemplo. Siempre ha desempeñado un papel en las matemáticas puras; en 1908, el matemático francés Charles Hermite descubrió cómo usar la geometría del icosaedro para resolver ecuaciones algebraicas de grado cinco. Pero hasta el siglo XX no hubo aplicaciones significativas del icosaedro en el mundo real, porque no parecía presentarse en la naturaleza. Desde 1923, ha aparecido en el diseño de objetos: el ingeniero Walther

⁴⁴ Por ejemplo, el principio de Arquímedes sigue siendo fundamental para el diseño de barcos, porque determina si flotará y, si es así, lo estable que será. Y la ley de la palanca se incorpora en el software informático para el diseño de edificios, coches y puentes.

Bauersfeld lo usaba como las bases del primer proyector de un planetario y el arquitecto Buckminster Fuller reinventó la idea y lo usó para diseñar cúpulas geodésicas. También subyace en la geometría del balón de fútbol moderno, que es un desarrollo del icosaedro, lo truncas cortando las esquinas para, por supuesto, hacerlo más redondeado. El mismo desarrollo capta la estructura del buckminsterfullereno, una molécula descubierta recientemente que consta de 60 átomos de carbono y nada más, la cual forma una trama aproximadamente esférica (véase la figura 25).

* * * *

Sin embargo, cuando los métodos del microscopio electrónico y la difracción de rayos X se pusieron en marcha, el sólido de 20 caras de Euclides se convirtió en una característica regular de la biología. El contexto era los virus, estructuras diminutas demasiado pequeñas para ser vistas en un microscopio óptico, pero visibles en un microscopio electrónico más potente. Los virus son una causa importante de enfermedades en los humanos, los animales y las plantas; la palabra en latín «virus» significa «veneno». Los virus son un poco más grandes que la mayoría de las moléculas biológicas, pero un virus típico es alrededor de cien veces más pequeño que una bacteria típica. Dado que el volumen varía según el cubo de la longitud, podrías empaquetar un millón de virus ($100 \times 100 \times 100$) dentro de una única bacteria si no se desperdicia espacio. Hay alrededor de 5×10^{30} bacterias en la Tierra, pero el número de virus es alrededor de diez veces mayor. Ninguna de estas cifras es especialmente precisa, y ambas podrían estar subestimadas, pero

dan una sensación general para los números. Los virus superan en número a los humanos en 10^{22} a uno.

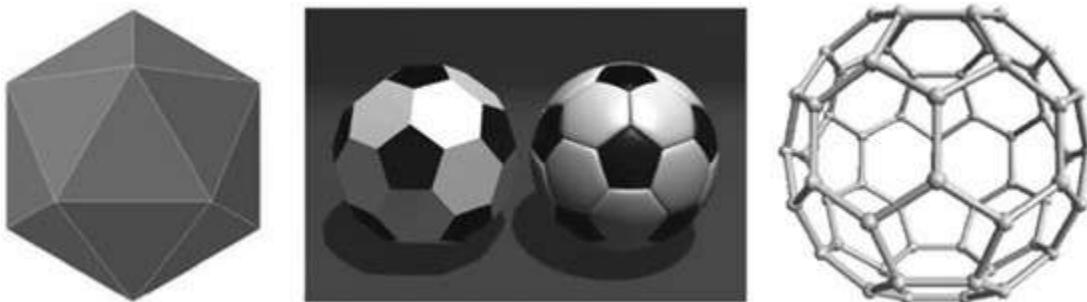


Figura 25. A la izquierda: icosaedro. En el medio: icosaedro truncado y balón de fútbol. A la derecha: buckminsterfullereno.

Las bacterias definitivamente están calificadas como vida, porque pueden reproducirse usando su propio proceso genético. Los virus pueden estarlo o no, tienen genes, secuencias de ADN y ARN, pero no pueden reproducirse usando solo sus propios genes. En cambio, se reproducen de forma explosiva alterando la maquinaria bioquímica reproductiva de una bacteria, tal como un documento puede reproducirse usando una fotocopia como intermediario. Realmente, unos pocos virus pueden replicarse sin ayuda, pero son excepciones. Algunos biólogos sostienen que la definición de vida debería extenderse para incluir a los virus.

Se han encontrado alrededor de cinco mil tipos distintos de virus desde que Martinus Beijerinck hizo el primer descubrimiento, el virus del mosaico del tabaco, en 1898, y evidencias indirectas nos dicen que debe haber millones. La mayoría de los virus tiene dos componentes principales: genes formados de ADN o ARN,

encerrados con una proteína de envoltura conocida como cápside vírica. La cápside vírica está habitualmente formada a partir de unidades de proteína idénticas, conocidas como capsómeros. Algunos virus también tienen una capa extra de lípidos (grasa) para la protección cuando están fuera de una célula.



Figura 26. *Enterobacterifago T4*.

Ya en 1956, se cayó en la cuenta de que la mayoría de los virus tenían o bien la forma de un icosaedro o bien helicoidal, o la forma de un balón de fútbol o de una escalera de caracol. Algunos tienen una estructura más compleja, por ejemplo, en enterobacterifago T4 tiene una cabeza de icosaedro, un tallo helicoidal y una base hexagonal de la cual cuelgan fibras. Parece una molécula que

aterriza en la Luna (véase la figura 26). Pero la principal forma que se observa es el elegante icosaedro de Euclides, que, desprovisto de aplicación práctica durante más de dos mil años, resulta ser justo lo adecuado para hacer un virus (véase la figura 27).

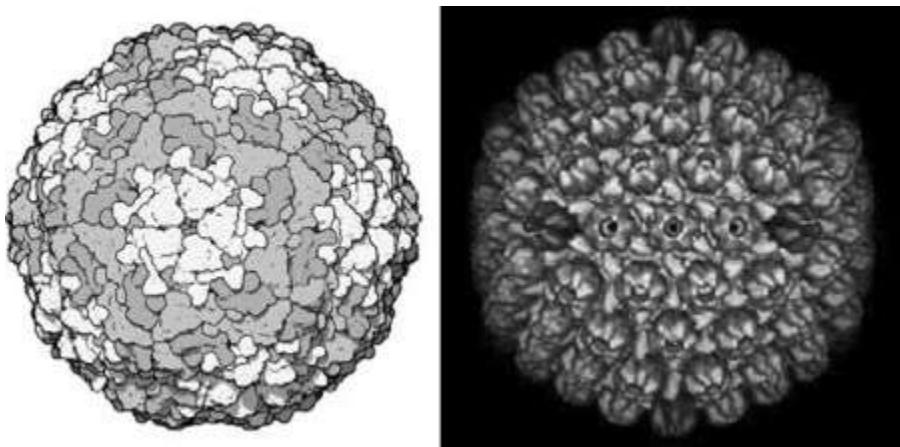


Figura 27. Estructura de icosaedro de dos virus. A la izquierda: el virus de la fiebre aftosa del ganado no tiene simetría bilateral y tiene 60 simetrías. A la derecha: el virus del herpes simple tiene simetría bilateral y 120 simetrías más.

Hay una explicación cualitativa basada en minimizar energía que dice lo siguiente: las envolturas de los virus están normalmente construidas a partir de muchas copias de una molécula de proteínas aproximadamente esférica. Una colección de tales moléculas usa la energía mínima, algo que la naturaleza encuentra deseable, si las moléculas están tan próximas como para tener una forma esférica. Las pompas de jabón son esferas porque esta es la forma que tiene una menor superficie, por lo tanto la menor energía de tensión superficial, mientras encierra un volumen dado. Las

envolturas de los virus no pueden formar esferas exactas porque las unidades de proteínas que la componen causan protuberancias (intenta ajustar un centenar de pelotas de tenis juntas para hacer una esfera lisa). De modo que lo hacen lo mejor que pueden. De todos los sólidos de Euclides, el icosaedro es el más cercano a la esfera. El icosaedro truncado es incluso más esférico, de ahí su uso para el fútbol con el añadido de que las piezas se hacen incluso más redondeadas cuando se infla el balón. Así que la evolución y la FIFA (la Federación Internación de Asociaciones de Fútbol) propusieron, de manera independiente, la misma forma por la misma razón. Hasta el mundial de 2010, esto es, cuando los balones se hicieron de un modo diferente y todo el mundo se quejó.

* * * *

En el núcleo del icosaedro, de hecho, de los cinco sólidos regulares está el concepto de simetría. Desde principios del siglo XIX, los matemáticos han desarrollado una profunda teoría de la simetría, con aplicaciones en todas las ciencias, conocida como teoría de grupos. Podría escribir un libro hablando de cómo surgió la teoría de grupos (y lo he hecho).⁴⁵ La clave es que la simetría de un objeto no es una cosa, sino una *transformación*, cuya aplicación deja al objeto con exactamente la misma apariencia.

Diciéndolo sin rodeos, que suena como un galimatías: una simetría transforma el objeto, pero lo deja exactamente con el mismo aspecto. Sí, y hay pequeños hombres verdes en la Luna pero son invisibles así que nadie podrá nunca descubrirlos... Correcto.

⁴⁵ Ian Stewart, *Belleza y verdad. Una historia de la simetría*, Crítica, Barcelona (2008).

Realmente, la afirmación tiene más sentido si se interpreta del modo adecuado. Una transformación es un modo de cambiar las cosas de sitio o desplazarlas. En este caso, las transformaciones pertinentes son movimientos rígidos, especialmente rotaciones o reflexiones. Piensa ahora en un cuadrado, que intuitivamente tiene muchísima simetría. Por ejemplo, las cuatro esquinas tienen la misma forma. Un modo de captar esta característica es rotar el cuadrado sobre su centro en un ángulo recto. El resultado es un cuadrado idéntico, con una orientación idéntica. Si cierras tus ojos mientras se rota el cuadrado y no hay marcas en él, entonces cuando los abras de nuevo, no te darías cuenta de que ha sucedido algo. De modo que la transformación «rotar un ángulo recto» es una simetría del cuadrado. En total, hay ocho de esas simetrías: deja el cuadrado solo; rótalo en uno, dos o tres ángulos rectos, refléjalo con respecto a una de sus diagonales, refléjalo respecto a una de las líneas que une los puntos medios de lados opuestos.

Estas transformaciones tienen un tipo de «cierre» agradable; realiza dos de ellas seguidas y el resultado es una de las ocho simetrías que hay. Se dice que forman un grupo. Esto mismo es cierto para las simetrías de cualquier otro objeto. Un círculo es mucho más simétrico que un cuadrado, y tiene infinitamente muchas más simetrías: rotarlo un ángulo cualquiera o reflejarlo respecto de cualquier diámetro. Pero de nuevo, cualesquiera que sean las dos simetrías que realices seguidas, tienen el mismo efecto que una única simetría. Rotarlo 14° o 53° , el resultado es el mismo que una única rotación de 67° , que es $14^\circ + 53^\circ$.

Los sólidos regulares de Euclides tienen grupos de simetría ricos y bellos. El tetraedro tiene 24 simetrías, el cubo y el octaedro tienen 48, y el dodecaedro y el icosaedro tienen la enorme cantidad de 120. Las propiedades de las simetrías de estos sólidos son lo que les hace tan frecuentes en las matemáticas puras modernas. Observa que sólidos diferentes, como el dodecaedro y el icosaedro, pueden tener el mismo número de simetrías. Hay una buena razón, si dibujas un punto en el medio de cada cara de un icosaedro, obtienes los 20 vértices del dodecaedro. De modo similar, si dibujas un punto en el centro de cada cara de un dodecaedro, obtienes los 12 vértices del icosaedro. Las relaciones geométricas adecuadas entre formas pueden darles los mismos grupos simétricos.

La arquitectura de una cápside vírica es biológicamente importante, en particular, ayuda con el análisis de imágenes del virus, como las que se obtienen por la cristalografía con los rayos X, y con la construcción de modelos de cómo los virus se ensamblan. La estructura icosaédrica de los virus no solo determina la forma global, es inherente a la disposición de las unidades proteicas. Hasta hace poco, la principal descripción teórica de la arquitectura de la cápside era la que tiene su origen en 1962 y es gracias a dos biofísicos, uno americano y otro británico, Donald Caspar y Aaron Klug.⁴⁶

Las envolturas de virus con forma de icosaedro están hechas a partir de formaciones triangulares de capsómeros, que encajan unos

⁴⁶ D.L.D. Caspar y A. Klug, «Physical principles in the construction of regular viruses», *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology* 27, Cold Spring Harbor Laboratory, Nueva York (1962), 1-24.

con otros como las caras de un icosaedro. Cada triángulo está hecho fila a fila de capsómeros, colocados como las bolas al empezar una partida de billar. Observando todavía más de cerca, esa no es precisamente toda la historia; las filas de capsómeros pueden torcerse, de modo que algunas filas llegan hasta la arista del triángulo y se arquean para dar el siguiente triángulo. La naturaleza obviamente no tiene problema haciendo dichas formas, pero son ligeramente extrañas matemáticamente, y el primer paso para entender los patrones es averiguar su categoría matemática y encontrar sus características comunes.

Como las bolas de billar, la mayoría de los capsómeros están rodeados por otros seis (hexámeros). Sin embargo, algunos están rodeados solo por otros cinco (pentámeros). Resulta que esta condición la fuerza la geometría. Si representamos la cápside vírica como un poliedro, poniendo en los vértices los capsómeros y uniendo capsómeros adyacentes con aristas, entonces los hexámeros son los vértices de los que parten 6 aristas y los pentámeros de los que parten 5 aristas. Este hecho solo impone condiciones matemáticas en el número posible de capsómeros. Leonhard Euler, uno de los matemáticos más importantes de todos los tiempos, descubrió una fórmula que relacionaba el número de caras, aristas y vértices de un sólido. Concretamente, para cualquier poliedro que sea topológicamente equivalente a una esfera.

$$C - A + V = 2$$

Donde C es el número de caras, A el número de aristas y V el número de vértices. Por ejemplo, un cubo tiene $C = 6$, $A = 12$, $V = 8$, y $6 - 12 + 8 = 2$. Este hecho es conocido como la fórmula de Euler para los poliedros. Un cálculo simple usando la fórmula demuestra que la envoltura de un virus compuesta meramente por hexámeros y pentámeros, debe tener exactamente 12 pentámeros. El método no especifica dónde se dan, pero prueba que tienen que estar.

Casper y Klug siguieron estas pistas topológicas. Primero observaron los virus helicoidales y luego consideraron los icosaédricos. Aquí, el problema matemático básico es agrupar unidades idénticas para obtener formas parecidas a la esfera, teniendo presente que la relación entre cada unidad y las adyacentes es probable que esté limitada por vínculos químicos disponibles. El caso más simple es cuando hay solo una de esas relaciones, geométricamente esto significa que cada unidad está rodeada exactamente por la misma configuración de unidades adyacentes. Esto, a su vez, implica un alto grado de simetría, que para abreviar llamaré «simetría perfecta» y, de manera inmediata, sugiere considerar los sólidos regulares. Entre estos, el icosaedro es el candidato más convincente; de todos los sólidos regulares, es la mejor aproximación a la esfera. Además, las imágenes por microscopio electrónico de varios virus parecen ser icosaedros, aunque Caspar y Klug indicaron que esto «no necesariamente significa que la simetría en el nivel de las moléculas es icosaédrica».

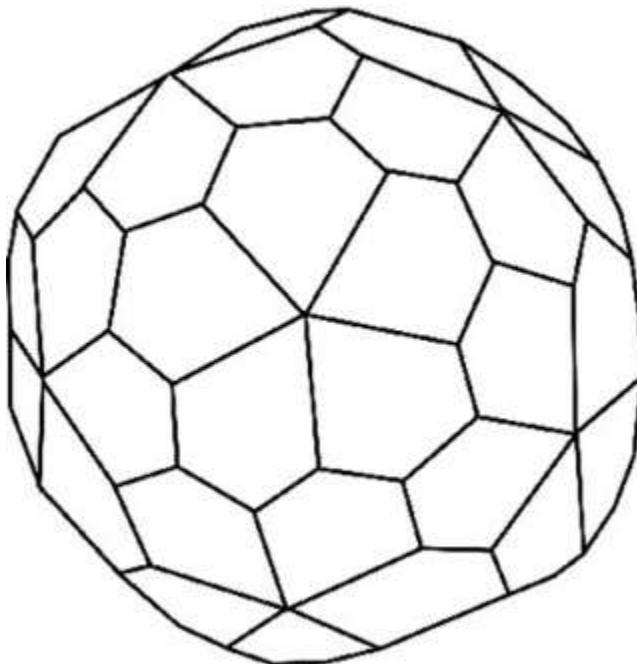


Figura 28. Ensamblaje de 60 unidades idénticas de modo que cada una tiene la misma relación con sus unidades vecinas.

Con la exigencia de simetría perfecta, una ordenación icosaédrica puede claramente alojar 12 o 20 unidades; 12 si están situadas en las esquinas, 20 si están situadas en el centro de las caras. El mayor número de unidades que pueden encajar unas con otras de modo que cada unidad tenga igual su entorno más cercano es 60 (véase la figura 28). Esto aumenta a 120 si las imágenes de reflejo en el espejo se consideran idénticas, pero las moléculas biológicas tienden a tener una «lateralidad» específica, así que esto es poco probable. De nuevo, la simetría es icosaédrica.

De lo que se concluye que el número de unidades de un virus con simetría perfecta debe ser 12, 20 o 60. Sin embargo, ninguno de los virus que conocían Caspar y Klug empleaban esos números y la mayoría de ellos tenían más de 60 unidades. De hecho, ninguno de

ellos tenía un múltiplo de 60 unidades, que podría darse haciendo un poco más flexible la exigencia de la simetría perfecta. La salida más probable es hacer incluso más flexible la exigencia, y Caspar y Klug encontraron inspiración de una fuente poco común: el arquitecto Buckminster Fuller. Fuller tenía un vínculo con las formas geométricas y la cúpula geodésica es una de sus ideas más famosas, un cierre aproximadamente esférico hecho ensamblando un gran número de paneles triangulares unos con otros. Esta cúpula alojó el pabellón de Estados Unidos en la Exposición Universal de 1967 que tuvo lugar en Montreal y versiones hemisféricas se pueden encontrar en el Proyecto Edén en Cornualles.

No se puede hacer una cúpula geodésica a partir de triángulos equiláteros colocando 6 en un vértice porque eso formaría un plano. Fuller, siguiendo el ejemplo de varios predecesores, se dio cuenta de que triángulos que eran casi equiláteros podían ensamblarse unos con otros para hacer la cúpula. Esta disposición no tenía una simetría perfecta, en cambio, los triángulos tenían dos tipos diferentes de entorno. En consistencia con la fórmula de Euler, algunos deben estar dispuestos de modo que 5 de ellos formen un vértice, mientras que el resto se juntarán 6 en un vértice. Caspar y Klug se dieron cuenta de que aunque las unidades adyacentes se sujetan las unas a las otras generalmente por las mismas disposiciones de vínculos químicos, estos vínculos pueden flexionarse un poco, de modo que los ángulos de los vínculos pueden ser ligeramente diferentes para unidades que no están

simétricamente relacionadas. Los experimentos realizados por el químico ganador del Premio Nobel, Linus Pauling, sugieren que los ángulos de los vínculos pueden variar hasta 5° respecto a los valores medios, lo que permite cierta flexibilidad.

Caspar y Klug obtuvieron una gama poco ortodoxa de sólidos llamados pseudoicosaedros, que son familiares para geómetras expertos, pero no para la mayoría de los matemáticos. Son sólidos que recuerdan al icosaedro pero son menos regulares. Se pueden construir a partir de un recubrimiento del plano con triángulos equiláteros. Lo primero es escoger dos números a y b (véase la figura 29). Empezando por un vértice, hay que trasladarse a unidades a la derecha y b unidades con un ángulo de 120° respecto a esta dirección para obtener un segundo vértice; luego localizar el tercer vértice de modo que se forme un gran triángulo equilátero conteniendo muchos vértices del mosaico inicial. Veinte de estos triángulos pueden entonces ensamblarse unos con otros para formar un poliedro icosaédrico con $10(a^2 + ab + b^2) + 2$ vértices, de los cuales 12 son pentámeros y el resto hexámeros. Los pentámeros siempre están en los ejes de la simetría icosaédrica, las «esquinas». Ejemplos de arquitectura de pseudo icosaedros se dan en la tabla 8.

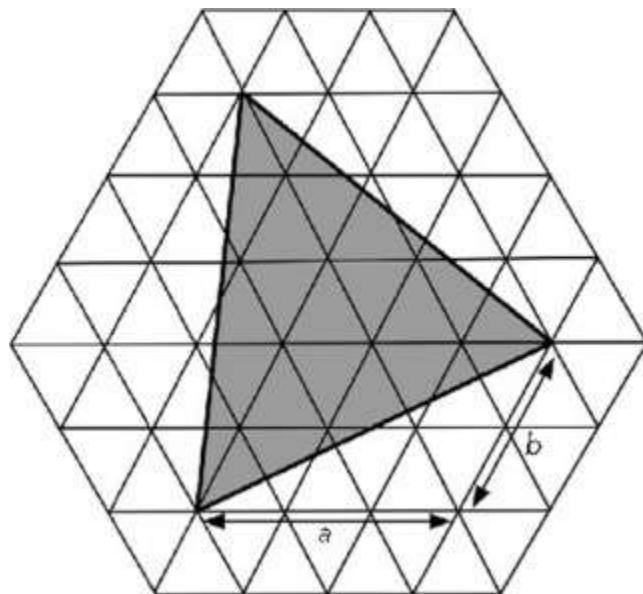


Figura 29. Construcción del triángulo de base de un pseudo icosaedro.

La teoría de Caspar-Klug se aplica a muchos virus icosaédricos diferentes, pero hay excepciones. Hace cuarenta años, Nicholas Wrigley observó que algunos virus icosaédricos no tenían esta estructura de pseudo icosaedro. En vez de eso, podían describirse por lo conocido como poliedros de Goldberg, que son paquetes hexagonales en la superficie de un icosaedro.⁴⁷ Sin embargo, incluso estas estructuras son insuficientes para clasificar las disposiciones de los capsómeros en los virus icosaédricos, por ejemplo, en 1991, Robert Liddington y sus colegas indicaron que el poliomavirus tiene muchos más pentámeros que los 12 encontrados en el pseudo

⁴⁷ N.G. Wrigley, «An electron microscope study of the structure of Sericesthis iridescent virus», *Journal of General Virology* 5 (1969), 123-134; N.G. Wrigley, «An electron microscope study of the structure of Tipula iridescent virus», *Journal of General Virology* 5 (1970), 169-173.

icosaedro y los poliedros de Goldberg.⁴⁸ De manera que era necesaria alguna descripción matemática más general.

Llegado este punto, los biólogos tenían otras cosas en mente, pero los matemáticos todavía estaban dándole vueltas a las excepciones. Alrededor del año 2000, la matemática nacida en Alemania, Reidun Twarock, y su equipo de investigación de la Universidad de York, desarrollaron una teoría más general de la geometría de los virus basada en los principios de la simetría casi análogos a la teoría de grupos del icosaedro.⁴⁹

TABLA 8. Números para los virus pseudo icosaédricos

| $\{a, b\}$ | N.º de capsómeros | Virus |
|------------|-------------------|-------------------------------|
| {1, 1} | 32 | Del mosaico amarillo del nabo |
| {2, 0} | 42 | Bacteriófago ΦR |
| {2, 1} | 72 | Papiloma del conejo |
| {1, 2} | 72 | Verruga humana |
| {3, 0} | 92 | Reo virus |
| {4, 0} | 162 | Herpes, varicela |
| {5, 0} | 252 | Adenovirus tipo 12 |
| {6, 0} | 362 | Hepatitis infecciosa canina |

Había solo una diferencia: ahora la geometría tenía lugar en cuatro dimensiones, no en tres.

⁴⁸ R.C. Liddington, Y. Yan, J. Moulai, R. Sahli, T.L. Benjamin y S.C. Harrison, «Structure of simian virus 40 at 3.8-A° resolution», *Nature* 354 (1991), 278-284.

⁴⁹ R. Twarock, «A mathematical physicist's approach to the structure and assembly of viruses», *Philosophical Transactions of the Royal Society of London A* 364 (2006), 3357-3374.

* * * *

La cuarta dimensión...

Suena a historia de ciencia ficción, un reino escondido colindante con nuestro mundo del día a día por el que merodean todo tipo de extrañas criaturas... De hecho, así es como el concepto se retrata en *La máquina del tiempo* de H.G. Wells de 1895, en el que el viajero del tiempo se transporta a un punto lejano en el futuro de la humanidad, donde esta se encuentra dividida en los láguidos Eloi y los grotescos Morlocks. Pero Wells basa su novela en un tema de la ciencia real que se había hecho muy popular en su época. Él da el mérito de la idea a «una discusión de estudiantes en los laboratorios y sociedades de debate del Royal College of Science en los ochenta (del siglo XIX)». Cuando la historia empieza, el viajero del tiempo invoca a la cuarta dimensión para explicar por qué una máquina así es posible:

Hay en realidad cuatro dimensiones, tres de las cuales llamamos los tres planos del Espacio y una cuarta, el Tiempo. Hay, sin embargo, una tendencia a trazar una distinción irreal entre las tres primeras dimensiones y la última, porque nuestra conciencia se mueve de forma intermitente en una única dirección a lo largo de esta última dimensión desde el principio al final de nuestra vidas... Pero alguna gente filosófica se ha estado preguntando el porqué de las tres dimensiones en particular, ¿por qué no otra dirección en ángulo recto respecto a esas tres?, y han tratado de construir una geometría de cuatro dimensiones. El

profesor Simon Newcomb estuvo exponiendo esto en la Sociedad Matemática de Nueva York hace tan solo un mes más o menos.

Es un asunto de récord histórico que Newcomb, uno de los matemáticos americanos más eminentes de su época, publicase acerca del espacio de cuatro dimensiones en 1877 y hablase sobre ello a la Sociedad Matemática de Nueva York en 1893. Las cuatro dimensiones (y más) eran importantes temas de investigación de matemáticas y física.

Algunos teólogos de la época victoriana vieron «la» cuarta dimensión como una localización oportuna para Dios, contigua a nuestro universo en todos los puntos, pero todavía fuera de él y proporcionando a la deidad una completa visión del universo entero con una simple mirada. Pero entonces los teólogos del hiperespacio decidieron que la quinta dimensión sería incluso mejor, la sexta mejor todavía... y que nada menor que una dimensión de orden infinito serviría para una deidad omnipotente y omnipresente. Al mismo tiempo, los espiritistas encontraron la cuarta dimensión igualmente adecuada como un hogar para los espíritus de los muertos; los que creían en fantasmas tenían una visión parecida, con el cambio obvio en la identidad de las entidades que habitaban esta dimensión escondida; varias sectas y grupos pseudocientíficos encontraron modos efectivos de racionalizar sus propias creencias haciendo unas pocas referencias a la cuarta dimensión, y unos pocos sinvergüenzas descarados usaron artimañas topológicas para

«probar» que tenían acceso a la cuarta dimensión y estafar a la gente para que les diese dinero.

Fue un fallo de los matemáticos realmente, habían puesto este particular mecanismo en marcha y los físicos lo cogieron y corrieron con él. Luego, la cultura popular, sin la restricción de la necesidad de estar cerca de una especulación razonable, llevó la idea hasta sus límites; tal como, más recientemente, la idea de la clonación ofrecida por los medios de un planeta poblado por copias exactas de seres humanos, esto a la vez que los biólogos fracasaban duplicando una célula. Con la oveja *Dolly*, la realidad alcanzó a la ficción, pero la clonación de humanos no existe todavía.

La cuarta dimensión ha ido mucho mejor, y, en todo caso, ahora la realidad está por delante de la ficción, excepto en lo que a viajar en el tiempo se refiere. El concepto ha sido totalmente respetable en matemáticas y física durante un siglo y los científicos ahora emplean, de manera rutinaria, conceptos matemáticos con un número cualquiera de dimensiones: cuatro, diez, cien, un millón... Incluso infinitas. Las imágenes de espacios multidimensionales se han extendido a la biología y la economía, junto con las técnicas matemáticas asociadas. La idea puede sonar descabellada, pero es muy natural en realidad. Si bien su pertinencia en este capítulo es una aplicación directa de una geometría de cuatro dimensiones a, sorprendentemente, los virus. Puede parecer una idea extraña, pero la cuarta dimensión y sus primas mayores son de gran ayuda en la comprensión de cómo los virus ponen juntas sus unidades de proteínas.

* * * *

Cuando los matemáticos empiezan a hablar con términos familiares pero lo que dicen no tiene sentido, normalmente es porque o bien se han apropiado de palabras y les han dando un significado totalmente diferente o bien porque han extendido el significado usual a un contexto más amplio. Un grupo no es simplemente una colección de objetos similares, un anillo no tiene nada que ver con la joyería, ni siquiera con los círculos y no constará de cabeza, tronco y extremidades un cuerpo matemático. Términos como «dimensión», «espacio» y «geometría» se encuentran en la segunda categoría y es más fácil malinterpretarlos, porque los significados nuevos no están tan claramente diferenciados de los anteriores.

Una regla no escrita para extender el significado de una palabra es que debería conservar su significado original en su contexto original. Está bien presentar un concepto nuevo de, por ejemplo, «espacio», siempre y cuando los espacios que nos son familiares de la geometría de Euclides (el plano y bueno, el espacio) estén todavía incluidos. Siempre que este convenio se cumpla, no te confundirás al aplicar el nuevo significado en el viejo contexto. Aunque quizás te confundas en un contexto nuevo si asumes que las características específicas del antiguo todavía siguen vigentes, tal como que «espacio» es algo en lo que los humanos pueden o no vivir.

«Dimensión» es un buen ejemplo. El plano tiene dos dimensiones, nuestra noción familiar de espacio tiene tres. Cualquier extensión de la palabra a otros «espacios» debería preservar estos hechos. No obstante, la definición tradicional —el número de direcciones

independientes— no es sagrada. Ni tan siquiera es sagrada en el contexto tradicional, puedes cambiar la definición siempre que la respuesta siga siendo dos y tres, respectivamente.

Tradicionalmente, a veces hablamos de «dimensiones» individuales. El largo es una dimensión, lo mismo que el ancho y el alto. Hay que tener un poco de cuidado, porque la misma palabra puede significar también «tamaño». La dimensión más larga, en este sentido, de una caja es la que sea más grande de estas tres, pero realmente la «dimensión» más larga es la diagonal, que es mayor que cualquiera de estas. Los matemáticos y la ciencia se han decidido por una noción más general de dimensión, en la cual, podemos decir con seguridad, algún espacio tiene, por ejemplo, diez dimensiones, sin decir cuáles son estas dimensiones. El énfasis ha cambiado: el espacio tiene dimensión diez. No definimos cosas llamadas dimensiones y luego las contamos para probar que hay diez. Aclarado el punto, listas de diez cosas sí existen, pero no llamamos a estas cosas dimensiones. Las llamamos coordenadas.

Los matemáticos no presentaron espacios de muchas dimensiones por diversión o para impresionar a la gente. Lo hicieron porque lo necesitaban. A finales del siglo XIX, una variedad de progresos, motivados por todo, desde la geometría pura a la mecánica celeste, parecían apuntar en la dirección de una misma idea. Casi al mismo tiempo, los físicos empezaron a darse cuenta de que muchas claves descubiertas cobraban más sentido si se formalizaban en un «espacio tiempo» de cuatro dimensiones: las tres dimensiones

tradicionales del espacio más una extra del tiempo. Pero el tiempo no era la cuarta dimensión, solo una posibilidad.

Abreviando una historia que es larga, la dimensión de un espacio es el número de coordenadas independientes necesarias para especificar las cosas que pertenecen a él. Espacios con muchas dimensiones proporcionan un modo conveniente de describir sistemas en los que le podemos dar los valores que queramos a muchas variables distintas. El «espacio» de todas esas elecciones tiene una estructura natural, una generalización directa de las dos y tres dimensiones matemáticas familiares. En particular, podemos especificar qué significa para dos «puntos» en uno de estos espacios estar cerca uno de otro; las variables que se corresponden la una con la otra deberían tener valores que estén cerca el uno del otro.

Además, los «puntos» no necesitan realmente ser puntos. El plano es un conjunto de puntos, pero puede también ser pensado como, por ejemplo, una colección de elipses. El conjunto de todas las elipses en el plano es un objeto matemático interesante por derecho propio. ¿Cómo puedes especificar una elipse? Hagámoslo para la geometría euclídea, donde las imágenes nos son más familiares.

Necesitas saber:

- Dónde está el centro de la elipse (2 números)
- Cómo de larga es (1 número)
- Cómo de ancha es (1 número)
- Cuál es su ángulo de inclinación (1 número)

Por lo tanto, en resumen, para especificar una elipse usamos cinco números (véase la figura 30).

El «espacio» de las elipses es de dimensión cinco. Y es un espacio en el sentido de que si cambias los números que representan una elipse en cantidades pequeñas, obtienes una elipse «cercana». Es muy parecida. Y cuanto más pequeño es el cambio, más parecidas son.

Desde un punto de vista, el plano es bidimensional. Desde otro, tiene dimensión cinco. Pero es el mismo plano de un modo u otro, por lo tanto no tiene sentido afirmar que existe el espacio bidimensional pero no uno de dimensión cinco. Aquí hay dos aspectos de lo mismo.

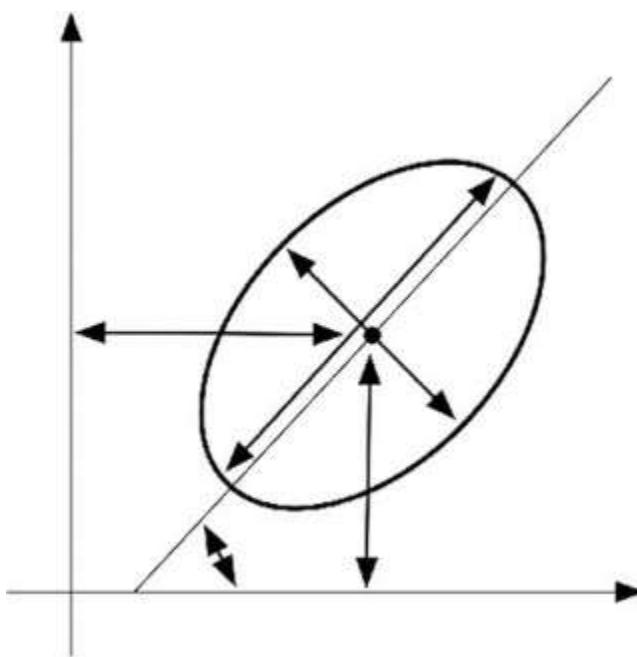


Figura 30. Se necesitan cinco números para determinar una elipse en el plano.

Aparte de la familiaridad y la tradición, no hay una buena razón matemática para preferir el conjunto de puntos al conjunto de elipses. Qué punto de vista es mejor depende de las preguntas que estés haciendo. Debido a este tipo de razones los matemáticos llegaron no solo a tolerar espacios de dimensiones mayores, sino a sentirse perdidos sin ellos.

* * * *

Esta idea sencilla resultó ser tan útil que rápidamente invadió la física. Hoy en día, la física de partículas, por ejemplo, no puede ni siquiera plantearse adecuadamente sin usar espacios con prácticamente cualquier número de dimensiones. Los ingenieros también se unieron en el acto. Si estás intentando calcular las cargas y tensiones en una rejilla de 100 vigas de metal, entonces tienes 100 fuerzas con las que trabajar. Ya que no sabes qué son hasta que haces las cuentas, estás conceptualmente analizando una lista de 100 números arbitrarios y tratando de seleccionar el correcto. Esto es, estás buscando un punto en un espacio de 100 dimensiones.

Los ingenieros encuentran esa terminología molesta y prefieren el concepto más físico de «grados de libertad». ¿Cuántas cosas diferentes pueden variar independientemente? Pero es la misma idea. Pensar en todas las posibles configuraciones de algunos sistemas complicados, como un «punto» en un «espacio» de todas las configuraciones potencialmente posibles, da una imagen tan vívida y un estímulo conceptual que han impregnado todas las ramas de la ciencia y más allá.

Un ejemplo que viene al caso es el espacio del ADN. Una secuencia de, para simplificar, diez bases de ADN permite cuatro elecciones (A, C, G, T) en cada localización por separado. De modo que el «espacio del ADN», el conjunto de todas las posibles secuencias, puede pensarse como un «espacio» de dimensión diez, con cada dimensión individual tomando cuatro posibles valores: A, C, G o T. Reemplaza «diez» por cualquier otro número, tal como un millón, y lo mismo sigue vigente.

Este espacio tiene una geometría natural. Dos secuencias están cerca la una de la otra si difieren en un número pequeño de posiciones. Por ejemplo, AAAAAAAA está muy cerca de AAAACAAAA, un poco más lejos de AAAACTAAA y aún más lejos de AAGAACTAAA, y así sucesivamente. La «distancia» entre dos secuencias es el número de bases en el cual difieren. Esta noción recuerda, en muchos aspectos, a la distancia en el plano bidimensional o el espacio tridimensional corriente, aunque difiere en otros. Si estás interesado en las bases genéticas de la evolución, cuya manifestación más sencilla son «mutaciones puntuales» en las que una base cambia, esta noción de distancia es ideal, es igual al número mínimo de mutaciones que podrían conducir una secuencia a otra.

Los biólogos han encontrado el concepto de espacio del ADN o espacio secuencia muy instructivo. Coincide con una idea similar usada en ciencias de la computación para describir mensajes digitales en teoría de la información. Los biólogos no están solos. Los economistas ven los precios de un millón de productos como un

punto, o vector, en un espacio hipotético de dimensión un millón, y los procesos matemáticos que usan, tales como los métodos de optimización, son explícitamente motivados por esta imagen. Los astrónomos, tras descubrir que necesitaban 18 números para describir el estado del sistema Tierra-Luna-Sol, trabajan en un espacio matemático de dimensión dieciocho. La geometría de este espacio 18-dimensional les dice mucho sobre cómo se comporta este sistema de tres cuerpos.

La tendencia de los virus a experimentar mutaciones genéticas ipso facto se delata por este tipo de uso del espacio multidimensional. Formaliza el uso de semejanzas en las secuencias del ADN para deducir cambios evolutivos pasados y clasifica virus en «cepas», diferentes variantes que surgen por la mutación o intercambio de material genético. Estos cambios son importantes en medicina porque las vacunas que funcionan para una cepa podrían no ser efectivas para otra cepa diferente.

Probablemente recuerdes la pandemia de fiebre porcina de 2009, cuando una gran cantidad de muertes en México anunciaron la llegada de una nueva cepa del virus de la gripe. La secuenciación reveló que esta cepa, conocida como H1N1, se había desarrollado combinando material genético de cuatro cepas de gripe anteriores. Algun tiempo antes, tres cepas se habían combinado de este modo; una se produjo en los cerdos, una en pájaros y una en humanos. Esta nueva cepa pasó en buena parte desapercibida, hasta que se combinó con otro virus de la fiebre/gripe porcina. En este punto, la Organización Mundial de la Salud se hizo cargo y declaró que el

virus era una pandemia mundial. Los gobiernos de todo el mundo se apresuraron a solicitar el suministro de la vacuna adecuada, adaptada a la nueva cepa. En este caso, H1N1 probó ser menos peligrosa de lo que se temía; en agosto de 2010 solo 15.000 personas habían muerto a causa del virus, muchas menos que los millones que la prensa sensacionalista pregonó, y menos que el número de muertos que normalmente causa la gripe corriente de temporada y, por eso, la respuesta ha sido criticada por excesiva. Pero H1N1 era inusual, tenía peores efectos en los jóvenes que en la gente mayor que había estado expuesta con anterioridad a una cepa relacionada y había desarrollado una inmunidad. No está claro si las autoridades reaccionaron en exceso, o si la mayoría de nosotros tuvimos suerte.

* * * *

El espacio secuencia usa la geometría multidimensional como un marco descriptivo, e ideas parecidas podrían usarse sin el lenguaje geométrico asociado. El trabajo de Twarock sobre los virus implica un uso más profundo de la geometría multidimensional: emplear teoremas minuciosos sobre la complicada geometría de espacios con cuatro o más dimensiones para entender la estructura de los virus. En una serie de artículos, especialmente uno publicado en 2004, Twarock desarrolló una versión más general de la teoría de Caspar-Klug, aplicable al poliomavirus y otras excepciones.⁵⁰ Esta aproximación, conocida como teoría de ensamblaje viral, permite a

⁵⁰ R. Twarock, «A tiling approach to virus capsid assembly explaining a structural puzzle in virology», *Journal of Theoretical Biology* 226(4) (2004), 477-482.

los capsómeros ordenarse en modos más generales que el enrejado hexagonal de las bolas de billar. En particular, los pentámeros no necesitan colocarse en los vértices del icosaedro subyacente. La teoría de ensamblaje viral no es sencilla, porque los pentágonos regulares no recubren el plano, si tratas de ensamblar unos con otros para cubrirlo, o bien se superponen o dejan agujeros, y los enrejados de la cristalografía en dos y tres dimensiones no pueden tener una simetría rotacional quíntuple.

Una percepción clave surgió indirectamente a través del descubrimiento de diseños de cuasi cristales, tales como el famoso mosaico de Penrose (véase la figura 31).

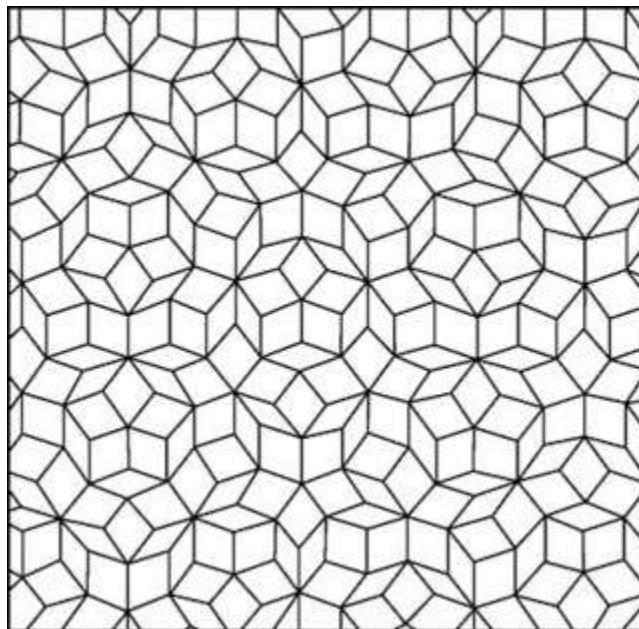


Figura 31. Mosaico de Penrose.

En diseños de este tipo, las piezas encajan unas con otras según unas reglas matemáticas específicas, pero no forman una celosía,

esto es, un diseño que repite las mismas disposiciones una y otra vez como el diseño del empapelado de una pared. Un mosaico de Penrose cubre el plano infinito sin agujeros o superposiciones, usando dos tipos de azulejos. Los diseños que resultan incorporan una simetría quíntuple de un pentágono regular. Aunque lo cierto es que estos no son diseños de celosías, pueden entenderse usando un truco matemático, son representaciones en espacios de 2D y 3D de partes adecuadas de diseños de celosías en espacios de dimensiones mayores.



Figura 32. Diseño de una «no-celosía» en dos dimensiones.

Esta idea puede entenderse usando una analogía. Construir diseños que no son celosías en 2D a partir de diseños de celosías en 3D. El diseño de la celosía en 2D está basado en recubrir usando una misma figura: ciertas figuras conducen a diseños con más simetrías que el resto, especialmente celosías de cuadrados y de hexágonos.

La figura 32 muestra un mosaico del plano (2D) con piezas de dos formas diferentes: un triángulo equilátero y un hexágono. Este no es el diseño de una celosía, que entre otras cosas usaría solo piezas con una forma, pero, aun así, es muy simétrica y regular.

Resulta que podemos construir el mismo diseño de mosaico a partir de una celosía, siempre que nos traslademos a un espacio 3D. La celosía requerida es la cúbica, la más simple de las celosías en 3D. Es como un tablero de ajedrez en 3D, con cubos en lugar de los cuadrados tradicionales. La característica más obvia de un cubo es que sus caras son cuadradas, pero el diseño que estamos considerando no tiene cuadrados, está hecho a partir de triángulos equiláteros y hexágonos. No obstante, está escondida en el diseño de la celosía cúbica. De hecho, si haces láminas de este diseño en 3D usando un plano que está inclinado para cortar por los puntos medios de tres aristas adyacentes de uno de los cubos que la componen, obtienes exactamente el diseño en 2D requerido.

En este momento, al tomar una sección laminada de un diseño 3D sencillo, obtenemos el diseño más complejo en una dimensión inferior. Hay otra estrategia disponible, proyectar partes del diseño 3D en un plano apropiado, algo como la proyección de las imágenes de una película a partir del rollo de la película en la pantalla. Mejor todavía, se pueden usar ambas, las secciones y las proyecciones. Los detalles no importan demasiado, la ventaja matemática es que podemos entender diseños complejos en términos de otros más simples. La complejidad de los mosaicos de Penrose, por ejemplo, de este modo se puede simplificar. El precio que pagamos es haber

tenido que extender el diseño a un espacio de dimensión mayor, pero en lo que a los matemáticos se refiere, esto no es un problema, es fácil y estándar. Quizá suene como una gran cosa a alguien que no está acostumbrado a estos trucos, especialmente cuando los espacios involucrados son 4D o 5D, pero algebraicamente esto tiene sentido, y eso justifica su uso, como también proporciona un modo de hacer las cuentas.

Twarock se preguntó si era posible usar este truco en virus icosaédricos, que no fuesen diseños de celosías en 3D. Eso significa pasar a un espacio 4D como mínimo, quizás de dimensión mayor. Las potentes matemáticas de los grupos de simetría pueden aplicarse y demostrar que la dimensión más pequeña de una celosía con simetría icosaédrica no es 4, sino 6.

Aunque los espacios 6D quizás parezcan irrelevantes a la biología, merece la pena recordar que los ingredientes de una descripción matemática con frecuencia carecen de homólogos físicos directos. Por ejemplo, el movimiento de la Tierra y la Luna alrededor del Sol está, por naturaleza, en su mayor parte representado como un sistema dinámico en un espacio 18D, con 3 coordenadas de posición y 3 de velocidad para cada cuerpo, a pesar de que cualquier configuración de los cuerpos se halla en un espacio 3D corriente. De modo que la geometría de las celosías en espacios no-físicos de dimensiones grandes debería considerarse como una técnica útil para determinar diseños con características especiales de elementos que no sean celosías en 3D, no como una descripción literal de un proceso físico.

El grupo icosaédrico pertenece a una clase importante de grupos de simetría conocida como grupos de Coxeter, llamados así por el geómetra H.S.M. («Donald») Coxeter,⁵¹ que son análogos a un calidoscopio en dimensiones mayores. Trabajando con Tom Keef, Twarock ha aplicado esta clase de grupos a la estructura de los virus icosaédricos en términos de una celosía 6D con una simetría icosaédrica conocida como D_6 . Adaptando los métodos de los mosaicos de Penrose, han construido una clase de posibles estructuras para los virus definidas como proyecciones de una celosía 6D con simetría D_6 en un espacio 3D.

La proyección de la celosía D_6 completa llenaría el espacio densamente con puntos, pero el mismo tema surge para los mosaicos de Penrose y la respuesta es considerar solo un subconjunto de D_6 , una lámina cuyo grosor no sea cero, por así decirlo, y proyectar solo esa parte de D_6 . Esta técnica de «cortar y proyectar» produce todos los pseudo icosaedros, pero también estructuras adicionales con más de 12 pentámeros. En particular, las estructuras del poliomavirus, el SV40 y el bacteriófago HK97 tienen ahora justificación.

Las técnicas matemáticas empleadas aquí van desde ideas que están bien asentadas en teoría de grupos y cristalografía, pasando por contribuciones más modernas como los grupos de Coxeter, a innovaciones recientes inspiradas por los mosaicos de Penrose. Las estructuras que resultan tienen, sin duda, interés biológico. Un modo de atacar a virus es interferir con su proceso de ensamblaje, y

⁵¹ Si te estás preguntando cómo se extrae Donald de H.S.M., la M significa Mac Donald.

la geometría del virus completamente formado proporciona pistas sobre sus potenciales puntos débiles en este proceso. La teoría de ensamblaje viral va más allá que la aproximación de Caspar-Klug, al permitir diferentes tipos de vínculos entre capsómeros, de manera que representa las configuraciones moleculares reales más fielmente. También descubre nuevos modos de pensamiento en lo que a las malformaciones tubulares se refiere, donde el virus se ensambla como un tubo más que como una aproximación a la esfera. Por ejemplo, si cambia el entorno químico de un virus que se está formando, puede provocar que adquiera forma de tubo, una forma no contagiosa, más que el icosaedro que sí es contagioso, lo que parece plausible, luego sería posible impedir la duplicación del virus.

Otras aplicaciones incluyen estructuras entrecruzadas, tales como las existentes en el bacteriófago HK97, en el cual vínculos químicos adicionales se dan entre capsómeros adyacentes; las propiedades físicas de las cápsides, que podrían sugerir nuevos modos de destruir el virus; y el modo en que el genoma se agrupa con los virus. Las investigaciones en esta área enigmática continúan. Pero lo que se sabe hasta la fecha justifica totalmente la visión de que la geometría abstracta en dimensiones grandes nos puede decir muchas cosas útiles sobre los virus reales en tres dimensiones.

Capítulo 11

Una instalación eléctrica escondida

Comparados con la mayoría del resto de los animales, tenemos el cerebro inusualmente grande. Estamos muy orgullosos de nuestro cerebro, porque es la fuente de la inteligencia humana, que según cualquier definición razonable es mayor que la de la mayoría de las otras criaturas (aunque tengo mis dudas sobre los delfines). Sin embargo, la inteligencia no puede ser solo una cuestión del tamaño del cerebro, absoluto o relativo. Algunos animales tienen un cerebro más grande y más pesado que nosotros, y algunos de esos animales tienen un cerebro cuyo peso, en proporción con su cuerpo, es mayor que el nuestro. De modo que el tamaño o peso del cerebro por sí solo no parece implicar inteligencia y tampoco el tamaño o peso relativo del cerebro (véase la figura 33).

De hecho, nuestro gran cerebro puede que no sea tan inusual como se ha asumido con anterioridad. Suzana Herculano-Houzel y sus colegas del Laboratorio de Neuroanatomía Comparada en Río de Janeiro han analizado el tamaño del cerebro de numerosas especies, y han hallado que nuestro cerebro es más o menos del tamaño que se esperaría en un gran primate.⁵² En lo que concierne al cerebro, no somos más que monos a escala más grande.

⁵² S. Herculano-Houzel, B. Mota y R. Lent, «Cellular scaling rules for rodent brains», *Proceedings of the National Academy of Sciences* 103 (2006) 12138-12143; S. Herculano-Houzel, «The human brain in numbers: a linearly scaled-up primate brain», *Frontiers in Human Neuroscience* 3 (2009) artículo 31.

No obstante, los monos son listos. Mucho más listos que muchas otras criaturas con cerebros del mismo tamaño. En muchos tipos de animales, a cerebros más grandes corresponden células nerviosas más grandes, pero en los primates, las células nerviosas no cambian de tamaño, no importa lo grande que sea el cerebro. De manera que, el cerebro de un mono tiene muchas más neuronas que, por ejemplo, el cerebro de un roedor de un tamaño parecido.

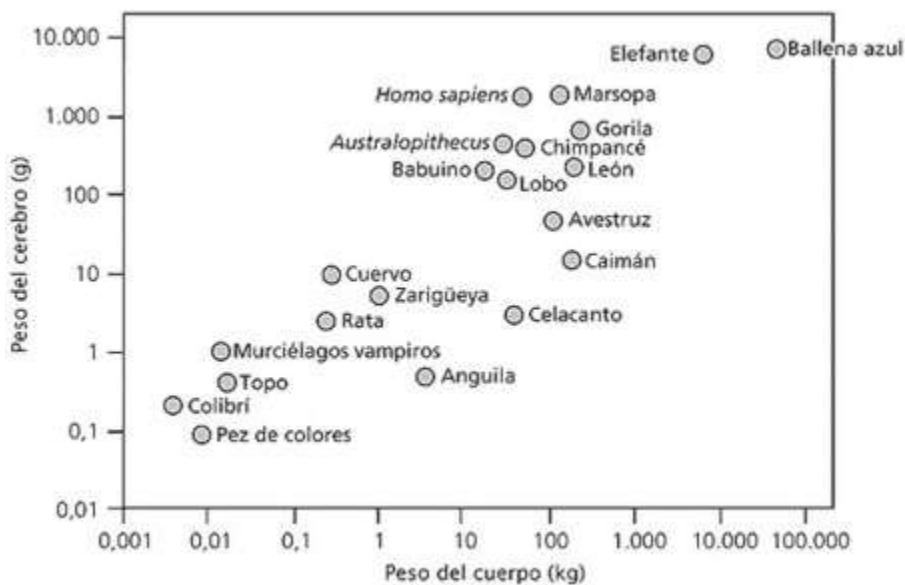


Figura 33. Relación entre el peso del cerebro y del cuerpo.

Lo que importa no es lo grande que tengas el cerebro, sino qué puede hacer y cómo lo usas.

En la Antigüedad, la función del cerebro era un misterio. Cuando los egipcios momificaban a sus faraones, cuidadosamente quitaban hígado, pulmones, riñones e intestinos, y los ponían en los conocidos como vasos canopos, así el rey podría usar estos órganos vitales en el más allá. Pero raspaban el cerebro abriendo un agujero

en el cráneo en la parte posterior de la nariz, lo removían hasta que se hacía papilla, lo sacaban y lo tiraban. Está claro que creían que el rey no necesitaría su cerebro en el más allá y su razón era que parecía que no servía para nada.

Por otro lado, como todas las culturas de la época, sabían que si la cabeza de alguien se golpeaba con un garrote en la batalla, entonces moriría. Una de las representaciones favoritas en las paredes de los templos era una «escena de golpes», en la cual el rey aporreaba a sus enemigos con una maza. De modo que es de suponer que se dieron cuenta de que necesitaban una cabeza intacta para sobrevivir, pero descartaron el cerebro porque no parecía tener ninguna función útil. Era tan solo un relleno para la cabeza.

El cerebro humano es un órgano muy complicado, hecho con células nerviosas, un tipo especial de células que están unidas las unas a las otras por cadenas y redes, y se envían señales entre ellas. Un cerebro humano típico contiene alrededor de cien mil millones (10^{11}) de células nerviosas, que forman hasta mil billones (10^{15}) de conexiones. Si algunas propuestas recientes son ciertas, otro tipo de célula, llamada célula glial, también contribuye en la actividad de procesamiento del cerebro y hay al menos tantas como células nerviosas, hay quien dice que diez veces más.

Las células nerviosas, también conocidas como neuronas, no se encuentran solo en el cerebro. Están impregnadas por el cuerpo, formando una densa red que transmite señales desde el cerebro a los músculos y otros órganos, y recibe señales de los sentidos: vista, oído, tacto, etcétera... Las células nerviosas son la instalación

eléctrica escondida que hace que el cuerpo funcione. Incluso humildes criaturas como los insectos tienen redes de neuronas complicadas. El nematodo *Caenorhabditis elegans* es un gusano minúsculo, muy estudiado porque siempre tiene el mismo número de células con la misma distribución: 959 en el hermafrodita adulto, 1.031 en el macho adulto. Un tercio de ellas son células nerviosas.

* * * *

Incluso una única célula nerviosa es compleja. Pero lo que hace a las células nerviosas tan poderosas como dispositivos de señalización y procesamiento de datos es su capacidad para transmitir los mensajes en cadena. El cuerpo principal de células nerviosas tiene muchas pequeñas protuberancias, conocidas como dendritas, que reciben las señales entrantes (véase la figura 34). La célula nerviosa también transmite señales de salida, que viajan a lo largo de su axón, el equivalente biológico al cable de la luz. El axón puede ramificarse en su extremo, de modo que la misma señal pueda llegar a muchos receptores diferentes. Las señales son eléctricas, como en las comunicaciones modernas y usan un voltaje muy bajo. Se generan, distribuyen y actúan a través de reacciones químicas. La señal más simple es una pulsación de actividad eléctrica corta y aguda, pero las células nerviosas también producen señales que oscilan, o que se dan en pequeños disparos, o que se comportan de un modo más complicado.

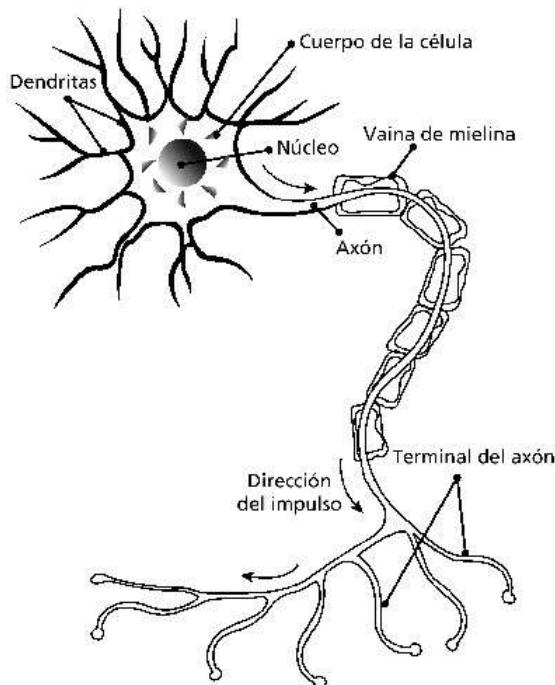


Figura 34. Célula nerviosa.

Conectando los axones a las dendritas, las células nerviosas pueden formar redes estructuradas. Las matemáticas de dichas redes, que analizaremos a su debido tiempo, muestran que la dinámica resultante puede ser mucho más complicada que cualquier cosa que las componentes de las células nerviosas puedan hacer por sí solas, igual que un ordenador puede hacer cosas que un transistor no puede. Sin embargo, incluso una única célula nerviosa es algo complicado de describir y modelizar matemáticamente.

Dispersas por el cuerpo hay muchas redes de neuronas especializadas diferentes, que hacen que los músculos se contraigan o que detectan y procesan datos sensoriales. Las redes con solo unas pocas neuronas pueden realizar tareas sofisticadas. Grandes redes de unos pocos centenares de neuronas ya resultan demasiado

complejas para entenderlas en detalle, pero pueden hacer muchas cosas que las pequeñas no pueden. Una red de cien mil millones de neuronas —un cerebro— representa un serio reto tanto para los biólogos como para los matemáticos. De hecho, no hay ninguna posibilidad real de conseguir una comprensión total, el cerebro es demasiado complejo. No obstante, se han hecho muchos progresos, porque hasta cierto punto el cerebro tiene una estructura modular y podemos estudiar módulos individuales, los cuales son más simples.

* * * *

El más simple de dicho módulos es una única célula nerviosa. Si no puedes entender cómo funciona una única célula nerviosa, no llegarás lejos con un cerebro entero. Una de las primeras aplicaciones importantes de las matemáticas a la biología sucedió en la neurociencia, el estudio del sistema nervioso, en 1952. El problema era la transmisión de impulsos eléctricos individuales a lo largo del axón nervioso, la base de las señales que se envían de una neurona a otra. El biofísico de Cambridge Alan Hodgkin y Andrew Huxley elaboraron un modelo matemático para este proceso, que ahora se conoce como las ecuaciones de Hodgkin-Huxley.⁵³ Su modelo describe cómo un axón responde a señales entrantes que recibe de la célula nerviosa. Hodgkin y Huxley recibieron el Premio Nobel por este trabajo.

⁵³ A. Hodgkin y A. Huxley, «A quantitative description of membrane current and its application to conduction and excitation in nerve», *Journal of Physiology* 117 (1952), 500-544.

Hodgkin y Huxley partieron de un modelo físico del axón nervioso, tratándolo como un cable de transmisión de electricidad mal aislado. El aislamiento es malo porque algunos de los átomos que toman parte en las reacciones químicas asociadas pueden filtrarse. Más exactamente, lo que se filtra son iones, átomos cargados. Los principales vehículos de la fuga de voltaje son los iones de sodio y los iones de potasio, aunque otros iones, especialmente el calcio, también tienen un papel. De modo que Hodgkin y Huxley anotaron la ecuación matemática estándar para la electricidad que pasa a lo largo de un cable, y la modificaron teniendo en cuenta los tres tipos de fuga: pérdida de iones de sodio, de iones de potasio y todos los otros iones (principalmente calcio). Las ecuaciones de Hodgkin-Huxley afirman que la corriente eléctrica en un cable es proporcional a la tasa de cambio del voltaje (esto es la ley de Ohm, una pieza simple y básica de la física de la electricidad), junto con términos adicionales que cuentan para los tres tipos de fuga.⁵⁴

Las ecuaciones reales son liosas debido a la forma complicada de los términos de fuga y no pueden resolverse con una fórmula, así que Hodgkin y Huxley hicieron lo que todos los científicos y matemáticos hacen en estas circunstancias: resolvieron las ecuaciones numéricamente. Lo que quiere decir que calcularon aproximaciones de la solución muy buenas. Ya había métodos

⁵⁴ Las ecuaciones de Hodgkin-Huxley son de la forma:

$$I = C \frac{dV}{dt} + g_K n^4 (V - V_K) + g_{Na} m^3 h (V - V_{Na}) + g_L (V - V_L)$$

Donde I = corriente de la membrana, C = la capacidad eléctrica de la membrana, V = voltaje, V_K , V_{Na} y V_L son constantes relacionadas con el potasio, el sodio y otros canales iónicos, y m, n y h están determinadas por tres ecuaciones diferenciales basadas en los datos observados.

excelentes y arraigados para hacerlo. Y así otra rama más de las matemáticas, el análisis numérico, entra en juego. Hodgkin y Huxley no tenían un ordenador, era raro que alguien lo usase en aquella época y los que existían eran del tamaño de una casa pequeña. De modo que realizaron los cálculos a mano, usando una calculadora. El resultado fue que un pico del voltaje debería desplazarse a lo largo del axón (véase la figura 35). Con valores específicos para varios datos, obtenidos en experimentos, calcularon lo rápido que se desplazaba el pico.

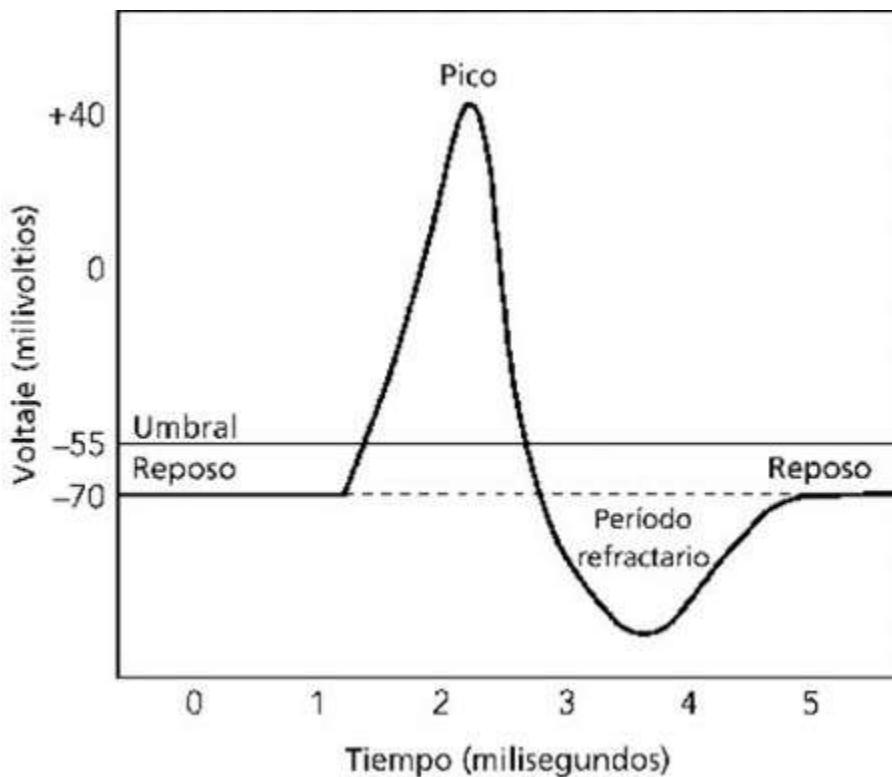


Figura 35. Pico del voltaje que se predice en el modelo de Hodgkin-Huxley.

Su cifra de 18,8 metros por segundo comparada con el valor observado de 21,2 metros por segundo, y el perfil calculado del pico estaban muy en concordancia con el experimento.

El pico tiene algunas características importantes que ayudaron a comprender cómo funciona una célula nerviosa. Las señales entrantes tienen que ser mayores que un valor del umbral particular antes de que la célula nerviosa se despierte y provoque un pico. Esto impide que se provoquen señales de salida falsas por ruido aleatorio de niveles bajos. Si la señal de entrada está bajo el umbral, el voltaje en el axón aumenta ligeramente pero luego se desvanece de nuevo. Si es sobre el umbral, la dinámica de la célula nerviosa provoca que el voltaje incremente bruscamente y luego se desvanece todavía más bruscamente, estos dos cambios crean el pico. A continuación, hay un breve «período refractario» durante el cual la célula nerviosa no responde a ninguna señal entrante. Esto mantiene los picos separados (y picudos). Después de eso, la célula vuelve al reposo y está lista para responder a la siguiente señal que reciba.

* * * *

En la actualidad, hay muchos modelos matemáticos de una única célula nerviosa o axón. Algunos sacrifican realismo por la simplicidad y son incluso más simples que las ecuaciones de Hodgkin-Huxley. Otros buscan un mayor realismo, que automáticamente los hace más complicados. Como siempre, hay un elemento de compensación: cuantas más características del mundo real añadas al modelo, más difícil resultará averiguar qué puede

hacer. El objetivo, no siempre alcanzable, es conservar las características que importan y descartar todo lo que es irrelevante.

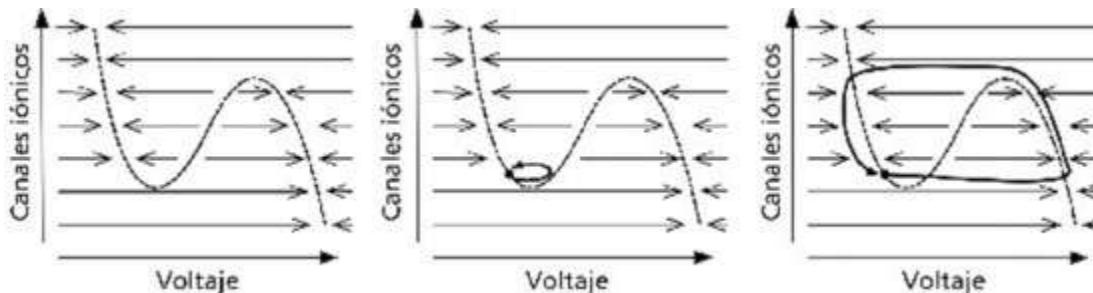


Figura 36. Excitabilidad en las ecuaciones de FitzHugh-Nagumo. A la izquierda: dirección en la cual cambia el voltaje. En el medio: una pequeña perturbación se extingue y el estado vuelve al reposo (punto negro). A la derecha: una perturbación grande provoca un pico del voltaje seguido por una vuelta al reposo lenta.

Uno de los modelos más simples dio una comprensión valiosa: el axón nervioso es un medio excitabile. Responde a entradas pequeñas amplificándolas, luego apaga el proceso de amplificación temporalmente, de modo que las señales llegan hasta un valor finito, en lugar de crecer indefinidamente. El modelo correspondiente se obtiene a partir del trabajo de Richard FitzHugh en el Instituto Nacional de Salud de Bethesda en Maryland, a principios de la década de los sesenta del siglo XX, y es conocido como las ecuaciones de FitzHugh-Nagumo.⁵⁵ FitzHugh hizo

⁵⁵ Las ecuaciones de FitzHugh-Nagumo (sin corriente aplicada) son:

simplificaciones matemáticas meditadas en las ecuaciones de Hodgkin-Huxley, combinando los papeles de los canales iónicos en una sola variable.

La otra variable clave es el voltaje. De manera que las ecuaciones de FitzHugh-Nagumo son un sistema de dos variables y pueden representar esas variables como dos coordenadas del plano. En resumen, podemos dibujarlas.

La figura 36 muestra la característica más importante de las ecuaciones de FitzHugh-Nagumo: la excitabilidad. La imagen de la izquierda muestra una curva ondulada en el plano de las dos variables de estado, esta es la curva sobre la que el voltaje no cambiaría con el paso del tiempo si las corrientes iónicas fuesen fijas. Las flechas muestran la dirección en que el voltaje cambia a medida que pasa el tiempo. La imagen del medio muestra el efecto de una pequeña perturbación producida por una señal entrante. El estado de reposo se altera, pero fracasa en cruzar la línea de puntos, de modo que hace una pequeña excursión y vuelve rápidamente a su estado de reposo. La imagen de la derecha muestra el efecto de una perturbación más grande, de nuevo el estado de reposo se altera, pero ahora cruza la línea de puntos, de modo que hace una larga excursión y finalmente vuelve, lentamente, a su estado de reposo. Esta propiedad se llama

$$\frac{dv}{dt} = v(a - v)(v - 1) - w$$

$$\frac{dw}{dt} = bv - gw$$

Donde v es una forma adimensional del voltaje V , y w combina los papeles de m , n y h de las ecuaciones de Hodgkin-Huxley en una sola variable

excitabilidad y es una de las características matemáticas fundamentales tanto del modelo de Hodgkin-Huxley, como del de FitzHugh-Nagumo. La excitabilidad es lo que permite a la neurona generar un gran pico del voltaje cuando se da una pequeña, aunque no demasiado pequeña, perturbación y la vuelta segura al reposo, incluso si llegan más señales que podrían interferir con este proceso.

Esta secuencia de sucesos muestra cómo una neurona que obedece a las ecuaciones de FitzHugh-Nagumo puede generar un único pico del voltaje aislado. Las células nerviosas reales hacen esto, pero también generan largas series de impulsos, los cuales oscilan. Imágenes parecidas revelan que el modelo de FitzHugh-Nagumo puede producir también oscilaciones.

Esto es solo el modelo más simple para la dinámica de la célula nerviosa. Hay muchos otros y determinar cuál es el apropiado depende de la pregunta que se quiera responder. Cuanta más potencia tenga tu ordenador, más «realistas» se pueden hacer las ecuaciones. Pero si el modelo se complica demasiado, a menudo proporciona poca comprensión más allá de «hace esto y lo otro, porque el ordenador lo dice». Para algunas preguntas, un modelo más simple aunque menos realista puede ser mejor. Este es el arte de los modelos matemáticos, y es más un arte que una ciencia.

La excitabilidad es una de las razones por las que las células nerviosas pueden enviarse señales unas a otras. De hecho, para empezar, es la razón de que las señales puedan producirse. Pero el comportamiento realmente interesante se presenta cuando varias

células se envían señales las unas a las otras. Las células nerviosas en animales reales forman redes complejas. Los biólogos matemáticos tan solo están empezando a entender el increíble poder de las redes. Una red de componentes relativamente simples, comunicándose a través de poco más que una serie de picos, puede hacer cosas extraordinarias. De hecho, puede probablemente hacer todo lo que nuestro cerebro puede hacer, en lo que a manipular entradas sensoriales y generar señales de salida al cuerpo se refiere. Esto parece probable porque el cerebro es una red de células nerviosas muy, muy, muy compleja. Y hay buenas razones para pensar que la mayoría de las increíbles capacidades del cerebro son consecuencia de la arquitectura de las redes.

* * * *

Uno de los temas de biología en los que he trabajado yo mismo da un bonito ejemplo de las redes de células nerviosas. El tema es la locomoción animal: cómo los animales se mueven usando sus piernas, qué patrones usan y cómo se producen estos patrones. Este es un gran tema por derecho propio, con una historia fascinante, pero aquí solo puedo tratarlo superficialmente.

En julio de 1985, estaba de viaje por el parque de secuoyas en la costa de California junto con otros dos matemáticos y un físico en un Mini. Íbamos camino de casa tras una conferencia matemática en Arcata, una pequeña población unas 200 millas al norte de San Francisco. Para pasar el tiempo, cuando no estábamos saltando del coche para observar los árboles gigantes, Marty Golubitsky (uno de los matemáticos) y yo empezamos a pensar en los patrones que se

forman cuando encierras juntas en un anillo muchas unidades idénticas.

Ya habíamos ideado un método general para hacer aproximaciones a este tipo de preguntas. Predecía que anillos de este tipo deberían generar ondas viajeras en las que unidades sucesivas rodean el anillo para hacer exactamente lo mismo pero con demora. El ejemplo más simple es extender tus brazos hacia los lados y dejarlos colgando a partir de los codos. Ahora balancea de delante a atrás la parte que está colgando. Normalmente, o bien se sincronizan y ambos brazos se mueven en el mismo sentido, o bien se «antisincronizan» y el brazo izquierdo hace exactamente lo opuesto a lo que hace el brazo derecho.

Patrones parecidos se presentan cuando hay más de dos componentes. Por ejemplo, si juntas cuatro componentes en un cuadrado, con cada una conectada a la siguiente, entonces puedes obtener patrones en los cuales las cuatro componentes oscilan periódicamente, pero hay una diferencia en el tiempo de un cuarto de período entre cada componente y la siguiente. Es como cuatro personas cantando la misma melodía en cuatro tiempos una y otra vez, pero uno empieza con la primera nota, el siguiente empieza con la segunda, el siguiente con la tercera y el último con la cuarta.

Después, nos dimos cuenta de que patrones parecidos se dan en la locomoción de los animales. Los animales se mueven siguiendo una variedad de patrones, llamados andaduras, repitiendo la misma secuencia de movimientos una y otra vez en una serie de «ciclos de andadura». Un caballo, por ejemplo, puede ir al paso, trotar, ir a

medio galope o galopar, cuatro andaduras distintas, cada una con su propio patrón característico. Mientras va al paso, las piernas se mueven por turnos y cada una pisa el suelo en cuartos consecutivos del ciclo de andadura. De modo que las secuencias son: izquierda trasera, izquierda delantera, derecha trasera, derecha delantera una y otra vez, y todas con idéntico espaciado. El trote es similar, pero un par de piernas diagonal pisa el suelo primero y el otro par lo hace medio ciclo de andadura después. Así que en ambas andaduras, las cuatro patas hacen esencialmente lo mismo, pero con diferencias de tiempo específicas.

Hay diez o doce patrones comunes de andaduras de animales y docenas de patrones poco comunes. Algunos animales, como el caballo, usan varias andaduras diferentes. Otros solo usan una, aparte de estar de pie sin más. Cuatro de las andaduras más comunes se ilustran en la figura 37.

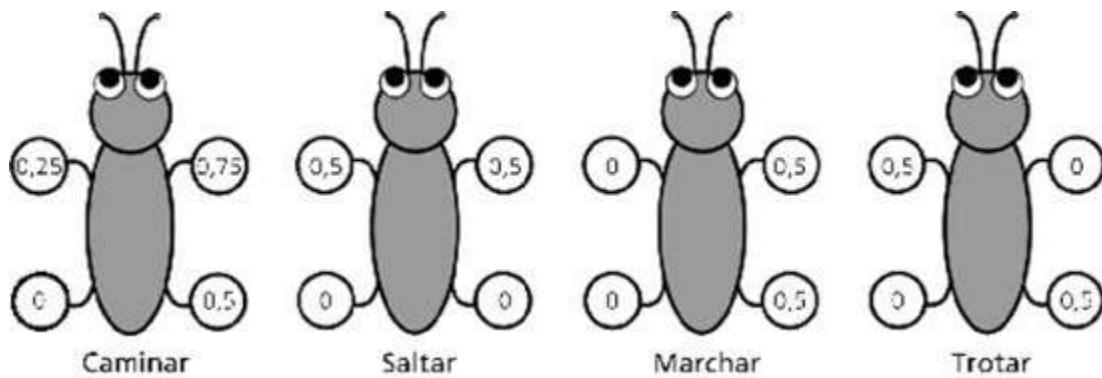


Figura 37. Algunas de las andaduras de animales de cuatro patas comunes. El número indica la fracción del ciclo de andadura en la que cada pata pisa el suelo.

Jim Collins, un biomecánico (alguien que aplica la mecánica a la biología, especialmente a la medicina) del Instituto Médico de la Universidad de Boston oyó nuestras ideas y nos dijo que las andaduras están pensadas para producirse gracias a un circuito relativamente simple en el sistema nervioso de los animales, conocido como generador central de patrones (GCP). No se encuentra en el cerebro, sino en la espina dorsal, y establece los ritmos básicos, los patrones, para el movimiento de los músculos y que realmente hace que el animal camine, trote o galope.

Nadie había visto un GCP realmente hasta el momento. Su existencia se deducía indirectamente y en algunos sectores eran un poco polémicos, pero la evidencia era bastante fuerte. Sin embargo, la red de conexiones exacta entre células nerviosas no se conocía. Así que lo hicimos lo mejor que pudimos y elaboramos los patrones más plausibles, asumiendo varias estructuras más o menos naturales para el GCP. Empezamos con los cuadrúpedos y continuamos aplicando ideas similares a las criaturas de seis patas: los insectos.

Había ya mucho trabajo hecho acerca de la mecánica locomotora de las patas. Nuestra aproximación era más abstracta, tratando de deducir la estructura de un GCP hipotético a partir de patrones observados en las patas. Y tuvo una consecuencia interesante: reveló que la misma red de células nerviosas, operando bajo condiciones diferentes, es capaz de generar la mayoría de las andaduras simétricas de los cuadrúpedos y, bajo unas

circunstancias más refinadas, también algunas menos simétricas como el medio galope y el galope.

Ninguna de las redes que propusimos era completamente satisfactoria por varias razones técnicas. Discusiones con Golubitsky y el matemático afincado en Ontario, Luciano Buono, llevaron a la comprensión de que cualquier GCP factible para cuadrúpedos debía tener al menos dos unidades por pata, una para trabajar los músculos que flexionan la pierna y otra para trabajar los que la extienden. De modo que el GCP más natural para los cuadrúpedos debería tener ocho elementos (véase la figura 38).⁵⁶

Esta red puede generar todas las andaduras de cuatro patas básicas. Además de los patrones de andadura estándar, pronosticó uno que no habíamos encontrado antes. En esta andadura, que llamamos el salto, las dos patas traseras pisan el suelo a la vez, y luego las dos patas delanteras pisan el suelo a la vez, con una diferencia de un cuarto del ciclo de andadura. Si hubiese sido la mitad del ciclo, esta andadura habría sido una estándar, a saltos. Los perros van dando saltos cuando corren rápido, por ejemplo. Pero un cuarto del ciclo de andadura era un verdadero misterio, especialmente teniendo en cuenta que ninguna pata pisaba el suelo en la mitad o los tres cuartos del ciclo. Era como pensar que, de algún modo, el animal se quedaba suspendido en el aire.

⁵⁶ M. Golubitsky, I. Stewart, P.-L.Buono y J.J. Collins, «Symmetry in locomotor central pattern generators and animal gaits», *Nature*401 (1999), 693-695.

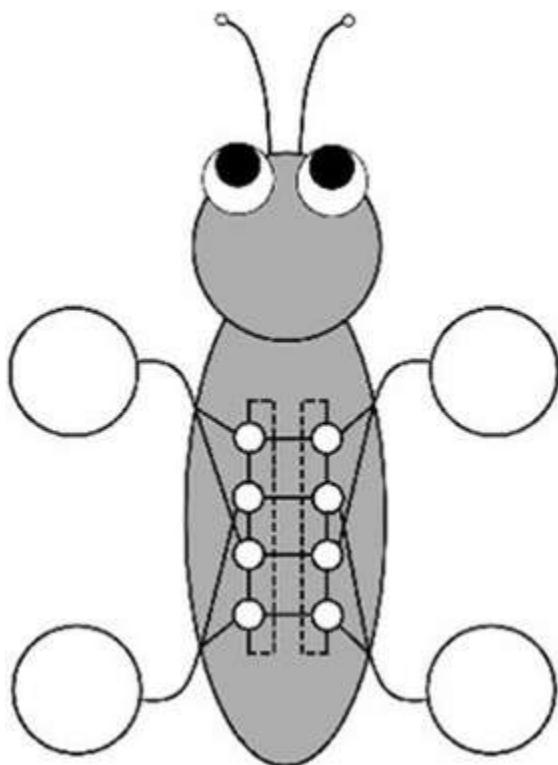


Figura 38. Arquitectura pronosticada del GCP de un cuadrúpedo. Dos círculos de cuatro módulos idénticos están vinculados a izquierda y a derecha. Dos módulos conectados a cada pierna, determinando la coordinación de los dos grupos de músculos. La imagen es esquemática y puede que haya muchas más conexiones en el GCP, pero teniendo la misma simetría.

Llegamos a esta conclusión una tarde. El *Houston Livestock Show and Rodeo* estaba en la ciudad y teníamos asientos reservados para ese día más tarde. De modo que fuimos al Astrodome y vimos cómo ataban reses y carreras de carros. Luego vinieron los potros salvajes. Los caballos trataban de deshacerse de quienes los montaban y los jinetes trataban de montarlos tanto tiempo como pudiesen, que con frecuencia solo era unos pocos segundos. De

repente Golubitsky y yo nos miramos y empezamos a contar... El caballo que estábamos observando saltaba en el aire con las dos patas traseras dándole un impulso, luego las delanteras y entonces se quedaba un tiempo en el aire...

Daba la sensación de que la diferencia de los tiempos era un cuarto del ciclo de andadura completo. El Exxon Replay, una grabación televisiva a cámara lenta, de ese caballo en concreto lo confirmó. Habíamos encontrado nuestra andadura perdida.

Más adelante descubrimos que otros dos animales, la rata y el jerbo de Asia Menor, también emplean esta inusual andadura. Encontramos unas cuantas características más de andaduras reales que nuestro GCP de ocho unidades predecía o generalizaciones naturales, incluyendo una que se manifestaba en ciempiés. Por supuesto, nada de esto probaba que nuestra teoría fuera correcta, pero significaba que superaba varias pruebas que podrían haber probado que era errónea.

Más recientemente, Golubitsky y la matemática portuguesa, Carla Pinto, han aplicado la misma idea a redes de cuatro elementos para andaduras de bípedos, de dos patas, como nosotros.⁵⁷ Encontraron diez patrones de andadura, ocho de los cuales corresponden a andaduras de bípedos. Incluyen caminar, correr, saltar y brincar.

* * * *

⁵⁷ C.A. Pinto y M. Golubitsky, «Central pattern generators for bipedal locomotion», *Journal of Mathematical Biology* 53 (2006), 474-489.

Otra red neuronal asombrosa que sin duda existe en animales reales, y no se trata de una quimera matemática, es el GCP para el latido de la sanguijuela medicinal *Hirudo medicinalis*.

Las sanguijuelas son criaturas que chupan la sangre parecidas a las babosas. Se usaban de manera generalizada en la medicina antigua para «equilibrar los líquidos del cuerpo» cuando se consideraba que había un exceso de sangre; los primeros registros de su uso se remontan al año 200 a.C. La utilización de sanguijuelas cayó en desuso durante el siglo XIX, pero a principios del siglo XXI volvieron a estar de moda, aunque por razones más científicas y en una esfera más limitada. La saliva de las sanguijuelas contiene una molécula llamada hirudina que hace que la sangre fluya libremente mientras el animal la chupa de su víctima. La hirudina ayuda a parar la coagulación de la sangre del paciente durante la microcirugía.

La sanguijuela medicinal plantea un curioso problema para los matemáticos interesados en redes neuronales; su latido sigue un patrón muy extraño. El corazón de una sanguijuela consiste en dos filas de cámaras, con alrededor de 10 o 15 cámaras en cada fila, dependiendo de la especie. El patrón funciona así: durante un momento, todas las cámaras de la izquierda laten sincronizadas, al mismo tiempo. Mientras esto sucede, las cámaras de la derecha laten en una secuencia, una tras otra, desde el final al principio. Después de 20 y 40 latidos, los dos lados intercambian los papeles. Luego vuelven a intercambiarlos y así sucesivamente.

Nadie sabe realmente por qué el corazón de la sanguijuela late de esta manera, pero la presión sanguínea es alta cuando las cámaras laten en secuencia y mucho más baja cuando laten sincronizadas, de modo que la necesidad de evitar una presión alta constante (o, por el contrario, una presión baja constante) podría ser una de las razones. Tenemos una explicación mucho más completa de cómo funciona. El intercambio extraño entre dos patrones está dirigido por el sistema nervioso de las criaturas y es una característica natural de la dinámica de redes (véase la figura 39).

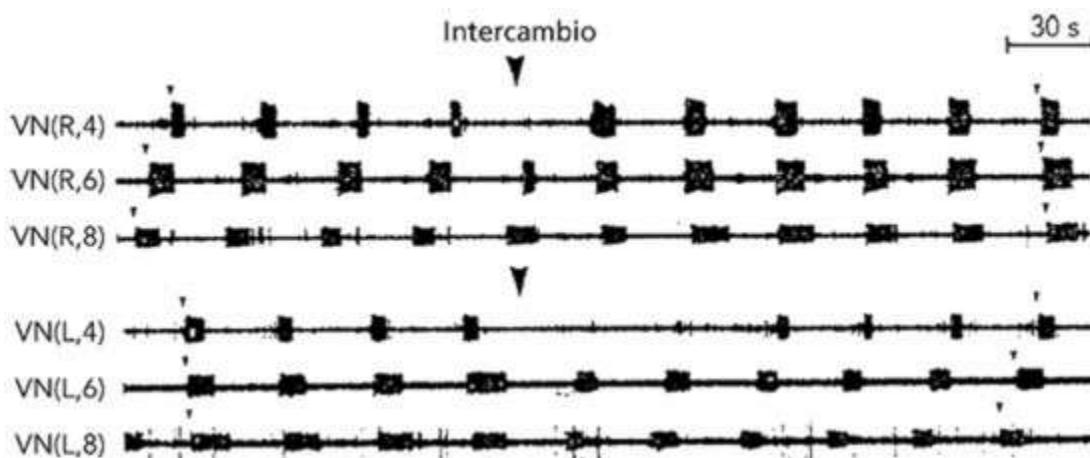


Figura 39. El registro de varios nervios vasculares de una sanguijuela revelan cortos disparos de actividad eléctrica. Aquí, en las 4.º, 6.º y 8.º células nerviosas de la parte derecha de la sanguijuela (las tres primeras filas de señales) los disparos son en secuencia antes del momento marcado con la flecha, a partir del cual se sincronizan. En las células nerviosas de la parte izquierda de la sanguijuela (las tres últimas filas) inicialmente los disparos están sincronizados, pero luego están en secuencia.

Ronald Calabrese y sus compañeros de la Universidad de Emory en Atlanta, Georgia, han investigado el latido de la sanguijuela en una exhaustiva serie de artículos.⁵⁸ Trazan la dinámica de un GCP, una red de células nerviosas ubicada en la mayoría de los 21 sectores de una sanguijuela. En cada segmento hay un par de neuronas motoras, una a la izquierda y otra a la derecha, que hacen que los músculos del corazón se contraigan (véase la figura 40). Hay también un par de «interneuronas» que ayudan a generar el patrón de los impulsos nerviosos necesarios para controlar el latido del corazón. Las interneuronas en el tercer y cuarto segmento están conectadas para producir un patrón coordinado de las pulsaciones regularmente, de hecho forman un reloj cuyo tic tac regular influye en lo que las otras neuronas hacen. El cableado en el quinto, sexto y séptimo segmento dirige estas señales a las neuronas motoras del corazón de la parte izquierda y derecha de la sanguijuela, y modifica las señales de modo que en un lado el efecto es una onda de contracciones en secuencia, y en el otro lado todos los músculos se contraen simultáneamente. La dinámica de estos tres segmentos se intercambia de este patrón a su imagen en el espejo regularmente.

⁵⁸ R.L. Calabrese y E. Peterson, «Neural control of heartbeat in the leech *Hirudo medicinalis*» en *Neural Origin of Rhythmic Movements* (ed. A. Roberts y B. Roberts), *Symposium of the Society for Experimental Biology* 37 (1983), 195-221; E. De Schutter, T.W. Simon, J.D. Angstadt y R.L. Calabrese, «Modeling a neuronal oscillator that paces heartbeat in the medicinal leech», *American Zoologist* 33 (1993), 16-28; R.L. Calabrese, F. Nadim y Ø.H. Olsen, «Heartbeat control in the medicinal leech: a model system for understanding the origin, coordination, and modulation of rhythmic motor patterns», *Journal of Neurobiology* 27 (1995), 390-402; W.B. Kristan Jr., R.L. Calabrese y W.O. Friesen, «Neuronal control of leech behavior», *Progress in Neurobiology* 76 (2005), 279-327.

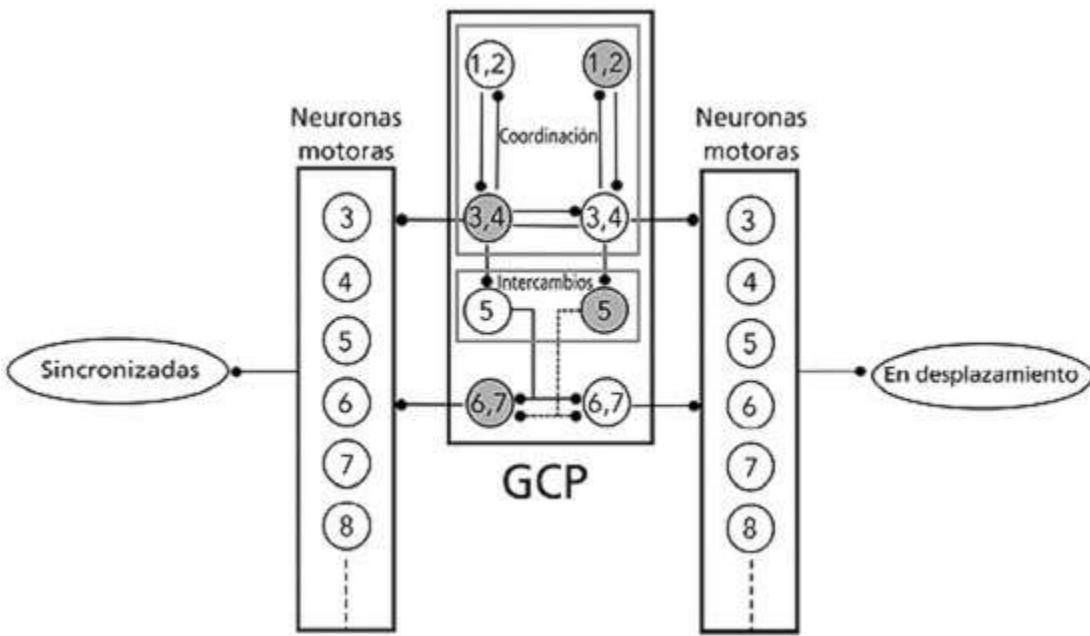


Figura 40. GCP para el latido del corazón de una sanguijuela.

En un principio el grupo de Calabrese se centró principalmente en estos circuitos de coordinación y no investigó en detalle cómo las señales de coordinación se transmitían a segmentos a lo largo de la sanguijuela. En 2004, Buono y Antonio Palacios, del grupo de sistemas dinámicos no lineales de la Universidad del estado de San Diego, emplearon técnicas de sistemas dinámicos con simetría para modelizar este proceso de transmisión.⁵⁹ Hicieron el modelo de la red que transmite las señales como una cadena de neuronas cuyos finales están vinculados para formar un circuito cerrado. La dinámica simétrica nos dice que hay dos patrones comunes de oscilaciones periódicas en circuitos cerrados: secuencial y sincronizado. Las relaciones entre los patrones se presentan a

⁵⁹ P.-L. Buono y A. Palacios, «A mathematical model of motorneuron dynamics in the heartbeat of the leech», *Physica D188* (2004), 292-313.

través de lo que se llama interacción de modos, cuando los parámetros de las conexiones de la red provocan que ambos patrones surjan simultáneamente.

En trabajos anteriores de Buono y Golubitsky, las interacciones de modos de este tipo se usaban para explicar las andaduras menos simétricas de los cuadrúpedos, tales como el medio galope y el galope de un caballo. Por lo tanto, el galope de un caballo y el latido de una sanguijuela se encuentran en la misma categoría de fenómenos, tanto matemáticamente como biológicamente.

Más recientemente, el grupo de Calabrese ha ideado modelos más detallados, poniendo énfasis en la estructura de las señales entre células nerviosas, que se da en los disparos cortos (como se muestra en la figura 39). El papel de los disparos parece ser central en este y otros muchos problemas de neurociencia, de modo que los matemáticos han desarrollado ecuaciones para los disparos de las neuronas.

* * * *

Las redes de neuronas están involucradas en la percepción tanto como en el movimiento.

En 1913 los neurólogos neoyorquinos, Alwyn Knauer y William Malone publicaron un reportaje en el *Journal of Nervous and Mental Disease* sobre los efectos de la mezcalina, un alcaloide psicodélico que proviene de los cactus, en particular del peyote, que crece en áreas desiertas de América Central. Los casos de estudio informaron de alucinaciones visuales llamativas:

Inmediatamente ante mis ojos abiertos hay un vasto número de círculos, aparentemente hechos de un alambre de acero extremadamente fino, todos rotan constantemente en la dirección de las manecillas de un reloj; estos círculos están colocados de manera concéntrica, el más interior es infinitamente pequeño, casi como un punto, el más exterior tiene sobre un metro y medio de diámetro. Los espacios entre los alambres parecen más brillantes que los propios alambres... El centro parece perderse en la profundidad de la habitación, dejando la periferia detenida, hasta que el todo asume la forma de un profundo túnel de círculos de alambre... Los alambres se están ahora aplastando para convertirse en franjas o cintas con indicios de unas líneas transversales y coloreadas de un precioso azul ultramar, que en algunas zonas pasa a ser un verde mar intenso. Estas franjas se mueven rítmicamente, haciendo ondas en una dirección ascendente, sugiriendo un lento desfile interminable de pequeños mosaicos, ascendiendo la pared en filas individuales... Ahora, en un momento, encima de mí, hay una cúpula de los mosaicos más bellos... Ahora se están creando círculos en ella, los círculos son alargados y afilados... ahora se están formando todo tipo de ángulos curiosos, y figuras matemáticas están persiguiéndose unas a otras como locas por todo el techo.

Efectos parecidos se pueden ver si cierras tus ojos y haces presión en el globo ocular con tus pulgares, por lo tanto una primera conjectura podría ser que la droga afecta a los ojos. Realmente,

afecta al cerebro, creando señales que el sistema visual del cerebro interpreta como imágenes vistas por el ojo (véase la figura 41). Estos patrones nos proporcionan una comprensión importante de la estructura del sistema visual, gracias a la mezcla de experimentos y análisis matemático.

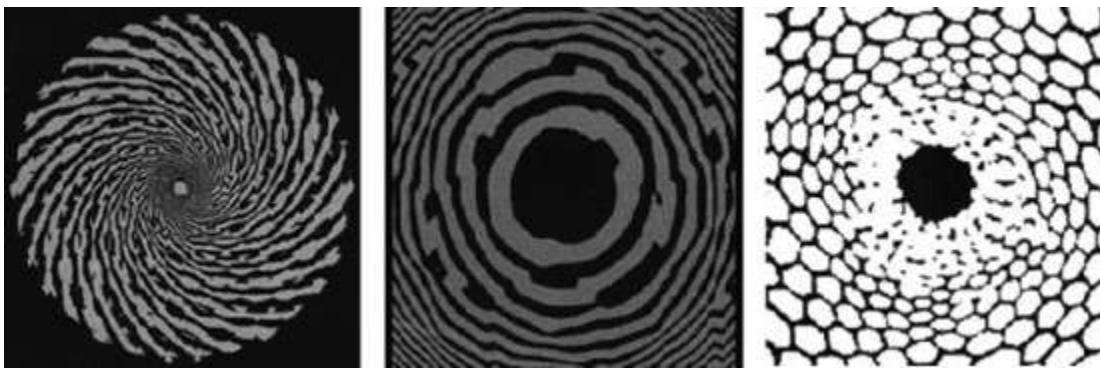


Figura 41. Patrones de alucinación. A la izquierda: la espiral. En el centro: el túnel. A la derecha: el panal.

Una gran parte del cerebro está dedicada al sistema visual. Los biólogos han estado estudiando la neurociencia de la vista durante muchos años y han aprendido mucho sobre ella. Pero hay mucho que todavía no entienden. A simple vista, quizás te preguntes cuál es el problema. ¿No es el ojo básicamente una cámara, una cámara estenopeica en la que la pupila hace el papel del estenopeo, una lente para mejorar el enfoque, y la retina recibe la imagen? El principal problema es que el cerebro no «hace tan solo una fotografía» pasivamente de lo que hay ahí fuera. Proporciona una comprensión automática de lo que el ojo está viendo. El sistema visual del cerebro procesa la imagen, averiguando qué objetos se están viendo,

en qué están relacionados los unos con los otros, incluso decorándolos con los colores vivos que percibimos. Miramos a través de la ventana e instantáneamente «vemos» un hombre dando un paseo con su perro. Pero el perro está pasando por detrás de una farola y la mitad del hombre está escondida de la visión por un seto; el cuerpo del hombre está en su mayor parte tapado por un abrigo y su cara está oculta con una capucha. Además, la imagen aparece en tres dimensiones, sabemos, sin pensarlo, qué partes están delante de otras.

Se ha probado que es casi imposible enseñar a un ordenador a analizar dicha escena y reconocer los principales objetos en ella, no digamos averiguar qué están haciendo. El sistema visual logra esto, y más, en tiempo real con una imagen en movimiento. Con la ayuda de algo de bioquímica inteligente y experimentos difíciles, los biólogos matemáticos están empezando a hacer avances en la estructura y función del sistema visual. Y, de hecho, lo que entendemos en la actualidad muestra que la evolución ha sido muy inteligente.

Imágenes recibidas por la retina de cada ojo pasan a lo largo del correspondiente nervio óptico (realmente un haz de fibras nerviosas) para llegar al área del cerebro conocida como corteza visual. Esta se encuentra en la superficie del cerebro, justo bajo el cráneo, y si pudieses despegar la tapa del cráneo verías que tiene una forma enrevesada familiar, es un poco como una coliflor. Si alisas los enrevesamientos, la corteza visual resultaría estar hecha de cierta cantidad de capas de células nerviosas, colocadas unas encima de

otras. La capa de arriba de todo, conocida como V1, empieza representando la imagen como un conjunto de señales encendido/apagado en las correspondientes células nerviosas. En experimentos, se ha probado que es posible averiguar qué está observando un gato, usando tintes sensibles al voltaje para hacer un patrón de encendido/apagado visible. Si el gato estuviese observando un cuadrado, por ejemplo, un cuadrado deformé aparecería en la capa V1.

Cada capa de la corteza está conectada a las que tiene encima y debajo, y esta instalación está hecha de tal modo que capas sucesivas extraen información diferente a partir de la imagen básica formada en la capa superior. La capa inmediatamente inferior, por ejemplo, se encarga de los límites entre las diferentes características de la imagen, donde, por ejemplo, el cuerpo del perro parece que se corta por los bordes de la farola o donde acaba la capucha del hombre y empieza la casa que hay tras él. También resuelve las orientaciones de estos límites. La siguiente capa puede comparar direcciones y localizar cosas como los ojos del perro, que son como puntos, por lo que los bordes pueden cambiar de dirección muy rápidamente. Se supone que muchas capas más abajo está una célula nerviosa o una red de ellas que hace la deducción «perro», después de eso viene el reconocer que el perro es un labrador retriever, hasta que llega un punto en que te das cuenta de que el señor Brown ha sacado a *Bonzo* para su paseo de la tarde.

Hay modelos matemáticos útiles para las primeras etapas de este proceso, los cuales tiene un aire muy geométrico. Estos modelos

muestran cómo la información fluye de vuelta hacia arriba a través de las capas, del mismo modo que descendió a las profundidades, preparando el sistema visual para buscar características específicas activamente. Así es como nuestros ojos siguen la pista del perro aunque parte de él desaparezca tras la farola y luego reaparezca. Es «sabido» que van a hacer eso y lo anticipan. Es posible diseñar experimentos que hagan uso de la capacidad del sistema visual para anticiparse a lo que se espera que vea, engañándolo para que vea otra cosa. Es también posible alterar la percepción del cerebro usando drogas. Recientes descubrimientos sobre la capa V1 de la corteza visual dependen, hasta cierto punto, de dibujos que surgen cuando voluntarios toman drogas alucinógenas como LSD.

Voluntarios experimentales legales y usuarios ilícitos de estas drogas dicen ver una variedad de extraños dibujos geométricos. Se puede demostrar que los dibujos no se originan en el ojo, incluso así, los «ven» al ser parte de la imagen que el ojo está recibiendo. En cambio, son artefactos que están causados por los cambios en medio de las células nerviosas en la función de la corteza. Cualquier cosa que las redes del cerebro perciben es automáticamente interpretada como si se percibiese a partir de una imagen externa. No podemos detener ese suceso, es cómo vemos todo. Lo que ingenuamente imaginamos que es el mundo exterior es realmente una representación que tenemos en nuestras propias cabezas. Esta es la razón principal de por qué el sistema visual puede engañarse para ver cosas que no están ahí. Aunque, teniendo todo en cuenta, podemos confiar en nuestro sistema visual, lo cual implica percibir

cosas que están ahí. Excepto cuando se expone a imágenes cuidadosamente inventadas que crean ilusiones o drogas que causan alucinaciones. Alrededor de 1970, Jack Cowan, un biomatemático que ahora se encuentra en Chicago, empezó a usar patrones alucinógenos para descubrir la estructura de V1. Su primer descubrimiento proporcionó pruebas sólidas de que los patrones de alucinaciones surgen en el cerebro, no en el ojo. La variedad de patrones de alucinaciones presentados es enorme, pero la mayoría son variaciones de un tema básico: espirales. Algunos son círculos concéntricos, y un círculo es lo que le pasa a una espiral cuando está enrollada tan apretadamente que el espacio entre vueltas consecutivas se hace cero. Otros son radios radiales, otro caso especial cuando las vueltas de la espiral crecen tan rápidamente que el espacio entre ellas se hace infinito. A veces el dibujo espiral está decorado con hexágonos como un panal; a veces está cubierto con un dibujo de pastillas cuadradas, como los cristales de las ventanas isabelinas. A veces es demasiado extraño para describirlo de manera que tenga sentido. Pero las espirales son dominantes y son del tipo que los matemáticos llaman logarítmicas. Las espirales y los radios a menudo rotan y los círculos concéntricos pueden esparcirse como las ondas en un lago cuando tiras una piedra. Para formar una espiral logarítmica, imagina un radio que rota a velocidad constante y un punto que se mueve hacia el exterior a lo largo del radio. La combinación de estos dos movimientos crea una espiral, pero la forma exacta de la espiral depende de cómo el punto se mueva a lo largo del radio. Por

ejemplo, si se desplaza a una velocidad fija, obtenemos una espiral de Arquímedes, en la que vueltas sucesivas están igualmente espaciadas. Si la velocidad crece exponencialmente, de manera que, por ejemplo, cada vuelta está dos veces más lejos que la anterior, obtenemos una espiral logarítmica (véase la figura 42).

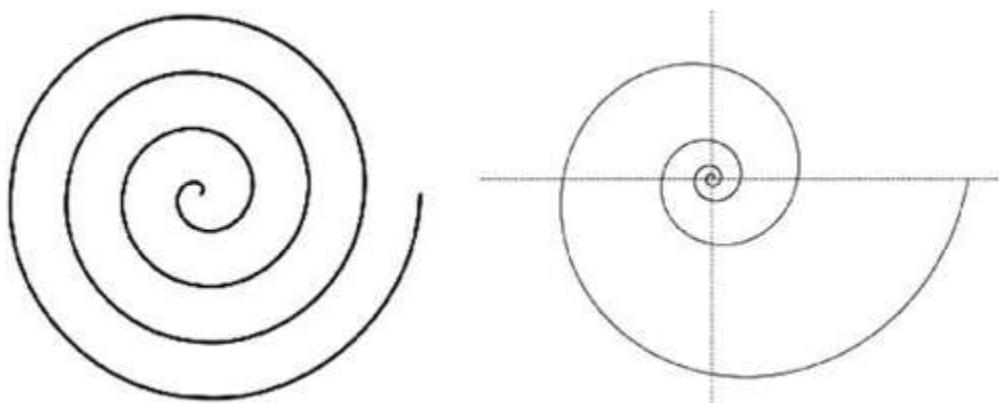


Figura 42. A la izquierda: espiral de Arquímedes. A la derecha: espiral logarítmica.

En 1972, Cowan y su colaborador, Hugh Wilson, escribieron las ecuaciones matemáticas, ahora llamadas ecuaciones Wilson-Cowan, que describen cómo un gran número de neuronas interconectadas interactúan unas con otras.⁶⁰⁹ En 1979 Cowan y Bard Ermentrout usaron estas ecuaciones para modelizar cómo se propagan las ondas en la corteza visual y dedujeron que dibujos espirales complejos presentados en sujetos experimentales pueden explicarse en términos de diseños más simples de actividad química y eléctrica en la capa superior de la corteza. La naturaleza espiral de la mayor

⁶⁰⁹ H.R. Wilson y J.D. Cowan, «Excitatory and inhibitory interactions in localized populations of model neurons», *Biophysical Journal* 12 (1972), 1-24.

parte de las alucinaciones es una pista útil, porque los psicólogos han comprendido cómo la imagen enviada a la corteza por la retina se compara a una que la corteza recibe en realidad. La retina es circular, pero la capa V1, cuando se desenrolla, es aproximadamente rectangular. La imagen en la corteza es una versión distorsionada de la imagen en la retina. El modo en que se distorsiona para describirse con una fórmula matemática que tiene el efecto de convertir líneas radiales de la retina en líneas paralelas en la corteza, y círculos concéntricos en la retina en otro conjunto de líneas paralelas, perpendiculares a las primeras. Sin embargo, solo para mantenernos alerta, esto sucede en dos regiones diferentes de la corteza. En la realidad, están unidas como un reloj de arena, como en la figura 44, pero matemáticamente es a menudo conveniente cambiar los dos finales para hacer una forma ovalada, como en la figura 43.

La característica más significativa de esta «transformación retino-cortical» es que transforma espirales logarítmicas en la retina en rectas paralelas en la corteza. El sistema visual automáticamente nos hace «ver» cualquier cosa detectada por la corteza, se origine o no en el ojo, de modo que «veremos» espiral si algo crea un dibujo de rayas paralelas en la corteza. Las drogas psicotrópicas provocan ondas de actividad eléctrica y el dibujo más simple de las ondas son las rayas.

Si las rayas se mueven, formando ondas viajeras como las olas del mar llegando a la playa, entonces la geometría de la transformación retino-cortical implica que parezca que las espirales rotan. Los

radios radiales son un caso especial de espirales y corresponden a rayas horizontales en la corteza (en relación con la orientación convencional de la corteza).

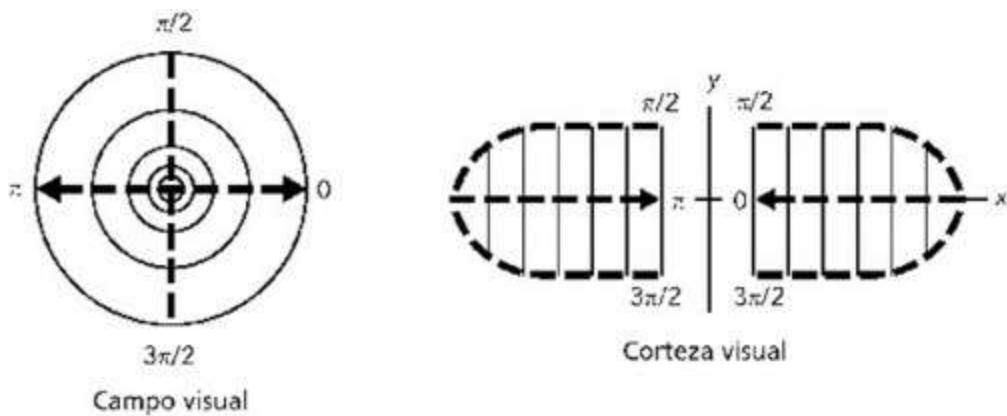


Figura 43. Transformación retino-cortical.

Como las ondas viajan a través de la corteza, los radios rotan. De manera similar círculos concéntricos se corresponden con rayas verticales, esta vez, como las ondas viajan por toda la corteza, los círculos parecen que se expanden partiendo de su centro (véase la figura 44).

Esto ya da una gran pista sobre los dibujos de las alucinaciones, tienen mucho más sentido si están causados por ondas/rayas simples moviéndose por la corteza. Y estas ondas son los dibujos de una actividad química y eléctrica causada por las drogas. Los otros diseños más elaborados que aparecen a veces tienen una explicación parecida, que involucra un comportamiento diferente en la corteza. La imagen del panal que crece siguiendo una espiral, por ejemplo, se corresponde sencillamente con el dibujo de un panal en la corteza.

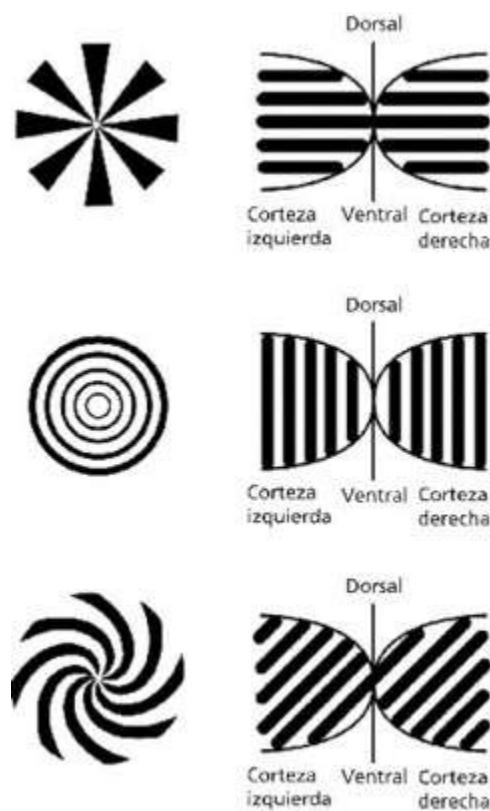


Figura 44. Dibujos de alucinaciones y sus ondas correspondientes en la corteza.

Las ecuaciones que Cowan y Ermentrout concibieron constituyen lo que los matemáticos llaman un modelo continuo. Esto es, modelizar una red de neuronas reales muy fina, aunque discreta, con una distribución de neuronas infinitesimal. La corteza se convierte en un plano y las neuronas se reducen a puntos. Este tipo de transición de una realidad discreta a un modelo continuo se ha convertido en una estrategia estándar cuando se aplican las matemáticas al mundo real, ya que permite la aplicación de ecuaciones diferenciales, una herramienta muy potente. Históricamente, las primeras áreas de la ciencia que se trataron de este modo fueron el

movimiento de fluidos, la transferencia de calor y la flexión de materiales elásticos. En estos tres casos, el sistema real está compuesto por átomos diferenciados, que aunque son muy pequeños, son indivisibles, mientras que el modelo matemático es infinitamente divisible. La experiencia nos muestra que los modelos continuos son muy efectivos siempre y cuando las componentes específicas sean mucho más grandes que los efectos que se están describiendo. Aunque las neuronas son mucho mayores que los átomos, son considerablemente más pequeñas que las longitudes de onda de las ondas eléctricas en la corteza, así que es razonable esperar que podría valer la pena buscar un modelo continuo.

Una simplificación mayor reemplaza la forma ovalada de la corteza alisada por un plano infinito. La suposición para el modelo en este caso es que los límites de la corteza no tienen un efecto importante sobre las ondas en su interior. Con todas estas suposiciones de simplificación listas, los métodos estándar usados para estudiar la formación de dibujos pueden aplicarse para clasificar los dibujos de las ondas en la corteza y, por lo tanto, los dibujos de las alucinaciones.

Intentos iniciales de analizar las ondas viajeras en la corteza usando estos métodos consiguieron cierto éxito, pero no siempre obtenían los detalles correctos. Cuando nuevos métodos experimentales revelaron el «diagrama de la instalación eléctrica» para las neuronas en la corteza, se hizo más claro por qué esto estaba sucediendo y sugirió un modelo ligeramente diferente.

Las células en V1 no solo transforman la imagen, como una colección de píxeles en una pantalla de TV. También detectan las direcciones de los límites en la imagen. De manera que el estado de una célula no es solo el brillo del punto correspondiente en la imagen (en este caso estoy ignorando el color y pensando en tan solo un ojo), sino también la orientación local de las líneas en la imagen. Matemáticamente, cada punto en el plano tiene que reemplazarse por un círculo de orientaciones. La forma que resulta no se corresponde de manera natural a la forma en nuestro espacio tridimensional habitual, pero no necesitamos visualizarlo para poder hacer las cuentas.

Los experimentos muestran que las neuronas en V1 están colocadas en pequeños parches y dentro de cada parche las neuronas son especialmente sensibles a una orientación en particular. Los parches vecinos reaccionan ante orientaciones próximas, así que, por ejemplo, un parche podría reaccionar ante bordes verticales y el parche vecino podría reaccionar ante bordes inclinados 30° a la derecha de la vertical. La mayoría de las conexiones entre estas neuronas se encuentran dentro de dos tipos. En cualquier parche dado, encontramos un pequeño rango de conexiones inhibitorias, que quiere decir que señales entrantes reprimen la actividad en la célula nerviosa en vez de estimularla. Pero hay también un gran rango de conexiones que causan excitación entre distintos parches, y estas sí que estimulan la actividad. Además, las conexiones excitadoras están alineadas a lo largo de una dirección específica en la corteza, la misma dirección que el propio parche prefiere.

Este diseño de las conexiones cambia el modelo continuo correspondiente, que no es un plano cuyos valores son puntos, sino un plano cuyos valores son círculos. Las traslaciones y reflexiones se comportan de modo habitual. Sin embargo, cualquier rotación del plano debe también rotar cada círculo, de otro modo el diagrama de la instalación no funcionará bien. Una vez los experimentos han mostrado cómo averiguar el modelo correcto, la maquinaria pesada de las matemáticas de formación de patrones puede aplicarse.⁶¹ Esta vez, la clasificación de los dibujos de la onda en la corteza, y su correspondiente alucinación, funcionan mejor.

El nuevo modelo matemático proporciona un catálogo convincente de diseños de alucinaciones y también sugiere el porqué del diagrama de la instalación que la naturaleza ha desarrollado para la capa V1 de la corteza. Imagina uno de los parches y supón que «ve» un pequeño segmento de una línea horizontal. Sus conexiones inhibitorias locales eficazmente votan por la dirección más plausible para esta línea, la dirección que recibe la señal más fuerte gana y todas las otras orientaciones se suprime. Pero ahora ese parche envía señales excitadoras a los parches que son sensibles a la misma orientación, influenciándolos a favor de dicha orientación. Y envía esta señal solo a los parches que están a lo largo de la continuación de la dirección que ha seleccionado. El resultado claro

⁶¹ P.C. Bressloff, J.D. Cowan, M. Golubitsky y P.J. Thomas, «Scalar and pseudoscalar bifurcations motivated by pattern formation on the visual cortex», *Nonlinearity* 14 (2001), 739-775; P.C. Bressloff, J.D. Cowan, M. Golubitsky, P.J. Thomas y M.C. Wiener, «Geometric visual hallucinations, Euclidean symmetry, and the functional architecture of striate cortex», *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B*356 (2001), 299-330; P.C. Bressloff, J.D. Cowan, M. Golubitsky, P.J. Thomas y M.C. Wiener, «What geometric visual hallucinations tell us about the visual cortex», *Neural Computation* 14 (2002), 473-491.

es que, como vimos, este parche extiende la dirección de la línea provisionalmente a lo largo de la corteza. Si la extensión es correcta, el siguiente parche reforzará esta elección de la dirección. Sin embargo, si el siguiente parche detecta una señal fuerte en una dirección diferente, entonces esto anulará la señal de orientación que estaba intentando extenderse.

En resumen, las células nerviosas están conectadas de modo que integran partes locales de sus bordes en líneas más largas de la forma más convincente. Cualquier pequeño hueco en esta línea se llenaría por una señal excitadora, sin embargo, si la línea cambia de dirección, las señales inhibitorias locales confirmarán que esto ha sucedido y harán una nueva elección. Por lo tanto, el resultado final es que V1 crea una serie de contornos (líneas exteriores de las características principales de la imagen). En el año 2000, John Zweck, un matemático de la Universidad de Maryland, y Lance Williams, un experto en computación de la Universidad de Nuevo México, usaron exactamente el mismo truco matemático para idear un algoritmo eficiente para su trabajo en visión artificial.⁶² La aplicación era la finalización de un contorno, llenando las partes de los bordes de la imagen que faltaban, por ejemplo, donde parte de un objeto se escondía tras otro, como el perro parcialmente tapado por la farola.

* * * *

⁶² J.W. Zweck y L.R. Williams, «Euclidean group invariant computation of stochastic completion fields using shiftable-twistable functions», *Journal of Mathematical Imaging and Vision* 21 (2004), 135-154.

La neurociencia es una de las áreas más activas de la biología matemática. Los investigadores están trabajando en una enorme variedad de temas: cómo funcionan las neuronas, cómo se unen durante el desarrollo, cómo el cerebro aprende, cómo funciona la memoria, cómo se interpreta la información que nos llega de los sentidos... Incluso aspectos más escurridizos del cerebro humano, tales como su relación con la mente, la conciencia, el libre albedrío, también se están investigando. Las técnicas empleadas incluyen la dinámica, las redes y la estadística.

En paralelo a estos desarrollos teóricos, los biólogos han hecho mayores avances en técnicas experimentales para estudiar lo que el cerebro está haciendo. Hay, en la actualidad, varios modos de visualizar la actividad del cerebro en tiempo real, de hecho, observar qué partes del cerebro están activas y cómo la actividad pasa de una región a otra. Pero el cerebro es tremadamente complejo y por ahora es probablemente mejor centrarnos en características específicas del sistema nervioso, más que tratar de entender el conjunto completo de una sola vez. Nuestro cerebro es tan complicado que, irónicamente, puede ser insuficiente para entender... nuestro cerebro.

Capítulo 12

Nudos y pliegues

El descubrimiento del código genético, que representa aminoácidos en proteínas como tripletes de bases de ADN, fue el primero de los muchos avances en los que el ADN se consideró como un código, una lista de símbolos. Pero la forma física de la molécula del ADN es también importante, y también lo son las formas de las moléculas que codifica.

Lo mismo pasa para las proteínas. Para hacer un organismo, necesitas más que una lista de proteínas, necesitas poner las proteínas adecuadas en los lugares adecuados en el momento adecuado. Del mismo modo que no puedes hacer un pastel echando todos los ingredientes en un bol y metiéndolo en el horno, no puedes hacer un organismo juntando 100.000 proteínas y esperando que de algún modo por sí mismas se conviertan en una ameba o un ser humano.

Solo una pequeña porción del genoma está compuesto de genes, los códigos para las proteínas. Durante mucho tiempo, el resto fue estigmatizado como «ADN basura», reliquias evolutivas sin una función actual, que están ahí sin hacer nada, ya que a la evolución no le vale la pena eliminarlos. Está ahora claro que al menos algo de ese ADN basura ayuda a controlar cómo un organismo se ensambla. El resto quizás sea basura, pero yo no apostaría por ello teniendo en cuenta el historial pasado.

¿Cómo funciona este sistema de control del ADN? La respuesta quizá solo requiera descifrar otro código, el código para las instrucciones en vez del de los ingredientes. Pero, de nuevo, no es tan simple. Uno de los sistemas que controla el desarrollo de un organismo usa genes (más correctamente, las proteínas que estos codifican) para encender y apagar otros genes. Lo que importa aquí es la dinámica de la red de interruptores genéticos. Y la dinámica es un asunto para las matemáticas, no se puede leer el código del ADN sin más. Puede que, quizá, seas capaz de leer uno a uno qué genes actúan sobre qué otros genes, pero esa información no nos dirá qué es lo que hacen cuando todo está sucediendo a la vez. Del mismo modo que saber cómo la temperatura y humedad de la atmósfera terrestre nos afecta a cada uno de nosotros, no nos dice nada sobre el tiempo de la próxima semana.

Las formas de las moléculas resultan ser, como mínimo, tan importantes como las secuencias que las determinan. La forma de la doble hélice del ADN gobierna muchas de sus propiedades más básicas. En particular, el sistema de copia para el ADN, el cual las células, y en realidad todo el organismo, usa para reproducirse, debe vencer un gran obstáculo topológico: las dos hebras del ADN están enrolladas la una alrededor de la otra como las hebras de una cuerda. Si intentas deshacer una cuerda tirando de sus hebras, todo lo que consigues es una maraña que no vale para nada.

La forma de una proteína es más importante todavía. Muchas proteínas hacen su trabajo uniéndose a otras proteínas, pegándose a ellas, normalmente de modo temporal, pero de manera

controlable. Cuando la proteína de la hemoglobina coge o libera una molécula de oxígeno, su forma cambia. Una proteína es una cadena larga de aminoácidos, en la práctica es casi imposible calcular la forma a partir de la secuencia. La misma secuencia puede plegarse de muchísimas maneras diferentes y generalmente se cree que la forma real que elige es la que supone menos gasto de energía. Encontrar esta forma de energía mínima entre la realmente gigantesca lista de posibilidades es un poco como tratar de reordenar varias listas de miles de letras del alfabeto con la esperanza de obtener un párrafo de Shakespeare. Recorrer todas las posibilidades una por una es totalmente inviable, el tiempo de vida del universo es demasiado corto.

* * * *

Una de las claves de los misterios de la forma del ADN es una rama de las matemáticas conocida como topología. Como área con un desarrollo profundo, la topología tiene poco más de un siglo, aunque en retrospectiva, se pueden detectar unos cuantos precursores. A mediados del siglo XX, alcanzó el estrellato, convirtiéndose en uno de los pilares centrales de las matemáticas puras, pero su rol en las aplicaciones era todavía relativamente pequeño. Aclaraba algunos problemas teóricos en la dinámica del Sistema Solar, por ejemplo. La topología es importante en las matemáticas puras porque proporciona una maquinaria conceptual para tratar con cualquier cuestión relacionada con la continuidad. Y la continuidad, entendiendo por ella transformar formas y estructuras sin partirlas o romperlas en diferentes piezas, es un asunto común en muchas

áreas diferentes de las matemáticas y también es un asunto común en las aplicaciones, la mayoría de los procesos físicos son continuos. Pero no es sencillo deducir algo que sea útil a partir de esa propiedad y le llevó su tiempo a la topología encontrar su papel en las ciencias aplicadas.

La topología no está incluida en las lecciones de matemáticas del colegio, excepto por unos pocos trucos bonitos pero no decisivos. Un ejemplo típico es la banda de Möbius, inventada independientemente por August Möbius y Johann Listing en 1858. Coge una tira alargada de papel, cúrvala para poner los extremos juntos como si fuese un collar de perro, tuerce medio giro uno de los extremos y pégalos. La superficie que resulta tiene varias propiedades contrarias a la intuición: tiene solo una cara y solo una arista, y si la cortas a lo largo por en medio de la tira no queda dividida en dos partes. Hay un par de aplicaciones prácticas de la banda de Möbius: cintas transportadoras que duran dos veces más antes de gastarse y un método para la conexión del cableado eléctrico para un objeto rotando. Pero ninguna de ellas es demasiado impresionante.

Hay mucho más en la topología, pero los conceptos son demasiado abstractos para explicarlos fácilmente o con precisión sin mucha formación técnica. Sin embargo, el olfato de los matemáticos puros para una idea importante ha sido finalmente confirmado y los métodos topológicos se usan en un amplio, y cada vez mayor, rango de problemas del mundo real, desde la biología a la teoría cuántica de campos. La aplicación que describiré aquí ha arrojado luz sobre

algunos aspectos cruciales en los estudios del ADN. Los artilugios topológicos que entran en juego son menos técnicos que en la mayoría de las otras áreas de la matemática aplicada y es algo con lo que todos nosotros nos encontramos casi a diario.

Nudos.

* * * *

Los nudos suelen asociarse con atar paquetes, los *boy scouts*, la vela y el alpinismo. Siglos de ensayo y error han formado nuestra comprensión de los nudos, cuál usar en cada circunstancia. Ata un cerdo a un poste de la plaza con un ballestrinque y estarás en problemas, si el cerdo corre alrededor del poste en la dirección correcta, el nudo se desatará sin problemas y te quedarás sin bacón.

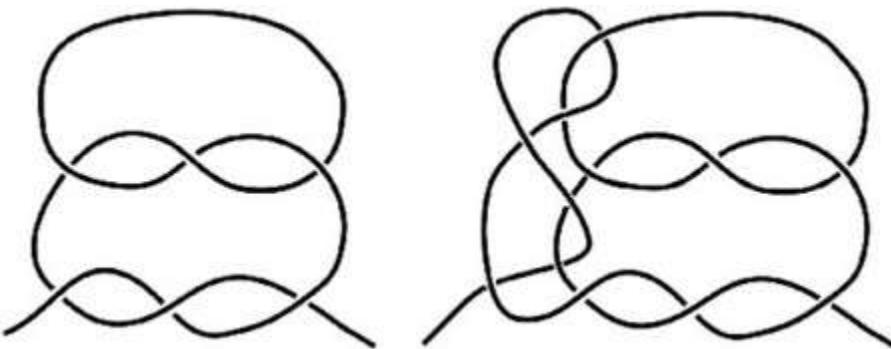


Figura 45. Tira de los extremos, ¿cuál deshace el nudo?

La topología de nudos aborda dos cuestiones generales. Una es decidir si dos nudos son topológicamente el mismo, lo que quiere decir, si cada uno puede transformarse en el otro mediante una transformación continua. Si haces uno de ellos en una cuerda, ¿puedes retorcer la cuerda de modo que obtienes el otro? Un caso

especial de esta pregunta es determinar cuándo un nudo aparentemente complicado está realmente sin anudar (véase la figura 45). La segunda cuestión topológica es mucho más ambiciosa, y es si podemos clasificar todos los nudos posibles. Hay infinidad de nudos e incluso los más simples, con pocos cruces, proporcionan una rica variedad de tipos.

Cualquier nudo hecho en una cuerda puede desatarse siguiendo el proceso inverso, luego puedes volver a hacer en la cuerda cualquier otro nudo que deseas. Se plantea una pregunta razonable, debemos hacer algo para impedir que el nudo se escape por el extremo de la cuerda. La solución tradicional en topología es pegar los extremos de la cuerda formando un lazo cerrado. De modo que un nudo topológico es un círculo anudado más que una curva anudada con los extremos sueltos. Por ejemplo, los dos nudos de la figura 45, según esto, tendrán el aspecto de la figura 46.

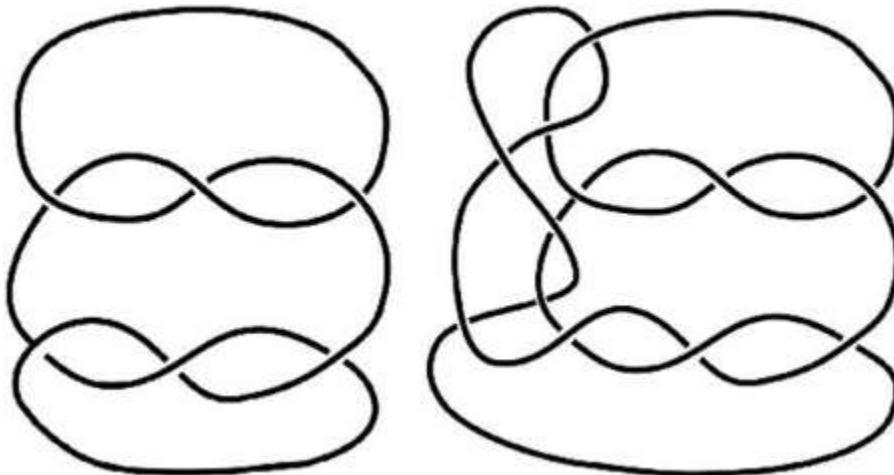


Figura 46. Junta los extremos para impedir que el nudo se deshaga.

Ahora podemos replantear la pregunta del pie de foto de la figura 45 en términos de nudos teóricos. Uno de los dos «nudos» de la figura realmente no está atado, puedes transformarlo, de manera continua, en un círculo perfecto, sin ningún cruce. El otro es un nudo genuino, y no puede desatarse sin cortar la cuerda. De modo que la pregunta es, ¿cuál es un nudo y cuál no lo es? De hecho, el nudo con el aspecto más complicado, el de la derecha, es el que no está atado. El otro es un nudo de rizo y generaciones de *boy scouts* saben que no se puede soltar. Pero esto no es una prueba matemática y lo que los *boy scouts* entienden por «deshacer» incluye cosas como extremos sueltos y la posibilidad de que el nudo se resbale. Así que los topólogos son más cuidadosos y encuentran pruebas lógicas sólidas para las cosas que parecen obvias.

La teoría de nudos ha sido a veces ridiculizada como una trivialidad pseudo intelectual. Es una actitud comprensible si no sabes nada de matemáticas y basas tu opinión en el significado común de la palabra «nudo», pero cuando nos referimos a conceptos matemáticos, ese es un modo bastante tonto de pensar. Es como esperar que la teoría cuántica de campos tratase solo de ovejas. Las matemáticas de nudos han resultado ser profundas y difíciles, y han sido una fuerza motriz en el desarrollo de la topología.

* * * *

La teoría de nudos es útil en biología porque el ADN se hace nudos a sí mismo. Los nudos son un vestigio de la topología retorcida de la doble hélice. Si cortas un segmento de ADN y unes sus extremos, pueden ocurrir dos cosas. O bien has unido cada hélice particular a

sí misma, en cuyo caso obtendrías dos lazos cerrados de hebras individuales de ADN, que normalmente están unidas la una a la otra, de modo que resulta imposible separarlas sin cortarlas. O bien, debes haber unido cada hebra con la otra. Ahora forman un único lazo cerrado y lo típico es que esté lleno de nudos.

Si puedes comprender estos nudos y vínculos, puedes resolver características de los procesos biológicos que hicieron el corte. Esta es una idea importante, porque la naturaleza ha cortado y vuelto a unir el ADN de modo rutinario. La topología compleja de la doble hélice provoca esto. Copiar una hebra de ADN requiere cortarla, desenredarla y separarla de su compañera, construir la nueva copia y, luego, poner la hebra cortada de vuelta en su sitio y volver a unirla (véase la figura 17). Estos procesos son muy complicados a nivel molecular, pero hacen la vida posible. Y debido a que se dan a nivel molecular, no es fácil observar cómo suceden. Entonces, hay que deducirlos.

El método usado para obtener la estructura de la doble hélice del ADN es de poca utilidad aquí. Implica crear un cristal de ADN, iluminarlo con rayos X y observar los patrones de difracción que aparecen. Pero el ADN celular no es un cristal. Es una molécula que se mueve libremente disuelta en un líquido. Se necesita una nueva aproximación para entender qué hace el ADN en una célula.

La maquinaria celular no es del todo misteriosa en este punto, también proporciona parte de las respuestas. Proteínas especiales, enzimas, conocidas como topoisomerasas, cortan el ADN en piezas. Un modo de descubrir qué sucede es visualizar las hebras

resultantes usando un microscopio electrónico muy potente. Para obtener estas imágenes es necesaria una nueva técnica: cubrir las hebras de ADN con una proteína especial para hacerlas más gruesas. La topología de estas hebras nos aporta conocimiento útil sobre la acción de las topoisomerasas, que, a su vez, nos descubren cosas sobre el ADN. De manera que se puede obtener información sobre cómo funcionan las topoisomerasas y el efecto que tienen en el ADN, permitiéndoles cortar en trozos un poco de ADN y viendo qué formas se obtienen.

Los biólogos han descubierto un modo eficiente de mantener este tipo de investigación bajo control: realizan la operación de cortado en un circuito cerrado de ADN, que puede construirse usando técnicas estándar de ingeniería genética y dotarse con regiones especiales cuya secuencia de código puede reconocerse y operar en ella, usando la enzima adecuada. El resultado es o un nudo de ADN o dos curvas cerradas de ADN que están enlazadas. El modo en que las hebras independientes se solapan puede observarse con un microscopio electrónico. Ahora tienes un problema, tienes la imagen de un nudo (similar al de la figura 47), o un enlace, pero ¿cuál? Podría estar retorcida y girada de un modo que la respuesta esté lejos de ser obvia. Pero la topología viene al rescate.

Los nudos son familiares y parecen simples, lo que sugiere que debería ser fácil entenderlos. Sin embargo, una rápida mirada a un libro como el famoso *Libro Ashley de los nudos* revela la existencia de miles de nudos diferentes, y esos son solo los que resultaron ser útiles para los barcos de vela o son decorativos o pueden ser útiles

para hacer algún truco en una fiesta. Distinguir nudos y averiguar qué les ocurre cuando haces varios tipos de cambios, son temas básicos en topología. Y son difíciles.

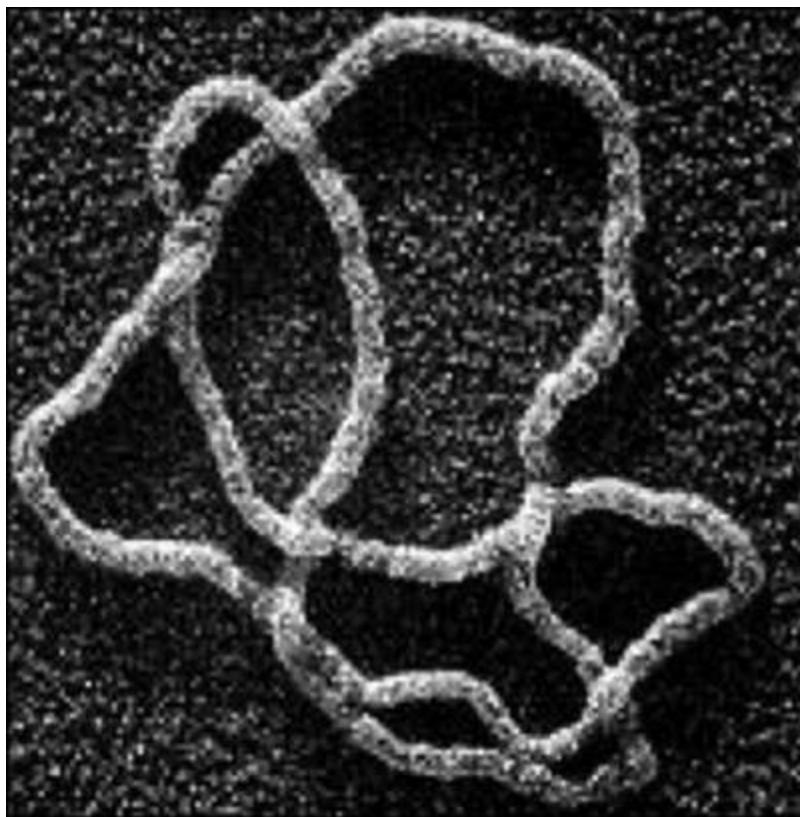


Figura 47. Hebras de ADN entrelazadas formando un enlace de Whitehead.

Por ejemplo, aunque la experiencia dejó claro hace miles de años que un trozo de cuerda con nudos es diferente de uno sin ellos, una prueba lógica sólida de la existencia de nudos tuvo que esperar hasta la segunda década del siglo XX. El primer gran éxito de la teoría topológica de nudos fue una prueba rigurosa de que el nudo simple estándar, hecho en un trozo de cuerda cerrado, no puede deshacerse. Esto quiere decir que no habrá ninguna transformación

continua que haga que la cuerda se convierta en un círculo ordinario.

¿Por qué este problema es tan difícil? Porque necesita la prueba de que ninguna transformación, por complicada e ingeniosa que sea, servirá. Es mucho más fácil analizar alguna transformación específica y ver qué hace, pero esta pregunta no puede responderse de ese modo. En principio, tienes que contemplar todas las posibles transformaciones y ver que ninguna de ella deshace el nudo. En la práctica esto es imposible, pero hay un modo inteligente de lograr el mismo resultado sin considerar la infinidad de transformaciones, algunas muy complicadas. La idea es buscar un invariante, una cantidad o estructura específica asociada con cualquier nudo que sigue siendo la misma cuando el nudo se transforma. El invariante debe, también, ser algo que podamos calcular, de lo contrario, será bonito, pero inútil.

Veamos cómo funciona un invariante. Supongamos, por ejemplo, que algún topólogo ingenioso inventa un invariante y cuando lo calculamos la respuesta es 3 para el nudo simple, 0 para el «nudo trivial», una curva cerrada sin nudos. Podemos probar, con total rigor lógico, que no existe ninguna cantidad de retorcimientos o giros o pliegues o estiramientos que puedan convertir el nudo simple en el nudo trivial. ¿Por qué? Porque dichas transformaciones siempre producirán un nudo cuyo invariante es 3. Como el nudo trivial no está entre ellos, nunca va a darse.

Esta es una idea sencilla y ampliamente usada, pero hay un pero. Primero, lo que estamos pensando hacer tiene que ser realmente un

invariante y quizá no sea fácil encontrar una bestia tal, o probar su invariancia. Segundo, debe ser algo que podamos calcular para el nudo con el que empezamos y para el nudo que esperamos obtener al final, en este caso, el nudo trivial. Tercero, debe ser diferente para el nudo inicial y el final.

A pesar de estos obstáculos, los topólogos se las han arreglado para inventar algunos invariantes de nudos aceptables, y los usan para resolver problemas básicos. Probar que el nudo simple es realmente un nudo. Probar que no puedes transformar un nudo simple en su imagen en el espejo. Probar que un nudo de rizo es diferente del nudo de la abuela y ambos diferentes del nudo simple. Etcétera, etcétera.

Muchos de los invariantes de nudos más recientes son fórmulas algebraicas, con frecuencias llamadas polinomios. Hay un invariante clásico de este tipo que lleva el nombre de su inventor, James Waddell Alexander. Puedes calcular el polinomio de Alexander a partir de una imagen del nudo. Es $x^{-1} - 1 + x$ para el nudo simple y $-x^{-1} + 3 - x$ para el nudo con forma de ocho. Como son claramente diferentes, también lo serán los nudos.

El polinomio de Alexander soluciona algunos problemas, pero no todos. No sirve para distinguir el de rizo del de la abuela y tampoco puede definir la diferencia entre un nudo simple y su imagen en el espejo. De modo que los topólogos buscaron cómo mejorar los invariantes. En teoría, lo que queremos es un invariante que distinga totalmente todos los nudos topológicamente diferentes. Si los nudos difieren topológicamente, entonces sus invariantes

también tienen que ser diferentes. Pero esto no es fácil de conseguir. Sin embargo, Vaughan Jones inventó un nuevo invariante bastante bueno en 1983. El polinomio de Jones puede distinguir el nudo de rizo del de la abuela y decir la diferencia entre un nudo simple y su imagen en el espejo. Otros matemáticos generalizaron sus ideas y ahora tenemos varios invariantes de nudos potentes.

* * * *

Los invariantes no son el único modo de aproximarse a las cuestiones sobre nudos. Una idea anterior era construir nudos a partir de piezas de construcción más simples y tratar de entender cómo los bloques funcionan y cómo encajan unos con otros. Esta técnica es útil para comprender la acción de las encimas. John Horton Conway, un matemático británico famoso por su poca ortodoxia, imaginación y aproximación lúdica a gran parte de las matemáticas, inventó una de dichas estructuras, conocida como enredo. Con este término, se refería a un trozo de un nudo cuyos extremos están sujetos a una caja circundante. Puedes transformar las partes de un nudo de cualquier manera continua posible, siempre y cuando permanezcan dentro de la caja, pero tienes que dejar sus extremos sujetos a la superficie. El tipo básico de enredo consiste en dos hebras individuales, cada una con dos extremos, de modo que hay cuatro extremos en la caja, y las propias hebras están atadas y puestas juntas en el interior de la caja. En la figura 48 las cajas se muestran como cuadrados, pero realmente son tridimensionales.

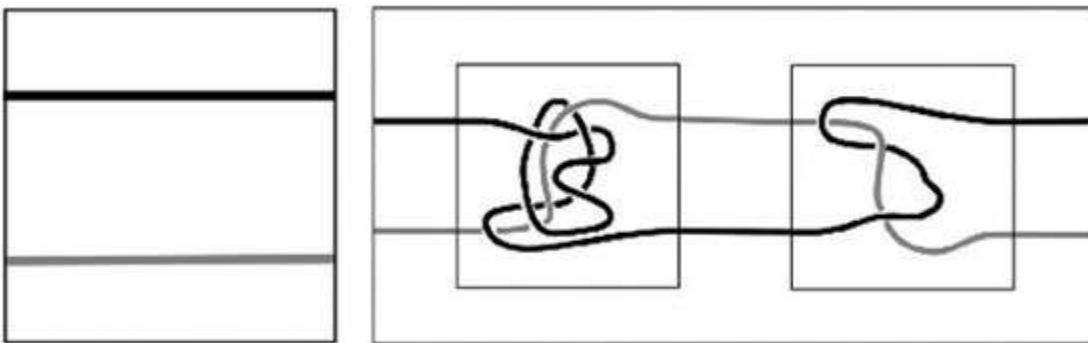


Figura 48. A la izquierda: enredo trivial. A la derecha: dos enredos (dentro de pequeños cuadrados) y cómo se suman (rectángulo exterior). Los dos tonos diferentes son para distinguir cada una de las hebras y no tiene otro significado.

Hay un enredo trivial, en el cual las dos hebras son paralelas y no están unidas o entrelazadas. Los enredos pueden combinarse «sumando» dos enredos. Para hacer esto, ponlos uno frente al otro, une los extremos adyacentes y reemplaza las dos cajas circundantes por una única caja mayor. En este sentido, los enredos son piezas de construcción y mediante sumas reiteradas, finalmente, uniendo los correspondientes extremos libres para cerrar el lazo podemos hacer nudos a partir de ellos. El enredo trivial actúa como el cero, sumarlo a otro enredo tan solo extiende el par de hebras y no tiene ningún efecto topológico.

En 1985, Nicholas Cozzarelli, biólogo celular y molecular, y sus compañeros de la Universidad de California en Berkeley aplicaron enredos a un problema sobre el ADN llamado recombinación específica de sitio.⁶³ Un sitio, en este contexto, es un segmento corto

⁶³ S.A. Wasserman, J.M. Dungan y N.R. Cozzarelli, «Discovery of a predicted DNA knot substantiates a model for site-specific recombination», *Science* 229 (1985), 171-174; D.

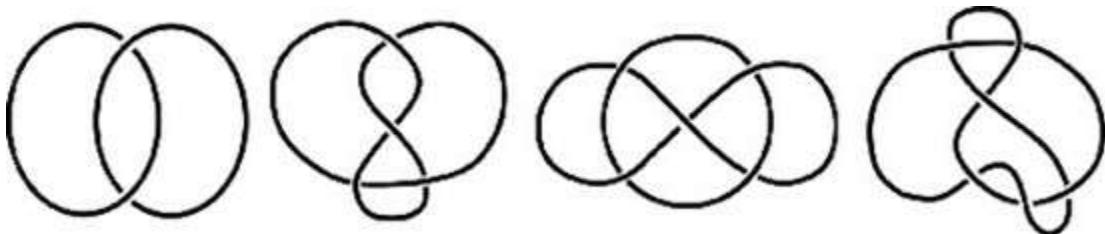
de ADN con dos hebras cuya secuencia de base puede reconocerse por una enzima. Dos de dichos sitios se pueden recombinar, la enzima corta los segmentos de las dos cadenas de ADN correspondientes que tiene a sus lados, cambia los extremos de sitio en cierto modo y vuelve a juntar todo. Excepto por el hecho de las cajas circundantes, este tipo de recombinación tiene el mismo efecto geométrico que sumar un nuevo enredo a lo que antes era el enredo trivial.

Así armados, podemos atacar un problema biológico serio: la acción de una enzima con el imponente nombre de Tn3 resolvasa. Esta es una recombinante específica de sitio. Una recombinante es una enzima que rompe las hebras del ADN y las vuelve a poner juntas de un modo diferente, es «específica de sitio» si el lugar donde hace estos cambios corresponde a secuencias cortas de ADN específicas. La Tn3 resolvasa puede experimentar varias reacciones sucesivas de este tipo con ADN de doble hebra, y el problema es encontrar exactamente cómo las hebras se rompen y se unen de nuevo. Las pistas topológicas, que a primera vista son bastante misteriosas, hacen posible reconstruir cómo actúan las enzimas.

Se empieza con un circuito circular de ADN de doble hebra, que topológicamente no tiene nudos. Se permite a la enzima actuar sobre él una vez, y el resultado se conoce como enlace de Hopf. Alrededor de una de cada veinte veces, hay una segunda reacción, que hace que el nudo tenga forma de ocho. Mucho más rara, pero

Sumners, «Lifting the curtain: using topology to probe the hidden action of enzymes», *Notices of the American Mathematical Society* 42 (1995), 528-537.

posible, es una reacción triple, que da el conocido como enlace de Whitehead (véase la figura 49).



*Figura 49. De izquierda a derecha: enlace de Hopf, nudo con forma de ocho, enlace de Whitehead, nudo 6₂**.

La reacción de un único paso se ilustra en la figura 50. La curva cerrada sin nudos del ADN se retuerce, de modo que de manera natural se divide en tres regiones, cada una de las cuales constituye un enredo. Estas regiones son las hebras paralelas dentro de la enzima (el círculo sombreado), el doble giro a su izquierda y el resto del ADN. La que más nos preocupa aquí es la primera de ellas, que es donde la enzima recoloca las hebras del ADN del modo que se muestra esquemáticamente en la figura 50, como un cruce de las dos hebras. Pero esto es solo una conjetura de cómo actúa la enzima y hay otras muchas posibilidades. El problema es reemplazar esta imagen esquemática por una que realmente se dé en la naturaleza, tan solo observando el rango de nudos y enlaces que se producen por reacciones químicas.

La aproximación de Cozzarelli a este problema asume que la enzima hace el mismo cambio en la topología del enredo cada vez que

actúa. Este cambio puede verse como una suma de enredos, con el mismo enredo sumándose cada vez.

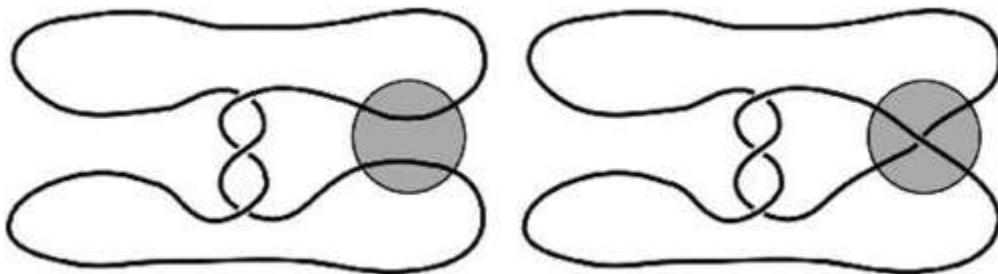


Figura 50. Acción de la enzima Tn3 resolvasa (círculo gris) en una curva cerrada de ADN. A la izquierda antes de la aplicación. A la derecha: después.

De modo que empezamos con el nudo trivial U y sucesivamente sumamos un enredo X , que representa la acción de la enzima, obteniendo tres ecuaciones de enredos:

$$U + X = \text{enlace de Hopf}$$

$$U + X + X = \text{nudo con forma de ocho}$$

$$U + X + X + X = \text{enlace de Whitehead}$$

Buscamos la solución para X . Esto, sorprendentemente, es posible y hay una única solución. El enredo X tiene que actuar exactamente del mismo modo que el dibujo esquemático asume. Pero esta ya no es tan solo la conjetura más simple, sino que es una consecuencia de supuestos biológicos específicos sobre la acción de la enzima, verificada por experimentación.

¿Podemos hacer una predicción? ¿Un experimento nuevo que probará si la teoría es correcta? Podemos. Todavía más raro, debería haber una cuarta acción de la enzima, que nos llevase a $U + X + X + X + X$. Como conocemos X , podemos calcular qué nudo o enlace es este. Resulta ser un nudo con un nombre que no es familiar y los topólogos lo llaman 6_2^* (véase la figura 49). Entonces, la predicción es que incluso menos frecuentemente que la triple reacción, observaremos el nudo 6_2^* . Y las observaciones, de hecho, detectan precisamente este nudo, con aproximadamente el grado de rareza pronosticado.

* * * *

Cuestiones matemáticas que parecen bastante similares a estas que surgen con los nudos, pero que técnicamente son muy diferentes, aparecen en un área relacionada de la biología molecular: plegamiento de proteínas. Aunque una proteína es, conceptualmente, una cadena de aminoácidos, en la realidad, la cadena se pliega de una manera compleja bajo la influencia de fuerzas moleculares. El punto básico aquí es que el ADN, interpretado como aminoácidos, no «contiene la información» que dice a las proteínas cómo deberían plegarse. En su lugar, las proteínas se pliegan automáticamente, como respuesta a sustancias químicas en el medio que las rodea, la actividad de moléculas especiales llamadas chaperonas que las empujan suavemente a configuraciones particulares, temperatura y otros factores.

Los biólogos con frecuencia consideran que algo que obedece pasivamente las leyes de la física y la química es meramente parte

del contexto sobre el que la biología trabaja. Desde ese punto de vista, todo lo que importa es que la física hace lo que sea que la física hace. Puede darse por hecho, incluso ignorarse. Un elefante empujado por un precipicio se caerá, pero eso es gravedad, no biología. Sin embargo, no es posible asignar el plegamiento de proteínas a este tipo de actividad de fondo de una ley física, porque en principio las proteínas pueden plegarse de muchísimas formas. Incluso si en la práctica se plegase de un único modo, todavía necesitaríamos saber cuál es la forma que se presenta, porque una forma de la molécula de proteínas es una de las principales características que determina su función o funciones biológicas.

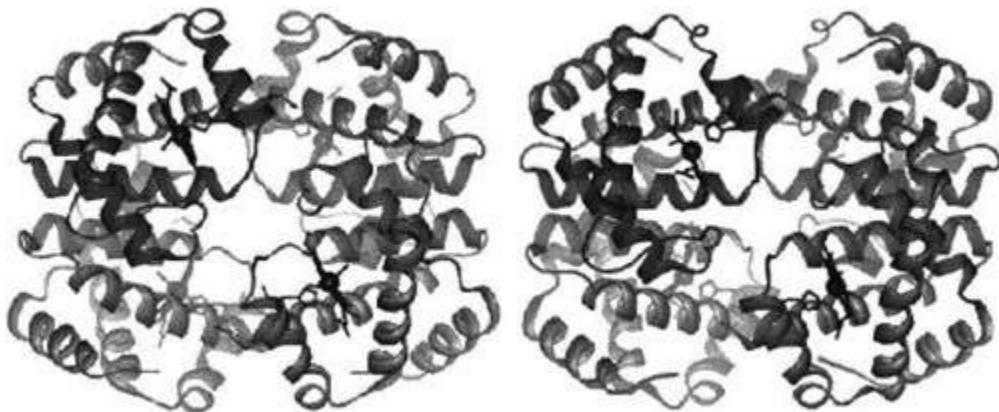


Figura 51. Las dos formas de la hemoglobina. A la izquierda: oxígeno unido a las regiones mostradas como pequeñas esferas oscuras. A la derecha: el oxígeno se libera.

Piensa en la hemoglobina, que actúa como pinzas moleculares, cogiendo una molécula de oxígeno y soltándola de nuevo. Si no tuviesen la forma correcta, no podrían hacer el trabajo. La figura 51

muestra cómo la hemoglobina se pliega y sus dos configuraciones ligeramente diferentes.⁶⁴

Por cierto, no estoy sugiriendo que la hemoglobina sea la única molécula que puede transportar oxígeno.⁶⁵ Las pinzas pueden tener brazos de diferentes formas sin que eso afecte a su función. De manera similar, muchas otras proteínas podrían, en principio, transportar oxígeno. Pero cualquier molécula apropiada tiene que tener una forma que le permita comportarse como pinzas para el oxígeno. Menciono esto porque a veces se sugiere que la hemoglobina es demasiado complicada para haber evolucionado, como si esta molécula en concreto fuese un blanco de la evolución al que apuntar. Por el contrario, la evolución es oportunista y se conformará con cualquier cosa que funcione.

Este papel de la forma no solo tiene importancia teórica. Muchas enfermedades, entre ellas la enfermedad de Creutzfeldt-Jakob, la enfermedad de las vacas locas (EEB) y probablemente el Alzheimer, podrían estar causadas por proteínas mal plegadas. La capacidad de deducir la forma de una proteína a partir de su secuencia de aminoácidos sería un enorme paso hacia adelante en biología, porque secuenciar el ADN ahora es barato y fácil (si tienes el

⁶⁴ Animaciones mostrando cómo la hemoglobina cambia de forma cuando carga oxígeno, o lo libera, se pueden [ver en este sitio](#).

También se puede consultar en español el siguiente enlace a la [página web de la Universidad de Alcalá](#)

⁶⁵ Estoy simplificando un relato complicado hablando de la hemoglobina como si fuese única. Realmente existen muchas variantes de formas específicas de la hemoglobina que aparece en la figura 51 en la naturaleza. Son todas bastante parecidas y probablemente tengan un origen evolutivo común. El asunto es más profundo, en principio, un gran número de moléculas radicalmente diferentes podría transportar oxígeno. «La forma correcta», en este caso, no significa «la única forma», significa cualquier forma que haga el trabajo. Muchas lo harán, muchas más no.

equipamiento, bastante caro, y las habilidades necesarias), pero averiguar la forma de una proteína complicada es muy difícil.

El proceso fue una gran incógnita hasta alrededor de 1990, cuando Joseph Bryngelson y Peter Wolynes, de la Universidad de Illinois concibieron una formulación matemática en términos de un «paisaje energético». Las fuerzas que actúan entre átomos y electrones en una molécula implican que cualquier configuración de una cadena de aminoácidos, o, es más, cualquier otra molécula, tiene una cantidad definida de energía. Las matemáticas y la física de sistemas dinámicos suponen que la molécula se comportará tratando de hacer que su energía sea tan pequeña como sea posible. Considera una goma elástica y déjala caer en el escritorio. Tiende a adquirir una forma particular sin estar estirada. Sin embargo, puedes estirar la goma creando todo tipo de formas empujando diferentes partes con tus dedos. Aunque, cuando la estiras, sientes una cierta resistencia. Cuanto más la estiras, más fuerte tienes que tirar. Lo que pasa aquí es que para estirar la goma tienes que incrementar su energía elástica. Todas las formas en las que está estirada tienen más energía que la forma natural no estirada y tienes que hacer el trabajo de proporcionar la energía extra. Por lo tanto, la forma sin estirar es la forma con la menor energía.

Algo muy parecido ocurre con la molécula de proteínas, pero los diferentes aminoácidos hacen que sea más como una goma elástica con todo tipo de bultos y protuberancias. Sin embargo, la forma estirada y alargada tiene mucha energía y la molécula de la proteína prefiere contraerse en una forma menos energética. De este modo,

la naturaleza puede producir una forma específica de molécula cosiendo, de uno en uno, unos aminoácidos a otros, siguiendo las instrucciones genéticas y luego tan solo permitiendo a la cadena plegarse con la forma necesaria. La minimización de energía hace todo el trabajo duro y los genes no necesitan decirle a la proteína cómo plegarse.

En la metáfora del paisaje energético, variaciones en la energía de las configuraciones concebibles pueden verse como colinas y valles, creando un paisaje conceptual en el que la altura corresponde a la energía y la ubicación en el paisaje corresponde a la propia configuración.

No es práctico determinar la forma real de la proteína considerando todas las formas posibles, calculando la energía para cada una y viendo cuál es la más pequeña, porque el rango de formas posibles es absolutamente gigantesco. Sería como tratar de predecir la forma de una goma elástica considerando todas las formas imaginables, algo inconcebible, calcular la energía y ver cuál es la menor. Esta no es la única dificultad. Dije que la molécula siempre «trata de hacer su energía lo más pequeña posible», pero esto es una simplificación muy grande. Debería haber dicho «tan pequeña como sea posible, comparada con cualquier configuración cercana». El paisaje energético podría tener una depresión local, incluso aunque el punto más bajo del paisaje completo esté muy por debajo de ese. No son solo los matemáticos los que tienen problemas llegado a este punto. La propia molécula es bastante parecida a una goma elástica, no tiene ni idea de dónde está el punto más bajo en el

paisaje, se dirige colina abajo y a ver adónde la lleva. Si la lleva a una depresión local, la molécula se queda atrapada en la configuración equivocada y la proteína no puede realizar su función. A finales de la década de los sesenta del siglo XX, Cyrus Levinthal, por aquel entonces un biólogo molecular de la Universidad de Columbia, se dio cuenta de que el paisaje energético para una cadena típica de aminoácidos puede tener un número enorme de depresiones locales posibles.⁶⁶ Supongamos que la cadena consiste en trescientos aminoácidos, que en todo caso es más bien pequeña, y que el enlace químico que lo une a cada uno de los siguientes puede adoptar uno de tan solo tres ángulos estables. Estos ángulos son más o menos independientes, de modo que el número de posibles combinaciones es 3^{300} , aproximadamente 10^{143} . Lo que nos lleva a la paradoja de Levinthal: cuando una cadena de proteínas real se pliega, no puede alcanzar la configuración «correcta» intentando, de una en una, todas las configuraciones posibles. El universo no durará tanto.

La deducción no es que la cadena de proteínas haga milagros, sino que no funciona de ese modo. Una teoría popular mantiene que la evolución ha allanado el terreno, para asegurar el plegamiento correcto las cadenas que se encuentran en proteínas importantes biológicamente no son típicas. En lugar de vastos paisajes energéticos con un montón de baches y montículos, sus paisajes forman embudos con gran pendiente, con una ruta clara hacia las

⁶⁶ C. Levinthal, «How to fold graciously», en *Mössbauer Spectroscopy in Biological Systems* (ed. J.T.P. DeBrunner y E. Münck), University of Illinois Press, Illinois (1969), 22-24.

profundidades donde la configuración deseada se esconde (véase la figura 52). Más exactamente, están hechos de una serie de dichos embudos, y cada uno proporciona la configuración al siguiente embudo a lo largo de un camino concreto.⁶⁷ Los embudos están unidos por puntos de silla, puntos en los que hacia un lado hay un pico de energía local y hacia el otro un hundimiento local, como un puerto de montaña en un paisaje convencional.

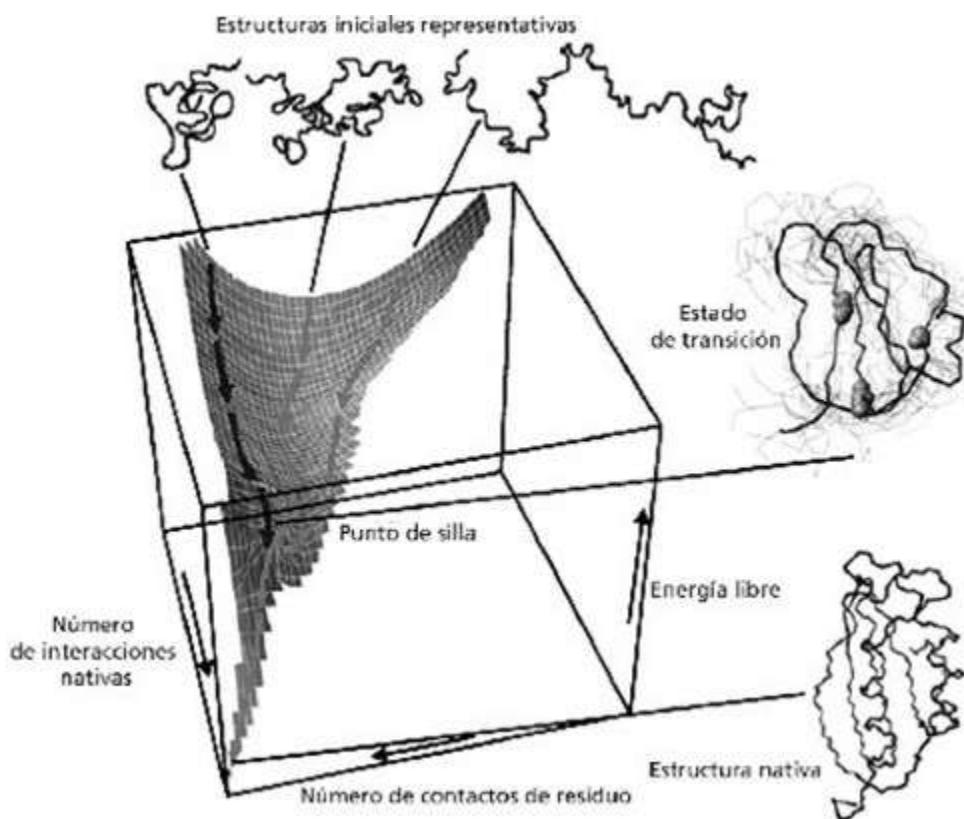


Figura 52. Paisaje energético de un modelo muy simplificado de una proteína pequeña en el que se puede ver un profundo embudo.

⁶⁷ C.M. Dobson, «Protein folding and misfolding», *Nature* 426 (2003), 884-890.

El puerto es el punto más bajo a través del cual un viajero puede cruzar una cadena montañosa, de modo que la ruta sube el puerto y luego desciende, pero la cadena montañosa se levanta a partir del puerto.

La idea es que la selección natural favorecerá proteínas con paisajes energéticos simples como este. No porque la evolución de algún modo sepa qué aspecto tiene el paisaje, sino porque las moléculas que se plieguen a menudo de una forma que no funciona harán que el organismo en el que están tenga menos probabilidades de sobrevivir, de modo que estas proteínas se eliminarán.

Incluso si esta teoría fuese correcta, las matemáticas del plegamiento de la proteína no resultarían simples y directas por otras razones. Pero al menos entenderíamos cómo las moléculas se pliegan solas del modo correcto.

* * * *

Muchos paquetes diferentes de aplicaciones informáticas hacen intentos de predecir cómo una proteína se plegará, usando una mezcla de principios matemáticos y conjeturas bien fundadas. Uno que es popular es Rosetta, que aprovecha la potencia de ordenadores que están sin hacer nada alrededor del mundo a través de su proyecto Rosetta@ home. Usa la Infraestructura Abierta de Berkeley para la Computación en Red (BOINC, por sus siglas en inglés) para llevar a cabo cálculos muy grandes en una red proporcionada por más de 80.000 voluntarios que permiten usar sus ordenadores personales cuando no están ocupados con otra cosa. Pero en 2008, Seth Cooper y sus compañeros les sacaron

ventaja, convirtiendo el plegamiento de la proteína en un juego *online* para varios jugadores: Foldit. Los jugadores compiten unos contra otros y su progreso hace que los niveles de dificultad aumenten, buscando la forma correcta de plegar una proteína dada. Hacer ciencia usando un juego de ordenador podría parecer un gesto de deferencia absurdo hacia la cultura popular, pero hace un uso muy efectivo de algo que los humanos tienen en abundancia y en los ordenadores escasea: intuición. El cerebro humano es muy bueno encontrando patrones, incluso algunos que no reconoce conscientemente. En 2010 el equipo de Cooper informó de que «los jugadores en los puestos más altos de la clasificación de Foldit destacan solucionando problemas difíciles de mejora estructural».⁶⁸ Los elementos de colaboración parecen añadir más potencia a la intuición del cerebro humano comprendiendo formas tridimensionales y los instintos competitivos proporcionan motivación, lo hacen hasta en la ciencia convencional.

Foldit se benefició del consejo de diseñadores de juegos profesionales. Los jugadores avanzan solucionando una serie de enigmas, inicialmente basados en las proteínas con estructura conocida, pero no disponible públicamente. En el trayecto, aprenden los muchos términos técnicos y técnicas basados en Rosetta, tales como «combinatorial sidechain rotamer packing» (embalaje combinatorio del rotámero de cadena lateral) pero usando una terminología más sencilla, en este caso «shake» (agitar). Luego

⁶⁸ . S. Cooper, F. Khatib, A. Trewille, J. Barbero, J. Lee, M. Beenan, A. Leaver-Fay, D. Baker, Z. Popović y Foldit players, «Predicting protein structures with a multiplayer online game», *Nature* 466 (2010), 756-760.

pueden mejorar estructuras sin resolver, con contribuciones potenciales a ciencia seria.

Foldit es un ejemplo fascinante de una tendencia que está creciendo en ciencia: hacer partícipes a un público general en una investigación científica usando la informática distribuida por todo Internet. Los problemas tienen que configurarse de modo fácilmente accesible, pero una vez está esto hecho, una vasta cantidad de potencia computacional y aportación humana está disponible, todo por un módico precio. Es una tendencia que podría recorrer un largo camino. Como Zoran Popovic, un miembro del proyecto, ha dicho, «nuestro objetivo final es tener gente ordinaria que juegue a un juego y con el tiempo sean candidatos a ganar el premio Nobel».

Foldit realmente vence a GTA como un modo constructivo de pasar el tiempo, aunque quizá no te proporcione el mismo subidón de adrenalina.⁶⁹

⁶⁹ Puedes probar Foldit por ti mismo en <http://fold.it/portal/>

Capítulo 13

Lunares y rayas

La extraordinaria belleza de los animales salvajes ha cautivado desde hace mucho a pintores, poetas y escritores. ¿Quién no se conmovería ante el poder y la elegancia de un tigre de Siberia, la imponente enormidad de un elefante, la altiva pose de una jirafa o el rayado pop de una cebra?

Sin embargo, cada uno de estos animales empieza su vida como una única célula, una fusión de espermatozoide y óvulo. ¿Cómo metes a un elefante en una célula? Cuando el paradigma del ADN como información estaba en su apogeo, la respuesta parecía simple. No lo metes. Lo que metes en el óvulo es la información necesaria para hacer un elefante. Como esta está en forma molecular, una cantidad ingente de información se puede meter en el interior de una única célula.

Si haces las cuentas, sin embargo, se ve claramente que no es sencillo. Un elefante tiene mucha más células en su cuerpo que bases tiene su ADN. Las células se presentan de muchas formas diferentes. Tienen que encajarse unas con otras del modo correcto... ¿Has considerado alguna vez lo complicado que sería el plano exacto, célula a célula, de un elefante? Dejando de lado el poner los orgánulos complejos y el citoesqueleto dentro de cada célula.

Parte de la respuesta está en el fondo de las leyes físicas y químicas. Estas leyes funcionan de modo automático, de hecho, no puedes detenerlas. El ADN de un tigre tiene que contener información

acerca de cómo sus enlaces químicos se ensamblan unos con otros, cómo las células que son adherentes se pegan unas a otras, cómo los impulsos eléctricos pasan a lo largo de sus neuronas. Todas estas cosas están implícitas en las leyes de la naturaleza.

No obstante, esta es solo parte de la respuesta. No es suficiente asignar cualquier cosa que no encuentres en el ADN a la acción de leyes físicas, porque esto no explica ninguna de las grandes cuestiones. En particular: ¿cómo regula el ADN los procesos químicos complejos, para convertir ese óvulo, lleno a rebosar de potencial, en un gran felino con rayas?

Aquí es donde las matemáticas pueden hacer su aportación a la gran empresa científica. No tenemos, todavía, modelos matemáticos precisos para todos los procesos que transforman un óvulo en un tigre, pero sí que tenemos modelos que aportan comprensión a varias etapas de este proceso. Las matemáticas pueden ayudarnos a entender características simples del crecimiento de un embrión, tales como la gastrulación, donde una masa esférica de células diminutas se enrolla sobre sí misma, la primera etapa en dar al animal final un interior y un exterior. Hay muchas otras aplicaciones de las matemáticas en el desarrollo biológico, pero quiero saltarme unas pocas etapas para observar las características más obvias en muchos animales: sus manchas.

* * * *

El matemático que inició el camino en esta área fue el inglés Alan Turing. Turing es famoso por su trabajo durante la guerra en Bletchley Park descifrando el código de Enigma, por elaborar la

prueba de Turing para la inteligencia artificial y por establecer la indecibilidad del problema de la parada para las máquinas de Turing (quiere decir que no hay un modo sistemático de determinar si un programa informático dado dará con una respuesta o estará ejecutándose eternamente, por ejemplo, repitiendo la misma instrucción una y otra vez indefinidamente). De estas actividades podría deducirse que Turing fue un pionero en las ciencias de la computación y la criptografía, lo cual es cierto, y que se especializó en esta área, lo cual es falso. Otro interés matemático suyo eran las manchas en los animales. Lunares, rayas, vetas, dibujos...

Durante medio siglo, los biólogos matemáticos se han basado en las ideas de Turing. Su modelo específico y la teoría biológica de la formación de patrones que motivó resultan ser demasiado simples para explicar muchos detalles de las manchas de los animales, pero recoge muchas características importantes en un contexto simple e indica el camino hacia modelos que son realistas biológicamente (véase la figura 53).

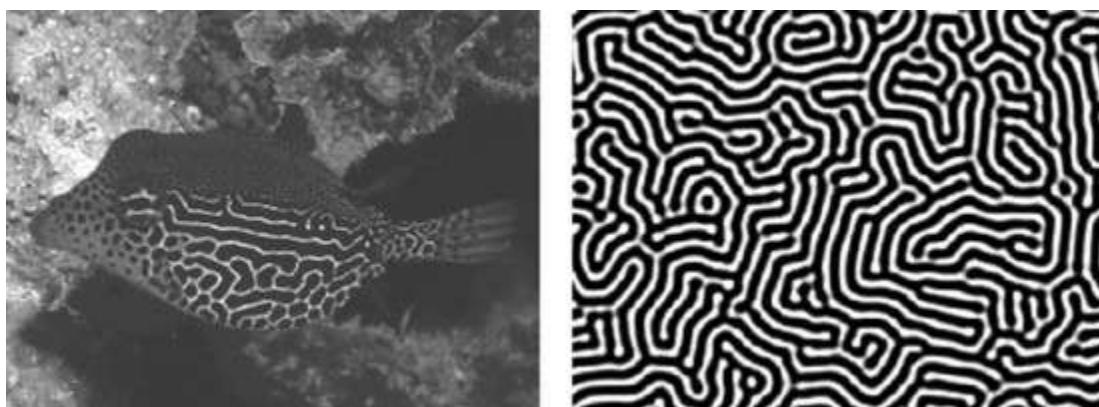


Figura 53. A la izquierda: pez cofre. A la derecha: patrón de Turing calculado.

Todo empezó a principios de los cincuenta en el siglo XX, cuando a Turing comenzaba a intrigarle la geometría de la forma de las manchas de los animales: las rayas en tigres y cebras, los lunares en leopardos, las manchas en las vacas frisonas. Aunque estos diseños no muestran la regularidad exacta que la gente con frecuencia espera de las matemáticas, tienen una «sensación» matemática clara. Ahora sabemos que las matemáticas de la formación de patrones pueden generar patrones irregulares del mismo modo que generan patrones regulares, de modo que las irregularidades no son una prueba de que los modelos matemáticos para los patrones de los animales están mal.

Turing presentó su teoría de formación de patrones en un célebre artículo titulado «The chemical basis of morphogenesis» («Las bases químicas de la morfogénesis») publicado en 1952.⁷⁰ Turing modelizó la formación de las manchas en los animales como un proceso que se fijaba en un «pre-patrón» en el desarrollo embrionario. A medida que el embrión crece, este pre-patrón pasa a expresarse como un patrón de pigmentos y proteínas. De modo que se concentró en hacer el modelo para ese pre-patrón. Su modelo tiene dos ingredientes principales: reacción y difusión. Turing imaginó algunos sistemas de sustancias químicas, que llamó morfógenos, «generadores de forma». En cualquier punto dado de la parte del embrión que finalmente se convierte en piel, de hecho, en la

⁷⁰ A.M. Turing, «The chemical basis of morphogenesis», *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B* 237 (1952), 37-72.

superficie del embrión, estos morfógenos reaccionan juntos para crear otras moléculas químicas. Las sustancias químicas y los resultados de la reacción también pueden difundirse, moviéndose por toda la piel en cualquier dirección.

Las reacciones químicas requieren ecuaciones no lineales, unas en las que, por ejemplo, el doble del dato de entrada no dé el doble del dato de salida. La difusión puede modelizarse bastante bien con ecuaciones lineales más simples: el doble de algo de cualquier molécula difundiéndose desde un punto dado da el doble de eso en todas partes. El resultado más importante que surgió a partir de las ecuaciones de «reacción-difusión» de Turing es que no-linealidad local más difusión global crea asombrosos y, con frecuencia, complejos patrones (véase la figura 54).

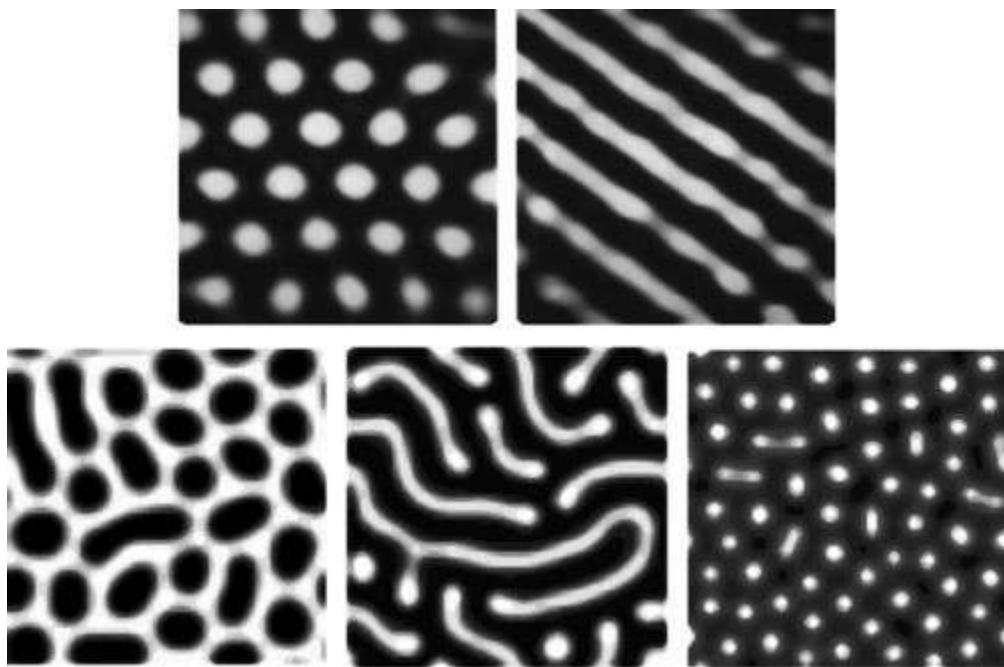


Figura 54. Arriba: patrones de Turing regulares. Debajo: patrones de Turing menos regulares.

Muchas ecuaciones parecidas pueden producir patrones, no solo las específicas que propuso Turing. Lo que las distingue es qué patrones se dan bajo ciertas circunstancias.

Hans Meinhardt, en el Instituto de Biología del Desarrollo Max Planck en Tubinga, ha hecho amplios estudios de muchas variantes de las ecuaciones de Turing. En su bello libro *The Algorithmic Beauty of Seashells (La belleza algorítmica de las conchas marinas)*, examina muchos tipos de mecanismos químicos, mostrando que determinados tipos de reacciones conducen a determinados tipos de patrones. Por ejemplo, algunas de las sustancias químicas inhiben la producción de otras, y otras activan la producción. Combinaciones de inhibidores y activadores pueden provocar oscilaciones químicas, dando como resultados patrones regulares de rayas o lunares. Los patrones teóricos de Meinhardt coinciden con los encontrados en conchas reales.

El uso de la palabra «patrón» no implica una regularidad. Muchos patrones llamativos en las conchas marinas son complejos e irregulares. Algunas conchas con forma de cono tienen lo que parecen ser colecciones aleatorias de triángulos de varios tamaños (véase la figura 55). Matemáticamente, los patrones de este tipo pueden surgir a partir de ecuaciones como las de Turing. Estos patrones son fractales, un tipo de estructura geométrica compleja popularizada por el matemático franco-americano Benoît Mandelbrot cuando trabajaba en Yale en la década de los sesenta del siglo XX. Los fractales están muy asociados con el caos, un

comportamiento irregular en un sistema matemático determinista. De manera que la concha de cono combina características matemáticas de orden y caos en un patrón.

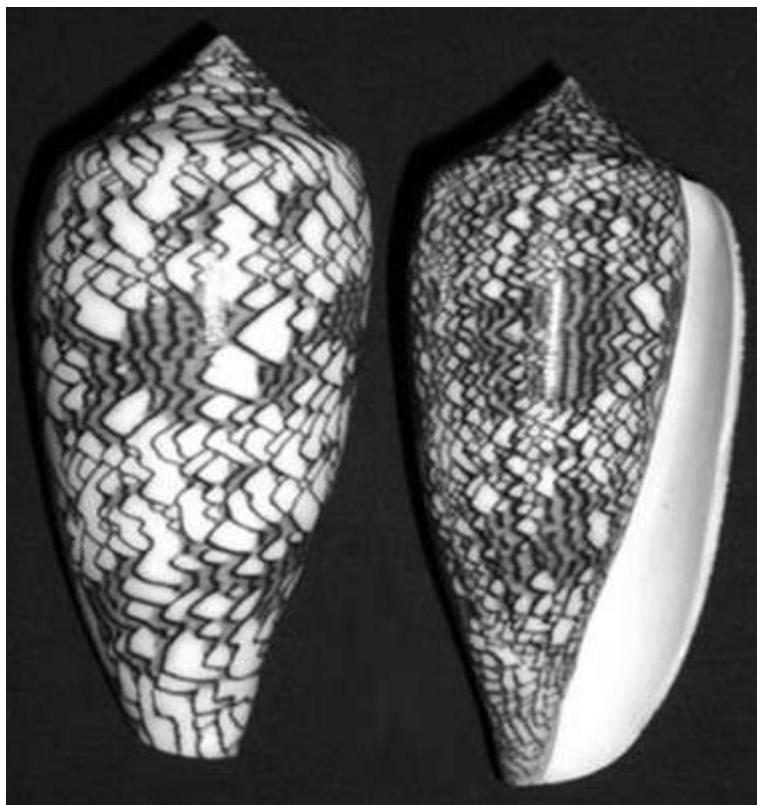


Figura 55. Patrón de una concha con forma de cono.

El matemático escocés James Murray de las Universidades de Washington y Oxford ha aplicado las ideas de Turing, modificándolas adecuadamente y extendiéndolas para las manchas de grandes felinos, jirafas, cebras y animales relacionados.⁷¹² Aquí los dos patrones clásicos son rayas (tigre, cebra) y lunares (guepardo, leopardo). Ambos patrones se crean mediante una

⁷¹ J. Murray, *Mathematical Biology*, Springer, Berlin (1989).

estructura con el aspecto de una onda en la química. Ondas largas y paralelas producen rayas. Un segundo sistema de ondas, en ángulo con el primero, puede provocar que las rayas se rompan en una serie de lunares. Matemáticamente, las rayas se convierten en lunares cuando el patrón de ondas paralelas se hace inestable. Proseguir con este tema llevó a Murray a un interesante teorema: un animal moteado puede tener una cola rayada, pero un animal rayado no puede tener una cola moteada. El pequeño diámetro de la cola deja menos espacio a las rayas para hacerse inestables, mientras que esta inestabilidad es más probable en cuerpos de diámetros mayores.

En 1995, el científico japonés Shigeru Kondo, del Centro para la Biología Molecular y la Genética de la Universidad de Kioto, y Rihito Asai, del Laboratorio Biológico Marino de Seto de la Universidad de Kioto, usaron las ecuaciones de Turing para hacer un asombroso descubrimiento sobre el colorido pez ángel emperador tropical, *Pomacanthus imperator*. A lo largo de dos tercios de su cuerpo corren rayas paralelas amarillas y moradas. Las rayas son un patrón arquetípico de Turing, pero hay una dificultad técnica aparente. En este caso en particular, las matemáticas de los patrones de Turing hacen una predicción sorprendente: las rayas del pez ángel tienen que moverse. Patrones fijos estables no son consistentes con el formalismo matemático.

¿Rayas móviles? Parece extraño. Sin embargo, Kondo y Asai decidieron mantener su mente abierta. Quizá las rayas del pez ángel se moviesen. Para averiguarlo, fotografiaron especímenes del pez

ángel en períodos de varios meses. Descubrieron que las rayas, de hecho, sí migran por su superficie (véase la figura 56).⁷²

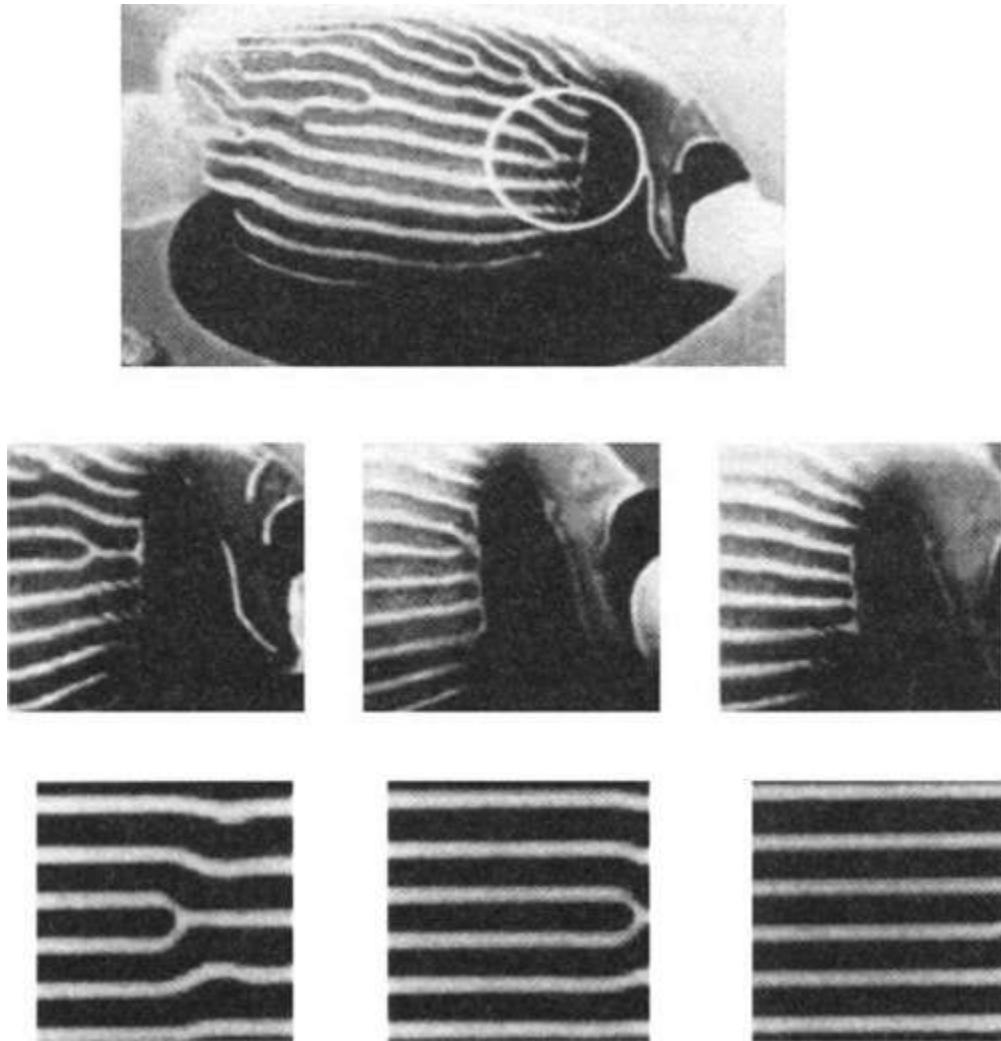


Figura 56. Rayas móviles del pez ángel. Arriba: el pez ángel cuyas rayas tienen una rama con forma de Y (interior del círculo). En el medio: observaciones en intervalos de seis semanas que muestran que la rama se mueve. Abajo: movimiento teórico según el modelo de Turing.

⁷² S. Kondo y R. Asai, «A reaction-diffusion wave on the skin of the marine angelfish Pomacanthus», *Nature* 376 (1995), 765-768.

Como se mueven, ciertos defectos en el patrón de franjas de otro modo regulares, conocidas como dislocaciones, se rompen y se reforman exactamente como las ecuaciones de Turing predicen.

La formación de patrones se predice mediante una variedad de modelos matemáticos, muchos de los cuales dan lugar al mismo catálogo de patrones posible, esos que se dan en la naturaleza como franjas en las olas del mar, en tigres y en el pez ángel, por ejemplo. Debería haber algo más profundo, una razón general para estas similitudes, de hecho, para los patrones en sí mismos. La hay, se llama ruptura de simetría.

En el lenguaje de uso común, algo es simétrico si tiene una forma equilibrada elegante. Más específicamente, hablamos de un objeto que tiene una simetría bilateral si tiene el mismo aspecto que su reflejo en un espejo. El cuerpo humano está próximo a esto, aunque una persona y su imagen en el espejo difieren en detalles menores y la colocación de sus órganos internos puede diferir considerablemente.

Hay tipos de simetría más complicados, mi ejemplo favorito es la estrella de mar. La estrella de mar más común que se encuentra alrededor de las Islas Británicas tiene cinco brazos, cada brazo es más o menos idéntico a los otros, todos dispuestos de modo parecido a una estrella de cinco puntas. Una estrella de mar tiene simetría bilateral, pero la simetría más clara no es una reflexión, sino una rotación; cada brazo está separado del siguiente 72° , un quinto de un giro completo.

La simetría no versa sobre las partes de alguna figura que son parecidas unas a otras, es sobre el efecto de algunas transformaciones en la figura completa. ¿Aparentemente la figura se queda igual cuando se refleja? Si es así, tiene simetría bilateral. ¿Aparentemente la figura se queda igual cuando se rota? Entonces tiene simetría radial. Como hemos visto, esta idea se ha convertido en una teoría matemática formal: la teoría de grupos, llamada así porque si combinás dos simetrías cualquiera obtienes otra simetría. El conjunto de todas las simetrías de un objeto es su grupo de simetría.

No solo pueden las soluciones de ecuaciones matemáticas tener simetrías, las ecuaciones en sí mismas pueden tener simetrías. La fórmula algebraica $x + y$ es simétrica en los dos números x e y , si los intercambias, obtienes el mismo resultado. Más generalmente, una ecuación es simétrica si aplicando alguna transformación a los símbolos, se obtiene la misma ecuación. A mediados de la primera década del siglo pasado, Albert Einstein ya se había dado cuenta de la importancia de este tipo de simetrías en las leyes de la física, las ecuaciones básicas para el espacio, el tiempo, la energía y la materia. Insistió en que estas leyes deben ser las mismas en todos los puntos del espacio y en todos los instantes de tiempo.

Puede parecer sorprendente que las soluciones puedan tener menos simetría que las ecuaciones que resuelven. Trabajando en París, unos años antes de Einstein, Pierre Curie propuso que esto no debería ser posible debido a un principio físico básico: causas simétricas producen igualmente efectos simétricos. El principio de

Curie parece excluir un cambio de simetría de las ecuaciones («causas») a las soluciones («efectos»). Pero si el propio universo tenía tanta simetría, pareciendo exactamente igual en todas las localizaciones en todos los instantes, sería uniforme e inmutable, como un universo compuesto completamente por unas natillas cósmicas. De modo que debe haber alguna cláusula de salvaguardia. La hay, es la ruptura de simetría y sus consecuencias son tan bellas como importantes.

¿Cómo puede una simetría romperse? Más exactamente, ¿cómo puede una solución de una ecuación tener menos simetría que la propia ecuación? Si una ecuación es simétrica, entonces alguna transformación de símbolos da la misma ecuación. De modo que aplicando la transformación a la solución también da una solución. Sin embargo, no necesariamente es la misma solución. Esta es la fisura que hace la ruptura de simetría posible.

En nuestro ejemplo algebraico, la suma $x + y$ de dos números es simétrico en x e y . Si los intercambiamos, se convierte en $y + x$; formalmente esto parece diferente, pero siempre dará la misma respuesta. Esta afirmación se mantiene como cierta para elecciones concretas de x e y , tales como 17 y 36. Con estas elecciones $17 + 36 = 36 + 17$. Pero esto no implica que 17 y 36 permanezcan igual si los intercambiamos. Al contrario, 17 se convierte en 36, que es diferente. Por supuesto, en consecuencia, 36 se convierte en 17, pero, de nuevo, estos dos números son diferentes. Así que la solución $x = 36$, $y = 17$ es diferente de la solución $x = 17$, $y = 36$. El principio de Curie es correcto, tal y como está, para ecuaciones que

tienen una única solución. Pero cuando hay muchas soluciones, lo cual es bastante habitual, el principio, enunciado como estaba originalmente, falla. En su lugar, todo lo que podemos afirmar es que siempre que tengamos una solución, podemos obtener otras soluciones aplicando transformaciones simétricas.

* * * *

Hemos visto que la simetría es muy común en los modelos matemáticos del mundo natural, por lo tanto la ruptura de simetría también debería ser común.

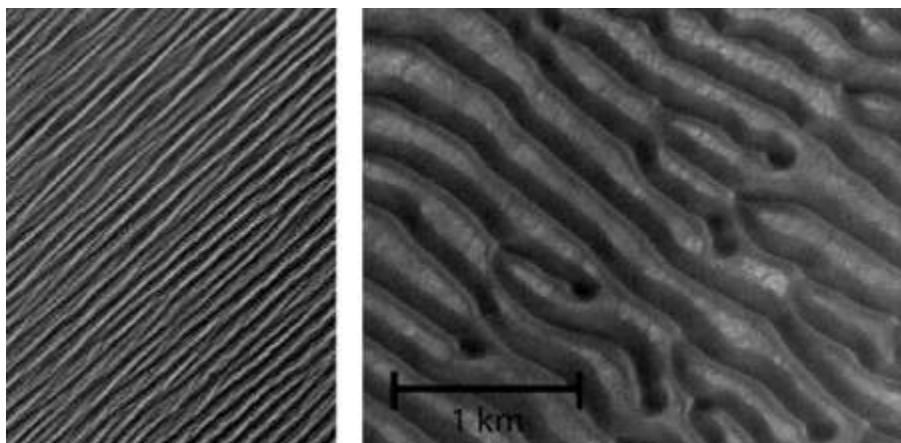


Figura 57. A la izquierda: dunas longitudinales en Rub al-Jali (el ancho es aproximadamente 40 km). A la derecha: dunas transversales en Marte.

Y lo es. De hecho, proporciona un mecanismo muy general para la formación de patrones de la naturaleza. Estos patrones son las representaciones explícitas, en sistemas físicos específicos, de simetrías abstractas que están implícitas en las leyes que describen esos sistemas.

Las múltiples soluciones abren la puerta a la ruptura de simetría. Lo que empuja a las matemáticas a través de esa puerta es la inestabilidad.

A la izquierda de la figura 57 vemos una foto de satélite de parte del desierto de Rub al-Jali en Arabia Saudí, cuyo nombre quiere decir «lugar vacío». Las rayas son enormes dunas de arena. Aunque hay irregularidades, las rayas son bastante paralelas y distan unas de las otras lo mismo. El patrón lo provocan fuertes vientos alisios continuos, que en este caso soplan en la misma dirección que las rayas, por consiguiente estas se conocen como dunas longitudinales. Las dunas a rayas pueden darse también cuando el viento sopla en ángulo recto con respecto a las dunas, el resultado tiene un aspecto muy parecido, pero un modo de formación diferente requiere un nombre diferente: dunas transversales. La foto de la derecha muestra dunas transversales en Marte.

Hay muchos otros patrones de dunas, incluyendo figuras maravillosas con forma de media luna y estrellas, pero las dunas a rayas son las más sencillas. Llegados a este punto, podría parecer que los patrones sólidos de las dunas deben reflejar patrones igual de sólidos en el modo en el que sopla el viento, pero dunas longitudinales y transversales se forman normalmente cuando el viento es constante. De hecho, cuanto más constante sea el viento, más regular es el patrón de la duna.

Por supuesto, una vez las dunas se han formado, les afecta el viento en su zona, pero no necesitas un viento a rayas para crear unas dunas a rayas.

¿Por qué no?

Para evitar confusiones, permíteme centrarme en las dunas transversales. Las dunas longitudinales tienen una explicación similar, quizá más sencilla, pero las transversales servirán mejor a mi propósito más adelante.

Imagina un desierto perfectamente plano, sobre el cual un viento constante sopla, a la misma velocidad y en la misma dirección en todas partes. Dicho desierto no puede existir en realidad, por supuesto, pero este caso ideal nos dirige a la esencia del misterio: cómo un viento uniforme puede dar un desierto a rayas. La clave es la simetría y cómo se rompe. Mi desierto ideal es muy simétrico. De hecho, la única alteración de la simetría de un plano matemático es la existencia de una dirección preferida, la del viento. De modo que las transformaciones que conservan el sistema no incluyen rotaciones y la única simetría de reflexión se da si alineas los espejos con la dirección del viento. Sin embargo, puedo deslizarme por todo el desierto, de norte a sur, de este a oeste, y el sistema, y por lo tanto también la representación matemática, parecerá exactamente el mismo.

Si el comportamiento de la arena en respuesta al viento fuese tan simétrico como el propio sistema, no habría patrones. El estado de la arena, y en particular de la altura de la superficie del desierto, sería idéntico en todos los puntos. De modo que la arena se quedaría plana y la simetría del sistema no se rompería.

Sin embargo, si tan solo inyectamos un elemento de realismo, esta imagen cambia considerablemente. La arena no es lisa, está hecha

de granos minúsculos. Esos granos asoman sobre la superficie en puntos y hay huecos entre ellos. La superficie se desvía de un alisado perfecto por muy poquito. Y esas salidas son bastante aleatorias. Un sistema así no tiene simetría en absoluto. Por mucho que transformes el desierto, los granos de arena no repetirán el mismo patrón exacto.

La diferencia es minúscula, pero lo que realmente sucede en un desierto (bastante) plano sometido a vientos (bastante) constantes es enorme y espectacular. Aparecen grandes montículos de arena, muchos miles de veces el tamaño de los granos de arena que causan la desviación de una simetría exacta. Y, muy comúnmente, las dunas tienen patrones a gran escala. Las dunas transversales, por ejemplo, están colocadas en franjas paralelas regularmente distanciadas como las olas en la playa. Las olas del mar se mueven y lo mismo hacen las dunas transversales, se mueven en ángulo recto respecto a las franjas. Pero lo hacen muy lentamente, a medida que la arena es transportada de la cima de cada duna a algún lugar más allá de la cima. Filas paralelas de dunas tienen bastante simetría. Forman un patrón de rayas en el plano y este puede deslizarse a los lados y a lo largo de la dirección de las rayas. Tampoco hay cambios si se desliza perpendicularmente a las rayas, aunque tiene que ser una distancia que sea un entero múltiplo de la distancia entre rayas adyacentes (el espacio real, dos veces, tres veces y así sucesivamente).

Esto es importante. La simetría de un patrón típico de comportamiento no recuerda ni a esos modelos idealizados

perfectos, con simetría translacional completa, ni a la pequeña pero total asimetría de los granos de arena reales. En vez de eso, se encuentra en un punto intermedio. Y resulta que el modelo idealizado puede reproducir exactamente ese tipo de patrón, si es modificado muy ligeramente para imitar las aleatorias y minúsculas desviaciones de la perfección introducidas por la naturaleza granular de la arena. En dicho modelo, la arena permanece muy próxima al plano perfecto siempre y cuando la velocidad del viento sea suficientemente baja, lo suficiente para no alterar cualquier grano de arena. Pero para velocidades de viento mayores, este estado imperturbable se hace inestable. Cualquier pequeñísima imperfección, por pequeña que sea, crece. Si un grano de arena asoma ligeramente más que los que le rodean, el viento lo recoge y lo lleva a cualquier otro lugar. El agujero resultante crea una diferencia mayor en la altura, y los granos de cada lado pasan a estar más expuestos y también acaban siendo arrastrados por el viento. El agujero crece y la arena desplazada se apila.

Sin embargo, la arena no se apila aleatoriamente. En vez de eso, la relación entre la forma del desierto y el movimiento del viento lleva a un patrón estable: ondas de arena y ondas de viento. En el rango apropiado de velocidades del viento, ese patrón consiste en dunas transversales.

¿Adónde ha ido la simetría del sistema?

Esta podría ser una pregunta tonta. La simetría no es una sustancia física que no pueda ser aniquilada sin crear algo más. La simetría es un concepto, una propiedad. Pero en este caso, no es

una pregunta tonta, porque la simetría perdida ha ido a otro sitio. Existe un potencial sin explotar. Ese patrón de rayas podría haberse formado en otra posición. Su posición real fue una consecuencia del primer grano de arena empezando a moverse. Potencialmente, ese grano de arena podría haber estado en cualquier lugar del desierto. Si es así, el proceso completo habría tenido lugar a cierta distancia, de modo que la cima de la potencial duna se habría formado en algún lugar en los hoyos del patrón real. La simetría del sistema no es que esté rota sino más bien dividida entre el conjunto completo de soluciones posibles.

Un modelo que predice la formación de dunas transversales no puede especificar la localización exacta de sus cimas y depresiones. Si movemos diez metros hacia delante el patrón entero, también satisfará las ecuaciones del modelo. De hecho, si esperamos lo suficiente, el viento movería el patrón a esa posición. En cualquier momento, la localización de las cimas y las depresiones depende de la historia pasada de las dunas.

Hay técnicas matemáticas detalladas para calcular las estabilidades y resolver qué patrones aparecen cuando estados totalmente simétricos se convierten en inestables. Son muy técnicas, pero en términos generales, sugieren que la naturaleza prefiere no romper la simetría mucho más de lo que tiene que hacerlo. Los patrones típicos que surgen en un sistema simétrico a través de una ruptura espontánea de simetría tienden a tener mucha simetría, más que tan solo a una poca. En cualquier ejemplo concreto, esta afirmación puede precisarse: si se toma demasiado literalmente es falsa, pero

en conjunto puede funcionar.⁷³ Cuando es falsa, las matemáticas no dicen qué esperar en su lugar.

¿Qué pasa con la forma de los animales? La forma y el patrón son dos aspectos de lo mismo: la morfología. Ambos, forma y patrón, parecen configurarse en los embriones a través de un pre-patrón químico inducido por un morfógeno. El pre-patrón se queda ahí hasta que el organismo alcanza un estado adecuado de desarrollo; en ese momento, las concentraciones químicas variantes desencadenan o bien la formación de pigmentos y proteínas creando patrones visibles, o bien cambios celulares creando la forma.

Hay desacuerdo sobre el mecanismo preciso que establece los prepatrones y sobre el mecanismo preciso que convierte los prepatrones en patrones visibles o formas. Muchos de los cambios químicos implicados claramente tienen un componente genético, genes concretos «se encienden» simultáneamente en bloques de células, estimulando la producción de algún pigmento o causando que las células modifiquen sus propiedades mecánicas o químicas. Los pre-patrones solos no pueden explicar la morfología; su interacción con los genes se supone que puede. Meinhardt ha aplicado las ecuaciones de Turing a la vez que ideas genéticas de «encendido y apagado» simples a la formación de somitas en embriones de vertebrados en desarrollo.⁷⁴ Los somitas son pares

⁷³ La afirmación concreta de «muchísima simetría» se conoce como conjetura del subgrupo de isotropía máxima. Finalmente se probó que esta conjetura verosímil era falsa: véase M.J. Field y R.W. Richardson, «Symmetry breaking and the maximal isotropy subgroup conjecture for reflection groups», *Archive for Rational Mechanics and Analysis* 105 (1989), 61-94.

⁷⁴ H. Meinhardt, «Models of segmentation», en *Somites in Developing Embryos* (ed. R. Bellairs et al.), Nato ASI Series A 118, Plenum Press, Nueva York (1986), 179-189.

igualmente distanciados de bloques de tejidos diferenciados que finalmente forman las bases de la columna. Se crean, uno por uno los pares, empezando en el extremo de la cabeza del animal. Sin embargo, sobre términos matemáticos generales, Meinhardt fue inducido a una predicción matemática contraria a la intuición. Las ondas químicas difundiéndose que desencadenan la formación de somitas deberían originarse no a partir de la parte delantera del animal, sino a partir de su parte trasera.

¿Por qué? Imagina las olas del mar llevando escombros que flotan a la playa, a medida que baja la marea. Una ola llega a la cima de la playa y deposita un montón de tablas y algas. La siguiente ola no llega tan lejos, debido a que la marea está bajando, así que deja la línea de escombros un poco más abajo en la playa. Poco a poco, las olas que llegan a la playa crean una serie de rayas de escombros que se acumulan playa abajo. De esa manera, la playa entre las olas y los escombros permanece prístina, y las olas pueden depositar más escombros usando exactamente el mismo proceso. Los escombros existentes no se interponen en el camino.

Para los somitas, las olas son las ondas de concentración de algún morfógeno, y los escombros que se depositan son una serie de «apagados y encendidos» genéticos que cambian el estado de células importantes. Además, los somitas que ya se han formado interferirían con las ondas entrantes, a menos que las ondas vengan de atrás. Meinhardt hizo esta predicción hace alrededor de quince años como consecuencia de la estratagema matemática de Turing.

La capacidad recién encontrada para hacer visibles encendidos genéticos ha demostrado que fundamentalmente tenía razón.

A pesar de estos logros notables, las ecuaciones de Turing para manchas en los animales, como era de esperar, dada la naturaleza pionera de este trabajo, no han sido un completo éxito. Con frecuencia este tipo de trabajos fracasan en predecir detalles experimentales, tales como qué pasa cuando crecen organismos a diferentes temperaturas. Turing fue el primero en intentar este tipo de modelos y mantuvo el modelo tan simple como se atrevió: en esa época las soluciones tenían que calcularse a mano. Su teoría ha derivado en muchos descendientes modernos mucho más sofisticados, cada uno de los cuales intenta resolver dichas deficiencias. Sin embargo, cualquiera que sea la información, los patrones espacio-temporales de la actividad de los genes se toman, prácticamente sin cambios, del muestrario de patrones matemáticos de Turing. De modo que parece como si el ADN guiase a la morfogénesis a lo largo de ciertas líneas, pero lo que sucede luego también depende mucho de las leyes de la física y la química, y por lo tanto, del contexto.

Sabemos mucho sobre cómo el ADN hace proteínas, pero en comparación sabemos muy poco sobre cómo estas proteínas son puestas juntas en orden para crear un organismo. El problema del desarrollo biológico es uno de los retos científicos más grandes a los que nos enfrentamos. ¿Cómo los organismos regulan sus propios patrones de crecimiento? ¿Qué define el plan del cuerpo de un animal? ¿Cómo se transfiere su forma de la mesa de dibujo del ADN

a la línea de ensamblaje del desarrollo? Las respuestas involucrarán química, biología, física y matemáticas. Y ni mucho menos serán tan sencillas como tan solo obedecer una lista de instrucciones genéticas.

* * * *

El disponer de ordenadores potentes proporciona una alternativa a los modelos continuos clásicos como el de Turing. En vez de aproximar el tejido del animal por una región de espacio divisible infinitamente, podemos hacer un modelo del tejido célula a célula. Podemos estudiar cómo las células influyen en las que les rodean, cómo su dinámica interna y su sistema regulador genético conspiran con el mundo exterior para determinar su destino.

Al comienzo de este capítulo mencioné la gastrulación, la etapa en el desarrollo embrionario en la cual la masa de células en crecimiento se envuelve sobre sí misma. Este proceso parece matemático, normalmente empieza cuando un arco circular se forma sobre la superficie de una esfera hueca de células, esto se convierte en el borde de la porción de superficie que se pliega por dentro. Mucha gente ha construido modelos matemáticos de la gastrulación, pero los biólogos saben que el proceso completo está regulado por unos pocos genes y lo que les gustaría saber es cómo la genética interactúa con la geometría.

En los noventa, trabajando en el Laboratorio de Inteligencia Artificial en Zurich, Peter Eggenberger Hotz diseñó una serie de

modelos matemáticos que incorporan el papel de los genes.⁷⁵ Una estrategia típica es empezar con una rejilla de células, representada como esferas adyacentes, y escribir una lista de reglas dinámicas para ver cómo los genes presentes en estas células interactúan con los genes de las células que los rodean. Un gen es activado (o inhibido) solo cuando la concentración total de moléculas señalizadoras entrantes excede un umbral. Entonces la célula responde a la actividad de este gen, o bien enviando fuera su propia molécula señalizadora, creando una molécula de adhesión celular que la conecta a una célula cercana, o bien equipando esa célula con un receptor que puede responder a moléculas señalizadoras entrantes. Adicionalmente, la célula podría responder dividiéndose o muriendo.

El modelo es, a continuación, simulado en un ordenador, siguiendo las reglas dinámicas y viendo qué sucede. Dependiendo de las elecciones hechas para la dinámica, la colección de células puede crecer y desarrollarse de maneras interesantes. La figura que la masa de células adopta se calcula usando un conjunto de ecuaciones bastante realistas para una colección de objetos que interactúan a través de pegajosidad y elasticidad, dos propiedades clave de una célula real.

A medida que la masa de células simuladas se desarrolla, las señales genéticas hacen que las células cambien su posición en el espacio. Estos cambios uno por uno afectan a la actividad de los

⁷⁵ P. Eggenberger Hotz, «Combining development processes and their physics in an artificial evolutionary system to evolve shapes», en *On Growth, Form, and Computers* (ed. S. Kumar y P.J. Bentley), Elsevier, San Diego CA (2003), 302-318.

genes y las señales que producen. El lazo de retroalimentación entre los genes y la forma lleva a la forma final de la masa de células. El modelo puede usarse con muchos fines, por ejemplo, explorar el efecto de un morfógeno en la morfología. Una versión del modelo imita la gastrulación en una esfera hueca de células.

Gracias a que todo el modelo se ha creado en un ordenador, es posible investigar características de la estructura que son difíciles o imposibles de observar en un embrión en desarrollo real, tales como las concentraciones de moléculas señalizadoras en varias localizaciones. Esta es una de las mayores ventajas de todos los modelos. La desventaja correspondiente es que no son el sistema real. Como Eggenberger señala, «poner técnicas evolutivas sobre una base firme, donde los mecanismos se pueden entender, es en sí mismo una razón importante para investigar el potencial de dichos sistemas».

Capítulo 14

Juegos de lagartos

Un lagarto macho ha conseguido por sí mismo una hembra y pronto la pareja se apareará. A ella parece gustarle su cuello celeste y los dos salen con frecuencia a pasear juntos. Pero, de pronto, este equivalente largartil de la dicha matrimonial se hace añicos por culpa de un intruso. Es más grande y más fuerte que el lagarto de cuello celeste y su cuello es naranja. Amenaza al lagarto de cuello azul, esperando que se vaya lejos y robarle a su hembra. Cuando el lagarto de cuello azul se resiste, el de cuello naranja ataca.

Esto resulta ser un error táctico por ambas partes, porque mientras están liados en la batalla, un lagarto más pequeño con el cuello amarillo se acerca sigilosamente a la hembra y se aparea con ella.

Esta telenovela de reptiles se representa una y otra vez en algunas de las muchas islas que salpican la costa oeste de Norteamérica. Como los machos están compitiendo por la misma hembra, lo que esperaríamos es que pertenezcan a la misma especie, a pesar de sus diferentes colores; y sí, pertenecen a la misma especie. Los machos son diferentes «morfismos» (tipos) de un lagarto común en Norteamérica, *utas*, cuyo nombre científico es *Uta stansburiana*.

Sus estrategias de apareamiento al estilo de una serie para adolescentes tienen sorprendentes consecuencias.

Barry Sinervo, trabajando en su laboratorio del departamento de Ecología y Biología evolutiva de la Universidad de California en Santa Cruz, ha estado haciendo un seguimiento de los patrones de

herencia en una población de utas de esta especie desde 1989. Debido a que viven en la misma isla y se reproducen entre sí, pueden clasificarse como una única especie con bastante confianza. Como hemos visto, hay tres posibilidades para los machos de esta especie, y la característica principal que los distingue es el color del cuello del lagarto, que puede ser naranja, azul o amarillo. Las tres formas tienen también un tamaño diferente, los del cuello naranja tienden a ser los más grandes y los del cuello amarillo los más pequeños.

Estos colores parecen ser un ejemplo de lo que Darwin llamó selección sexual, porque no están relacionados con los caracteres de supervivencia, sino con las preferencias de la hembra cuando escoge a su pareja. Cualquier cosa que las damas prefieran tiende a convertirse en más común, porque se pasará a sus crías. La enorme cola de brillantes colores del pavo real y las decoraciones chillonas y estrafalarias de las aves del paraíso son ejemplos conocidos.

Año sí, año también, cada una de las formas sigue su propia estrategia de apareamiento particular. Los lagartos macho de cuello azul forman fuertes vínculos de pareja con sus hembras, los de cuello naranja y cuello amarillo, no. Los naranja, que son los más fuertes, luchan con los azules y se llevan a sus hembras. Los amarillos están coloreados de modo muy parecido a las hembras y gracias a este disfraz, pueden sacar ventaja de las peleas para acercarse sin causar alarma y aparearse con la hembra por la cual se están peleando. Los azules generalmente cuentan con vínculos fuertes con su pareja, tienden a salir perdiendo contra los naranja

que son más fuertes, pero pueden vencer a los amarillos.
Simplificando:

- Naranja gana a azul
- Azul gana a amarillo
- Amarillo gana a naranja

De modo que el naranja es más apto que el azul, que es más apto que el amarillo, que es más apto que el... naranja. Demasiado para la «supervivencia del más apto».

¿Qué es lo que está pasando? ¿Cómo se resolverá esta competición evolutiva y cómo encajará esto en la imagen darwiniana?

* * * *

Uno de los mayores problemas con la teoría de la evolución es que todo el mundo cree que la entiende. Pero sería mucho más justo decir que nadie la entiende, ni tan siquiera los biólogos evolutivos. La evolución es extremadamente compleja y extremadamente sutil. No se trata tan solo de la «mejor» o «más apta» criatura ganando una batalla por la supervivencia. Si fuese así, entonces uno de los colores de los machos de los lagartos uta habría desplazado a los otros dos hace tiempo.

¿Es esto un signo de que, para esos lagartos, la evolución no funciona? La verdad es que parece que es así si nos atenemos literalmente al eslogan «supervivencia del más apto» y lo interpretamos ingenuamente. Aunque estos hábitos extraños de apareamiento de los lagartos evolucionaron, lo que deja claro es que el eslogan no es muy bueno. Por esta razón, los biólogos lo evitan.

La supervivencia como tal no es el principal criterio para que la selección natural funcione, lo que cuenta es si una criatura se las arregla para procrear. Obviamente tiene que sobrevivir hasta la edad en la que pueda engendrar, si es que va a tener alguna oportunidad de hacerlo, pero podría fracasar en procrear, aunque haya sobrevivido. Los lagartos prueban este punto de forma admirable. En una cantidad innumerable de especies, solo unos pocos machos procrean, y estos pasan mucho tiempo peleando con otros para proteger sus propios derechos conyugales.

Además, el concepto de «apto» en evolución es resbaladizo. No se trata simplemente de asignar una medida fija de lo apto que se es a cada criatura y comparar los números para determinar cuál dejará fuera de juego a la otra. Si fuese así de simple, el planeta acabaría con solo una especie: la más apta. Pero la vida en la Tierra no es así. La selección natural no es así tampoco, y tampoco lo es la aptitud biológica.

Los biólogos evolutivos tienen una relación de amor-odio con el «ser apto». Son conscientes de estos defectos, pero algunos de ellos sienten que si estos pudiesen ser sorteados, el concepto añade un valor de predicción a la teoría de la evolución. Lo que rápidamente se perfila, si sigues esa línea de pensamiento, es que la aptitud de un organismo no depende solo del organismo, también depende del contexto. En un juego de golf, Tiger Woods sería más apto (mucho más apto) que yo, pero en un juego matemático yo sería más apto que Tiger. Paula Radcliffe sería más apta que nosotros dos si estuviésemos corriendo una maratón. Lo que hace a un organismo

«apto» depende del juego que se esté jugando, además de los organismos que estén jugando.

Si insistimos en comprender el comportamiento de los tres lagartos en términos de algún concepto de aptitud, diseñado para su juego en concreto, entonces la definición de aptitud debe depender del juego al que estén jugando las criaturas. Los de cuello amarillo perderán contra los de cuello naranja en una pelea, pero pueden ganar si los de cuello naranja están distraídos por la batalla. La devoción hacia sus parejas de los de cuello azul vencerá a los lagartos de cuello amarillo, pero no a los de cuello naranja. Y los lagartos de cuello naranja pueden ganar a los de cuello azul en una pelea, pero tendrán dificultades para estar pendientes de los sigilosos cuello amarillo.

Me he referido a la telenovela de los lagartos como un juego, y lo es, en dos sentidos. Primero, tiene mucho en común con un juego que les gusta jugar a los niños. Segundo, ambos, el juego de los lagartos y el de los niños, pueden modelizarse por un proceso matemático específico, el cual resulta que se llama juego. En consecuencia, el área de las matemáticas pertinente se llama teoría de juegos.

El juego infantil que tengo en mente es piedra-papel-tijera. Cada jugador pone la mano en su espalda y escoge o piedra o papel o tijera colocando la mano de la forma adecuada: puño cerrado para la piedra, palma de la mano abierta para el papel y dos dedos separados para las tijeras. Los desenlaces (quién gana y quién pierde) están determinados por la regla de que las tijeras cortan (vencen) al papel, el papel envuelve (vence) a la piedra y la piedra

aplasta (vence) a las tijeras. Supongamos que Alice y Bob están jugando y Alice va primera. Con una puntuación de 1 para ganar, -1 para perder y 0 para el empate, la tabla de los resultados (técnicamente llamada matriz de pagos) se muestra en la figura 58. Los resultados para el segundo jugador son los mismos, excepto que 1 y -1 se intercambian. Esto es porque si Alice gana, entonces Bob pierde y a la inversa.

| | | Segundo jugador | | |
|----------------|--------|-----------------|-------|--------|
| | | Piedra | Papel | Tijera |
| Primer jugador | Piedra | 0 | 1 | -1 |
| | Papel | -1 | 0 | 1 |
| | Tijera | 1 | -1 | 0 |

Figura 58. Tabla de victorias (1), derrotas (-1) y empates (0) para el primer jugador en piedra-papel-tijera.

Intuitivamente, piedra-papel-tijera es justo, ningún jugador tiene una ventaja clara. Este no sería el caso si, por irnos a un ejemplo extremo, el resultado fuese que Alice gana siempre, con 1 en todas partes. De hecho, piedra-papel-tijera es simétrico, trata a ambos jugadores por igual. No formalizaré esta idea de simetría (se podría

hacer, pero es técnica y no tiene mucho contenido) pero sea cual sea la elección de Alice, Bob tiene las posibilidades de una opción con la que gana, otra con la que pierde y otra con la que empata. De modo que no hay predisposición contra Bob. Con el mismo razonamiento, no hay predisposición contra Alice. Por lo tanto esperamos que a la larga ningún jugador acabe sacando una ventaja significativa al otro. Esto resulta ser cierto, siempre y cuando los jugadores no introduzcan cierto grado de predisposición haciendo «malas» elecciones.

Supongamos, por ejemplo, que Alice escoge tijeras con muchísima más frecuencia que papel. Bob puede que se dé cuenta. Si lo hace, podría escoger piedra en cada juego y ponerse en cabeza, porque en ese caso Bob gana siempre que Alice escoja tijeras, pierde cuando ella escoge papel y empata cuando escoge piedra. De modo que, a la larga, Bob ganará. En la práctica, si la estrategia de Bob es muy obvia, entonces Alice se daría cuenta y empezaría a escoger papel en cada ronda. No obstante, se puede aplicar el mismo razonamiento si Bob hace elecciones aleatorias, pero con la tendencia a favor de piedra, se pondrá en cabeza si Alice se decanta más por las tijeras.

Continuar con este análisis nos lleva a la conclusión razonable, también una consecuencia de la simetría, de que Alice debería escoger cada posible movimiento de forma aleatoria, con probabilidad $1/3$. Bob debería hacer lo mismo. Si un jugador siguiese una estrategia, ya sea introducir patrones regular tales como alternar papel con tijeras o usar probabilidades que difieren

de $1/3$, entonces el otro jugador puede encontrar una respuesta que, a la larga, le haga ganar.

Tijeras ganan a papel, que gana a piedra, que gana a tijeras... ¿Te resulta familiar?

Naranja gana a azul, que gana a amarillo, que gana a naranja.

¿Podrían de algún modo los juegos de apareamiento de los lagartos ser análogos a piedra-papel-tijera? Y si lo son, ¿qué nos dice eso?

* * * *

El gran matemático húngaro-americano, John von Neumann, fue uno de los padres de la computación y un erudito que abarcó muchas áreas de las matemáticas. Un niño prodigo que nació en una familia judía, pasó cuatro años enseñando en la Universidad de Berlín y luego se fue a la Universidad de Princeton en Estados Unidos. Cuando el Instituto para Estudios Avanzados de Princeton se creó en 1933, fue uno de los profesores fundadores. Otro fue Albert Einstein. En 1927, cuando había reorientado sus estudios hacia la economía, Von Neumann inventó una nueva rama de las matemáticas: la teoría de juegos. Un año más tarde, hizo un descubrimiento fundamental, el teorema minimax. Desarrollos posteriores llevaron, en 1944, a *Theory of Games and Economic Behavior* (*Teoría de juegos y comportamiento económico*), escrito con Oskar Morgenstern, que llegó a aparecer en la portada del *New York Times*.

Un juego, en el sentido de Von Neumann, es un modelo matemático simple de dos (o más) jugadores compitiendo, cada uno enfrentándose a varias elecciones, en el que el resultado de cada

jugador depende de la combinación de elecciones que haga. Los jugadores se supone que conocen la tabla de resultados, pero no saben las elecciones que hace su oponente. El juego solo puede jugarse una vez, en cuyo caso tenemos que analizar la probabilidad de ganar o perder, o puede jugarse muchas veces, en cuyo caso podemos analizar la frecuencia de victorias o derrotas (y cuánto se gana o se pierde). Un teorema básico en teoría de la probabilidad, la ley de los grandes números, dice que, a la larga, las frecuencias «casi siempre» dan las probabilidades, de modo que los dos modos de pensar son matemáticamente equivalentes. La elección normal es considerar qué sucede cuando el juego se juega muchas veces, porque nuestra intuición para esto es mejor que nuestra intuición para probabilidades individuales.

Piedra-papel-tijera es un juego típico, con una característica excepcional: su simetría triple. La mayoría de los juegos tratan diferentes combinaciones de jugadores de modos diferentes. Por ejemplo, en el modelo del halcón y la paloma, los jugadores están enfrentados por algún recurso. El halcón siempre escoge luchar y continuar la batalla hasta que los jugadores estén heridos o el otro jugador se retire. Las palomas siempre huyen del halcón. Dependiendo de las entradas en la matriz de pagos, puede que a veces haya estrategias mixtas en las que el mejor modo de jugar es cambiar de halcón a paloma aleatoriamente y nuevamente con probabilidades concretas.

La teoría de juegos empezó por primera vez a tener éxito en 1928, cuando Von Neumann probó su teorema minimax. Este afirma que

en una clase particular de juegos de dos personas con una estructura simple, siempre existe una estrategia mixta que permite a ambos jugadores simultáneamente hacer su máxima pérdida tan pequeña como sea posible. Pero este descubrimiento era solo el principio. Otra pieza importante del rompecabezas encajaría cuando John Nash, la persona sobre la que versa el libro y la película *Una mente maravillosa*, hizo un avance fundamental para los juegos con muchos jugadores. Definió el concepto de un equilibrio de Nash y probó que siempre existe. Un conjunto de jugadores está en equilibrio de Nash si cada miembro del grupo está haciendo la decisión que es mejor para él, conociendo las decisiones que los demás han hecho. Este es un candidato prudente como estrategia racional.

El mayor responsable para la aplicación sistemática de la teoría de juegos en la biología evolutiva es John Maynard Smith. En 1973, en colaboración con George Price, genetista de poblaciones londinense afincado en América, John Maynard Smith propuso uno de los conceptos más importantes en el área, el de estrategia evolutivamente estable. Esto es un refinamiento del equilibrio de Nash y precisa las condiciones bajo las cuales ninguna mutación puede invadir con éxito una población, un tipo de estabilidad evolutiva.

Imagina una población de organismos en la que todos han adoptado —evolucionado— una estrategia de supervivencia en particular. En una interpretación genética, esta estrategia será inherente a sus genes, como un resultado de muchas generaciones de selección

natural. Los organismos no serán conscientes de que están adoptando una estrategia, simplemente será algo que hacen de manera natural, que ha evolucionado porque funciona. Ahora supongamos que hay algún tipo de mutación genética, de modo que un organismo similar, con una estrategia diferente, de repente, aparece en el medio. ¿Puede el mutante establecer con éxito un linaje de descendientes que sobrevivan o desaparecerá por la selección natural? Por ejemplo, considera el juego del halcón y la paloma en el caso trivial en que la población consistiese solo en palomas. Esto no es una estrategia evolutivamente estable, porque cualquier halcón mutante puede invadirlas con éxito. Los halcones siempre ganan contra las palomas, lo que significa que el halcón recibe una recompensa positiva, mientras que la paloma obtiene cero.

Maynard Smith diseñó una definición matemática de una estrategia evolutivamente estable. Supongamos que hay una lista finita de estrategias disponibles. Sea $E(A, B)$ el resultado para un individuo que adopta la estrategia original A contra un oponente que adopta la estrategia B . Esta es la entrada en la fila A y la columna B de la matriz de pagos.

Antes de que los mutantes aparezcan, hay solo un juego sobre la mesa, toda la población está jugando a la misma *Vieja* estrategia, y el pago para cada individuo es $E(\text{Vieja}, \text{Vieja})$. Cuando el mutante aparece, adopta la estrategia *Nueva*. El pago para el mutante es entonces $E(\text{Nueva}, \text{Vieja})$. Si $E(\text{Vieja}, \text{Vieja})$ es mayor que $E(\text{Nueva}, \text{Vieja})$, entonces el mutante perderá la competición contra cualquier

miembro de la población original, de modo que su linaje se perderá. Hay otras dos posibilidades: o $E(Nueva, Vieja)$ es mayor que $E(Vieja, Vieja)$, o las dos son iguales. En el primer caso, el mutante gana y su linaje sobrevive: ha invadido la población con éxito. En el segundo caso, el mutante termina perdiendo si la estrategia original *Vieja* tiene un pago más grande contra *Nueva* que *Nueva* contra sí misma, es decir, si $E(Vieja, Nueva)$ es mayor que $E(Nueva, Nueva)$. La estrategia *Vieja* se dice que es evolutivamente estable si ningún mutante puede invadirla con éxito.

Algunos juegos tienen estrategias evolutivamente estables, otros no. Una matriz de pagos general para dos estrategias, *Vieja* y *Nueva*, tiene este aspecto:

| | <i>Vieja</i> | <i>Nueva</i> |
|--------------|--------------|--------------|
| <i>Vieja</i> | a | b |
| <i>Nueva</i> | c | d |

Una estrategia evolutivamente estable existe siempre que c sea más pequeño que a , y d sea más pequeño que b . La estrategia en cuestión adopta *Vieja* con probabilidad $(b - d)/(b + c - a - d)$, y *Nueva* con probabilidad $(c - a)/(b + c - a - d)$.⁷⁶

Cuando se aplican estos modelos a ejemplos reales, la principal dificultad es estimar las entradas en la matriz de pagos. En

⁷⁶ J. Maynard Smith, *Evolution and the Theory of Games*, Cambridge University Press, Cambridge (1982), 16.

principio, podrían estimarse poniendo en juego una estrategia contra la otra muchas veces y ver qué pasa de media. Pero en la práctica esto no es posible. Supongamos, por ejemplo, que estamos tratando de entender alguna etapa en la evolución de los dinosaurios. No podemos enfrentar a los dinosaurios unos contra otros y ver quién gana. Por lo tanto, las entradas tienen que ser estimadas en base a otros factores.

La teoría de juegos arroja luz en la evolución de nuevas especies, que pueden surgir cuando los cambios en el entorno hacen que una estrategia de una única especie resulte evolutivamente inestable. Si es así, entonces un mutante puede invadir con éxito y, dando el tiempo suficiente, una mutación aleatoria adecuada debería aparecer. Esto no explica la especiación, pero sí determina circunstancias bajo las cuales podría ser, o no ser, posible.

* * * *

Darwin tituló su libro *El origen de las especies*. Desde entonces, los biólogos han construido sobre él sus ideas principales. Así que, ¿puedes adivinar cuál es uno de los mayores misterios en la biología evolutiva hoy en día?

Correcto. El origen de las especies.

Sin embargo, eso no significa que Darwin estuviese diciendo cosas sin sentido y las especies no hayan evolucionado. Refleja la dificultad de reconstruir detalles precisos de los detalles que ocurrieron hace millones o miles de millones de años, y la rica complejidad del mundo de los seres vivos en la actualidad. Esto es difícil que nos sorprenda. Lo que es sorprendente es lo fuertes que

son las pruebas sobre la evolución y lo mucho que ya sabemos sobre ella.

Puede que te preguntes cómo los científicos pueden estar seguros de que la evolución ha sucedido cuando no entienden muchos de los detalles. Sin embargo, nos enfrentamos con exactamente esta situación de forma regular. Sabemos que nuestros hijos han aprendido cosas en la escuela, pero no hemos asistido personalmente. Sabemos que han aprendido a hablar, lo que necesita cambios en el cerebro del niño, pero no tenemos un escáner del cerebro de alta resolución del antes y el después para probarlo. Sabemos que el gato atrapó un ratón la noche pasada, porque hay pruebas truculentas en el suelo de la cocina, pero nunca vimos al gato hacerlo. La ciencia pocas veces se basa en la observación directa, casi siempre lo hace sobre la deducción indirecta.

Sabemos que la evolución ha tenido lugar a lo largo de toda la historia de la vida en la Tierra porque muchas líneas de pruebas independientes avalan la naturaleza general del proceso. Algunas de estas pruebas han sobrevivido millones de años. Podemos medir los tamaños de los fósiles de caballos, establecer una correlación entre ellos y la edad de los fósiles determinada por el estrato geológico en el cual se encontraron y ver una tendencia lenta pero estable hacia animales más y más grandes. Pero si queremos una prueba de que dos caballos en particular estuvieron compitiendo el uno con el otro en algún instante concreto del tiempo, por ejemplo, las 10.34 de la mañana del 16 de abril del año 18.735.331 a.C., entonces solo una

máquina del tiempo nos permitiría observar la competición directamente. En su lugar, deducimos que, en términos generales, los caballos compitieron entre ellos, porque es muy difícil ver cómo podrían haber evitado competir. El crecimiento de la población, si es sin obstáculos, pronto habría provocado que los caballos invadiesen todo el planeta. De manera que algún obstáculo debe de haber habido y, prácticamente, cualquiera de esos procesos es un modo de competición.

¿Competían por las hembras? ¿Por comida? ¿Qué tipo de comida? ¿Por qué esos dos caballos no tenían suficiente para los dos? ¿Cuál ganó? Cuando el nivel de detalle necesario es demasiado preciso, no hay una posibilidad seria de responder a dichas preguntas.

* * * *

No solo no estamos seguros acerca de muchos detalles sobre la evolución de las especies, sino que realmente no tenemos una buena definición de lo que es una especie. De nuevo, eso no quiere decir que los mirlos no se puedan distinguir de las ballenas. Sino que distinciones sutiles seguras son difíciles de determinar con precisión. Irónicamente, esta misma dificultad apoya la teoría de la evolución: si las especies no son siempre discretas, grupos separados, entonces es más fácil ver cómo la selección natural podría provocar nuevas especies separándose de las antiguas.

Podrías pensar que «especies» debe tener una definición sencilla; después de todo, los taxonomistas clasifican los organismos según la especie a la que pertenecen. En el esquema de Linneo, tú y yo pertenecemos a la especie *Homo sapiens*, mi gato pertenece a la

especie *Felis catus* y el abedul plateado del jardín pertenece a la especie *Betula pendula*. Esto muestra que pueden definirse especies concretas, pero no nos dice más sobre qué es una especie, de lo que la lista *Toyota Avensis*, *Ford Mondeo*, *Volkswagen Golf* nos dice sobre qué es un modelo de coche.

Una de las definiciones más populares de especies fue defendida por el ornitólogo germano-americano, Ernst Mayr: las especies son poblaciones naturales que se cruzan entre sí y que están reproductivamente aisladas de cualquier otro grupo. Esta definición se aplica solo a organismos sexuados, porque el «cruzarse» requiere sexo. Como una definición funcional —una guía que funciona bien la mayoría de las veces— es bastante buena. Sin embargo, tiene algunos inconvenientes si se toma literalmente y se espera aplicar en todos los casos.

Por ejemplo, hay una cadena de gaviotas, más o menos continua, que empieza en Gran Bretaña, da la vuelta al mundo y acaba al lado de donde empezó. En un extremo son gaviotas argénteas y en el otro, gaviotas sombrías. Estos dos tipos de gaviotas satisfacen la definición de Mayr: no se cruzan entre ellas y por tanto están «asiladas reproductivamente». Parecen diferentes y son diferentes. Ambas coexisten, sin cruzarse, en Gran Bretaña, colonias urbanas mixtas se encuentran en Bristol, Gloucester y Aberdeen. Sin embargo, a lo largo de la cadena, cada grupo de gaviotas puede y, de hecho, se cruza con su vecino. De modo que por esa definición, todos los vecinos pertenecen a la misma especie. Por lo tanto, las gaviotas argénteas y las gaviotas sombrías deben pertenecer a la

misma especie. Pero no es así. Es como una cadena de abalorios, cada uno tiene el mismo color que su vecino más inmediato, pero es negro en una punta y blanco en la otra.

Una variedad enorme de definiciones alternativas de «especies» se han propuesto a lo largo de los años. La de Mayr continúa siendo la más popular, pero hay circunstancias en las que no parece apropiada; el caso de las gaviotas dista mucho de ser el único. Las alternativas al cruce incluyen el potencial para el intercambio de material genético, similitudes genéticas, similitudes morfológicas, similitudes ecológicas, ancestro común e ideas técnicas en cladística.

Massimo Pigliucci es un biólogo en el Lehman College en Nueva York, cuya formación incluye genética, botánica, ecología y, algo inusual, filosofía. Pigliucci analizó las diferentes definiciones de especie en la literatura y las encontró todas insuficientes. Del mismo modo que la propuesta de Mayr resulta confusa para un arco de gaviotas, resultan confusos cada uno de los otros intentos fallidos de ajustar algunos aspectos de la realidad rica y desordenada de la biología. Por el otro lado, cada una funciona bastante bien en un dominio limitado y para propósitos específicos. Pragmáticamente, eso quizás sea considerado como suficientemente bueno; esta es la visión empírica de que las «especies» son un modo adecuado de distinguir los organismos, y las críticas de cualquier definición particular son en su mayoría pequeñeces lingüísticas. Pero eso no responde a la pregunta básica: ¿es «especies» un nivel fundamental de organización del mundo biológico o es un esquema

de clasificación artificial que nos han encasquetado los taxonomistas, sin significado real para los organismos reales? Pigliucci lo explica así:⁷⁷

El llamado «problema del concepto de especie» es uno de los temas de discusión entre los biólogos evolutivos que se ha presentado desde antes de la publicación de acertado título El origen de las especies de Darwin (el propio Darwin se refirió a él como un ya viejo problema) y probablemente nunca se concluirá... Por un lado, [los biólogos] tienden a dar la espalda con indignación cuando los conceptos de especies son planteados por sus colegas, son el tema de artículos o son discutidos en conferencias. Por el otro lado, simplemente no pueden resistir la tentación de ofrecer seminarios de posgrado sobre el tema y leer vorazmente cualquier cosa que se publique sobre el tema.

Muchos biólogos consideran que el asunto en su totalidad está simplemente en la semántica, en encontrar una definición aceptable para propósitos prácticos que se ajuste a las observaciones empíricas en el terreno. Pigliucci argumenta que el problema es más profundo, con «marcados matices filosóficos». Él discute los tres temas principales que dominan la literatura filosófica del problema: críticas de definiciones propuestas por biólogos, análisis de qué tipo de cosa es una especie (¿ser individual?, ¿un grupo?, ¿un tipo natural?) y la posibilidad de que, en cualquier caso, sea necesario

⁷⁷ M. Pigliucci, «Species as family resemblance concepts: the (dis-)solution of the species problem?», *BioEssays* 25 (2003), 596-602.

más de un concepto de especie, dependiendo del contexto y el propósito. La solución que propone está basada en la idea de «parecido familiar» del filósofo Ludwig Wittgenstein. El parecido familiar, sugiere, es real, tiene importancia biológica y no es solo una invención humana que proporciona prolijas listas de tipos de organismos. Sin embargo, por su naturaleza es difícil determinar una definición simple, clara y cuidadosa que caracterice este tipo de parecido familiar.

Esta es la principal conclusión de Pigliucci, reformulada en términos más cercanos a un biólogo matemático. Primero, explotamos la idea de espacio multidimensional para representar una lista de datos fenotípicos (y/o genotípicos) como un punto en un espacio conceptual de muchas dimensiones. Llamamos a esto espacio fenotípico. Luego marcamos los puntos que corresponden a cada organismo tras una investigación. También necesitamos alguna noción de lo lejos o cerca que están dos organismos. Hay muchos modos de establecer dicha «métrica»: midiendo las diferencias en los caracteres tales como la envergadura o el tamaño del pico, comparando la secuencia de genes, observando patrones de comportamiento como qué comida comen y muchos más. Entonces definimos grupo o «cluster» como una colección de datos en forma de punto en un espacio fenotípico cuyos miembros están más cerca los unos de los otros de lo que lo están a cualquier otra cosa.

Lo que resulta de este punto de vista es que una definición satisfactoria de especies es difícil de alcanzar porque una definición

de grupo es difícil de alcanzar, por ejemplo, depende de la elección de la métrica. Este es el enfoque filosófico de Pigliucci.

La distribución de organismos en el espacio fenotípico no es una convención, es real y puede observarse. El problema es cómo romper la distribución en grupos y qué es lo que se tiene en cuenta. Teniendo todo en cuenta, la respuesta es normalmente bastante obvia, que es por lo que todas las definiciones tradicionales funcionan bastante bien la mayoría de las veces. Cuando no lo hacen, hay dos modos de proceder: hacer pequeños ajustes en la métrica o perfeccionar la definición de un grupo.

Una característica clave de esta propuesta, dice Pigliucci, es que pone fin a los biólogos «perdiendo su tiempo al intentar solucionar empíricamente un problema que tiene componentes filosóficos que no pueden solucionarse acumulando nuevos datos». Recoger enormes cantidades de datos sobre, por ejemplo, la polémica taxonomía de los lagartos que viven en las islas de la costa oeste de Norteamérica nunca resolverá los asuntos taxonómicos, que versan, en realidad, sobre la elección de la métrica y el concepto de grupo involucrado. Sin embargo, dichos datos podrían contribuir al análisis de la situación cuando se escogen la métrica y el concepto, e incluso podrían guiarnos en nuestra elección.

Buscar grupos en los datos puede sonar vago e impreciso, pero hay una rama entera de la estadística dedicada a este tema, es la conocida como análisis de conglomerados o análisis «cluster». Como cualquier otra rama bien desarrollada de las matemáticas, el análisis de conglomerados aplica muchos métodos diferentes a la

misma clase general de problemas y determinar cuál funciona mejor depende del problema. Me centraré en el método más simple. En la práctica, se lleva a cabo usando cálculos algebraicos sobre datos numéricos, pero la idea subyacente es más fácil de entender de un modo visual.

Supongamos que un ornitólogo de campo en alguna isla exótica está observando pájaros. Una cosa que quizá haga sea capturar pájaros, medir varios caracteres y registrar sus medidas. Probablemente registre varias docenas de caracteres, pero yo para ser eficaz y hacer una explicación simple y que se pueda visualizar, tendré en cuenta solo dos: el tamaño del pico y la envergadura. Realmente no importa lo que estas variables representan, solo que para cada pájaro individual, el ornitólogo obtiene dos números. Una vez recogidos los datos, el ornitólogo los representa en un diagrama, que posiblemente se parezca a la figura 59, donde he usado datos inventados solo con el propósito de ilustrar el proceso. También he omitido la escala de los ejes.

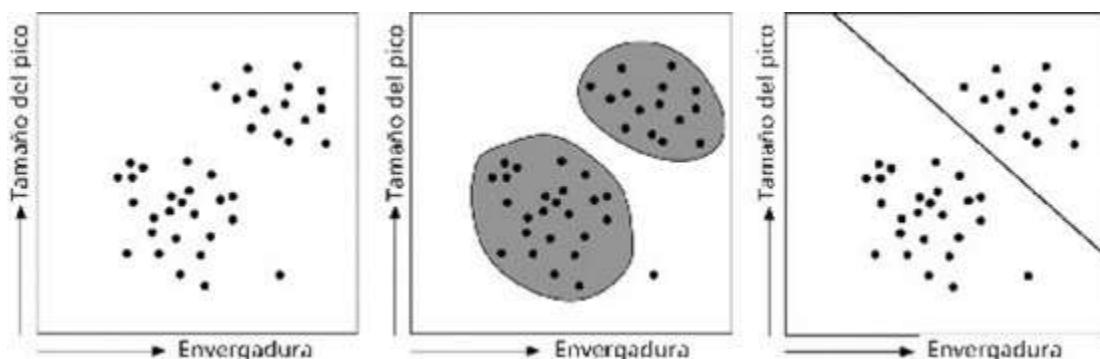


Figura 59. A la izquierda: datos. En el centro: dos grupos y un valor atípico. A la derecha: separación de los grupos.

El gráfico de la izquierda muestra la representación de los datos. Es difícil no darse cuenta de que los puntos forman dos grupos distintos. Los grupos podrían corresponderse con dos especies distintas o quizá dos subespecies de una especie dada. Determinar cuál de estos dos planteamientos es el apropiado depende del nivel de detalle, de la relación que haya en este caso entre el ancho del cuadrado y los números que constituyen los datos. Si el rango de datos representados es lo suficientemente grande, entonces los pájaros de un grupo son significativamente diferentes de los del otro grupo y cada grupo representa a una especie. Si las diferencias entre los datos son solo un pequeño tanto por ciento, podríamos estar hablando de subespecies.

Además de los dos grupos, hay un punto que está solo en la parte inferior derecha y no está claro si pertenece al grupo de su izquierda o es parte de un tercer grupo. Dicho punto se conoce como valor atípico, porque constituye una rara excepción al patrón global. Según el método de análisis de datos significa que sus efectos son pequeños y que no afecta al resultado si no lo tenemos en cuenta. Pero este punto podría también representar a una nueva y rara especie, por lo tanto, en la práctica sería mejor recoger más datos. El ojo fácilmente separa los datos en dos grupos, pero no es sencillo programar un ordenador para realizar esta tarea. El método más simple de análisis de conglomerados busca separar los datos en dos subconjuntos trazando una línea entre ellos. Más exactamente, el

método establece alguna combinación de las dos variables, como por ejemplo:

$$0,5 \times (\text{envergadura}) + 7,3 \times (\text{tamaño del pico})$$

Con un valor límite, por ejemplo 15. Cualquier elección de estos tres números divide los datos en dos subconjuntos: uno que consiste en los datos cuyo valor al combinarlos es mayor que el límite y el otro consiste en los datos para los que el valor es más pequeño. Si estos números se escogen correctamente, entonces los dos subconjuntos estarán claramente separados, pero dentro de cada uno de los subconjuntos independientes los datos estarán muy juntos. Todo esto se puede hacer de manera precisa y llevado a cabo como un cálculo numérico.

La figura 60 muestra datos reales para el escarabajo rinoceronte *Onthophagus nigriventris*. Las dos variables representadas son el tamaño del cuerpo (eje horizontal) y la longitud del cuerno (eje vertical). Los círculos blancos son machos, los negros hembras. Ignorando esta distinción, los grupos más obvios son todas las hembras con algunos machos y el resto de los machos. Los dos están claramente separados, por ejemplo, por una línea horizontal dibujada a la altura de cornamentas de 7 mm de longitud.

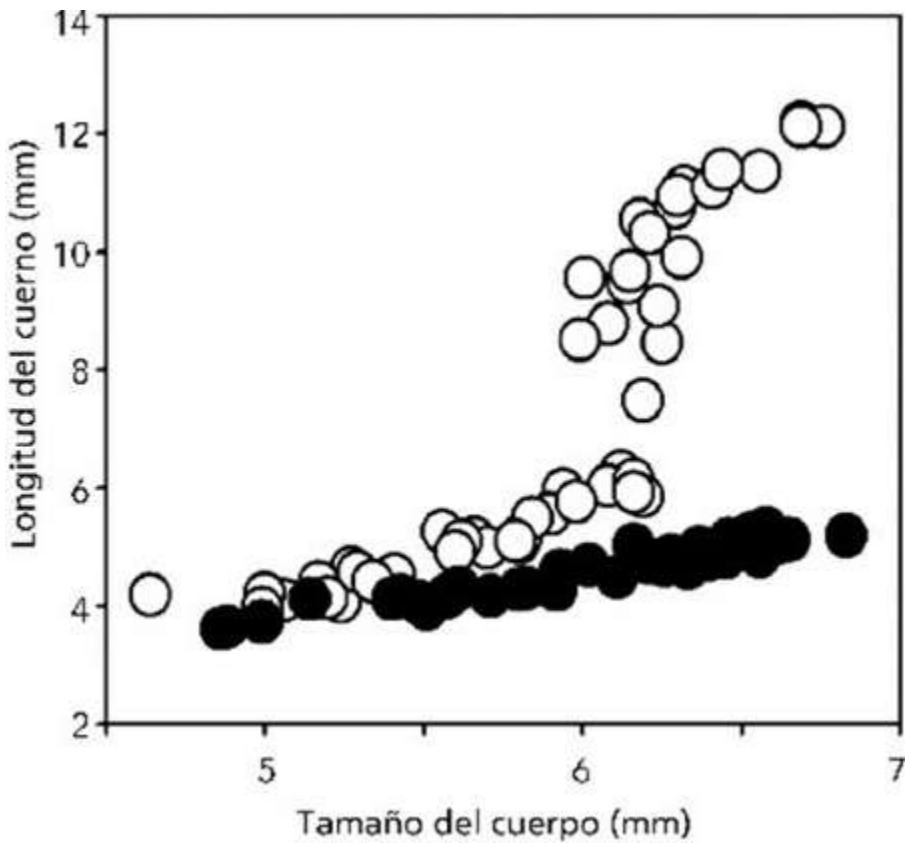


Figura 60. Cómo el escarabajo cambia su cornamenta. La relación entre el tamaño del cuerpo y la longitud del cuerno para los machos (círculos blancos) y las hembras (círculos negros) en el escarabajo rinoceronte *Onthophagus nigriventris*.

Si introducimos una tercera variable, el sexo, representada en una tercera dimensión, entonces los machos y las hembras se separarían de modo inmediato, mostrando que datos extra que miden variables fenotípicas nuevas pueden cambiar drásticamente los grupos. Como la distinción entre machos y hembras es estándar y esperamos diferencias fenotípicas significativas entre los sexos, es un reflejo separar los datos según el sexo, de ahí los puntos de dos colores.

Los machos, en este caso, pertenecen todos a la misma especie, aunque se hayan dividido en dos grupos, en particular, todos pueden cruzarse con las mismas hembras. Y por otro lado, las hembras forman un grupo. No obstante, los machos claramente se dividen en dos grupos y tener en cuenta más variables solo puede revelar más divisiones, si las hay. Estos grupos representan dos tipos diferentes de morfos, fenotipos que han evolucionado según dos estrategias distintas en la misma población. Algunos machos, llamados mayores, tienen grandes cuernos y una personalidad agresiva. Emplean su larga cornamenta para luchar con otros machos con el fin de quedarse con las hembras. La ventaja evolutiva de esta estrategia es clara: a mayor cuerno, más temible eres en el combate. Los otros machos, los menores, desarrollan una cornamenta rudimentaria y evitan el combate. Los experimentos sugieren que una ventaja de esta estrategia significa una mayor maniobrabilidad en los túneles, lo que podría permitir a los menores acercarse sigilosamente a las hembras mientras los mayores están peleando, porque los menores se parecen mucho más a las hembras que los mayores.

Este tipo de separación de estrategias de apareamiento se da en machos de muchas especies, ya lo hemos visto en lagartos. Es especialmente extremo en los escarabajos rinoceronte. Podría ser una señal de que las especies están en proceso de dividirse.

El uso de rectas, o sus equivalentes cuando hay más variables, evita la trampa de usar fórmulas aún más complicadas para modelar los datos. Esto nos puede llevar a un ajuste casi perfecto entre datos y

modelos, pero a uno que carece de todo significado. Sin embargo, a veces hay algunos grupos que son genuinos, pues ninguna recta puede separarlos. Por ejemplo, piensa en un apretado grupo circular rodeado por uno más grande con forma de herradura. Los grupos como este pueden detectarse permitiendo términos no lineales en álgebra, tales como el cuadrado de los tamaños de los picos o el tamaño de los picos multiplicado por la envergadura.

* * * *

Recuerda que la divergencia de una única especie en dos, o quizá más, especies distintas se llama «especiación». Los biólogos evolutivos reconocen muchos tipos de especiación, pero hay dos principales: alopátrica y simpátrica. Las palabras provienen del griego *allos* = otro, *sym* = juntos y *patra* = patria. La especiación es alopátrica si tiene lugar en diferentes localizaciones, un sentido concreto que explicaré en un momento, y simpátrica si tiene lugar en la misma localización, también con un significado concreto.

El gran asunto en la especiación no es el potencial para divergir de un grupo de organismos más o menos idénticos que se cruzan unos con otros alegremente. Mucho antes de Darwin, todo el mundo sabía que los descendientes no eran idénticos a sus antepasados y la cría de animales domésticos mostró que los mismos tipos de antepasados podían dar lugar a descendientes muy diferentes. Por ejemplo, una cría de ovejas de lana de fibra corta podría de vez en cuando tener crías de lana de fibra larga o lana de un color diferente. En este ejemplo, la intervención humana puede persuadir a la población de ovejas a concretar ese potencial, pero los nuevos

tipos de oveja no son especies nuevas, son solo nuevas razas. Sin embargo, el potencial para divergir debe haber estado presente. Para que se dé una verdadera especiación, ya sea con intervención humana o de la naturaleza sin ayuda, el problema es mantener los nuevos tipos separados. De otro modo, puede que se crucen entre ellos y entonces es probable que se reconstituya el ganado original. De algún modo, los dos grupos divergentes deben estar reproductivamente aislados. Los métodos tradicionales de la cría de animales logran esto mediante una intervención directa: los ganaderos controlan qué animales se aparean y con quién. Así es como la cría de perros con pedigrí se mantiene y una de las razones para que sean tan caros. Distintas razas de perros, dejándolas solas, acabarían convirtiéndose en una población de chuchos en pocas generaciones.

La especiación alopátrica logra el mismo resultado a través de cierta forma de aislamiento geográfico («patrias diferentes»). La idea es que alguna característica natural, como un río, una cadena montañosa o un istmo, separa lo que era inicialmente una única población en dos distintas. Una vez separados, los dos grupos pueden cambiar y es probable que lo hagan de maneras diferentes porque han dejado de interactuar entre ellos. Si este proceso continúa durante el tiempo suficiente, podría hacerse imposible para los miembros de los dos grupos cruzarse. En este punto, los grupos constituyen dos especies distintas.

Pongamos un ejemplo clásico. El Mar Caribe, justo al norte del istmo de Panamá, y el Océano Pacífico al sur, contienen muchos

organismos que están estrechamente relacionados pero constituyen especies distintas. Trabajando para la Institución Scripps de Oceanografía en San Diego, la bióloga marina Nancy Knowlton ha estudiado los camarones pistola.⁷⁸

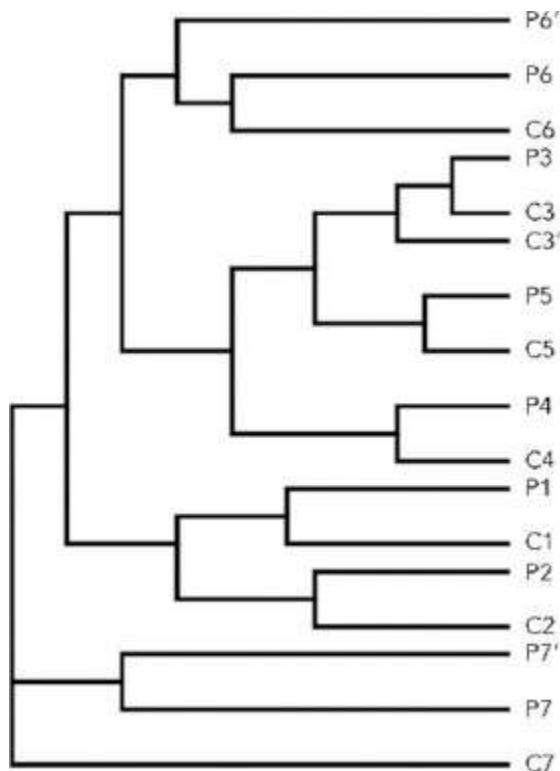


Figura 61. El árbol genealógico del camarón pistola. Siete linajes, cuatro pares de especies y tres triples (incluyendo subespecies). P = Pacífico, C = Caribe. Una especie de cada par vive a cada lado del istmo de Panamá.

Especies muy parecidas de camarones, parecen casi iguales, se encuentran a ambos lados del istmo, pero cuando las juntas no se cruzan. Todos y cada uno de los siete linajes distintos de camarón

⁷⁸ . N. Knowlton, «Sibling species in the sea», *Annual Review of Ecology and Systematics* 24 (1993), 189-216.

pistola se han dividido en dos especies (en tres casos, hay también una tercera subespecie): una rama vive en el Caribe y la otra en el Pacífico (véase la figura 61).

Es sencillo proporcionar una explicación evolutiva y difícil encontrar alguna otra cosa que tenga sentido para este sorprendente patrón. Sabemos de manera independiente, gracias a pruebas geológicas, que hace tres millones de años la caída del nivel del mar y la subida de la tierra llenó el hueco entre las dos mitades del continente americano, creando el istmo de Panamá y separando el Océano Pacífico del Caribe y el resto del Atlántico. Antes de que el istmo se formase, cada linaje constituía una única especie. Después, la especiación alopátrica causó que cada linaje se dividiese en dos, o más, especies, las que tenemos hoy en día. Para cada linaje, las especies actuales del camarón pistola son descendientes de la misma especie antigua, que se «alejó» genéticamente una vez que a las dos poblaciones se les impidió cruzarse debido a la infranqueable barrera terrestre.

Esta hipótesis evolutiva hace una predicción cuantitativa. Si podemos calcular el tiempo que ha transcurrido desde que las especies empezaron a divergir, independientemente de la geología, deberíamos obtener un resultado de alrededor de tres millones de años. El descubrimiento del ADN ha hecho dicha estimación posible, porque las mutaciones se dan a un ritmo aproximadamente constante.⁷⁹ Si los dos tiempos no concuerdan, algo está mal.

⁷⁹ Esto no es sencillo y algunos aspectos son polémicos. Algunas regiones del genoma se conservan por selección natural; incluso si se dan mutaciones, no sobreviven.

Casualmente, sí concuerdan.⁸⁰ Por lo tanto, tenemos una predicción concreta hecha por la teoría evolutiva y confirmada por experimentación.

Hay muchos más modos de probar la teoría de la evolución que observar una coliflor e insistir en que debe convertirse en un gato delante de tus propios ojos.

* * * *

El mecanismo alopátrico para la especiación es simple y directo, los informáticos lo llamarían WYSIWYG (del inglés «*what you see is what you get*», lo que ves es lo que hay). Para separar algo en dos partes cuando lo que quieren es estar juntas, abre una brecha entre ellas. Quizá por esta razón, la mayoría de los biólogos creen que la mayoría de los casos de especiación han sido alopátricos, y han encontrado ejemplos en todas partes: los elefantes asiáticos y africanos, las ardillas a los dos lados del Gran Cañón, el ratón común de las Islas Feroe...

Como matemático, suelo sospechar de las explicaciones WYSIWYG. Insertan lo que quieren obtener de resultado, lo que huele a lógica circular. El mundo normalmente es menos directo. La especiación simpátrica es definitivamente menos directa, pero es también un poco misteriosa. Durante mucho tiempo, se pensó que era extremadamente rara, por no decir imposible. Inicialmente hay una única especie, un grupo de criaturas más o menos idénticas, excepto por el sexo si las especies son sexuadas. Todas pueden

⁸⁰ L.M. Mathews y A. Anker, «Molecular phylogeny reveals extensive ancient and ongoing radiations in a snapping shrimp species complex (Crustacea, Alpheidae, *Alpheus armillatus*)», *Molecular Phylogenetics and Evolution* 50 (2009), 268-281.

cruzarse con las otras, y producir descendencia fértil. Todas están convenientemente localizadas en el mismo lugar, de modo que no hay escasez de oportunidades para cruzarse. Supongamos que por alguna razón este único grupo comienza a dividirse en dos o más tipos genéticamente diferentes. Entonces parece haber dos razones inmediatas por las que esta división no debería evolucionar en una división duradera de dos especies distintas, grupos que no se cruzan, por no hablar de dos grupos que no pueden producir descendencia fértil cuando se cruzan, dos especies distintas.

Una razón es genética. En las etapas tempranas de la división, los dos tipos nuevos pueden cruzarse y no hay una barrera geográfica que los detenga. Porque los tipos nuevos son pequeños en número pero la población principal es grande, los apareamientos de los nuevos tipos serán casi siempre miembros de la población principal. Pero luego, los nuevos genes serán anegados por los existentes. De modo que tan pronto como un grupo comience a adquirir diferencias genéticas, esos cambios se extinguirán, ahogados en la piscina del gen principal, y el resultado recrea la composición genética de la especie original.

Este es el problema del «flujo genético». Presenta una fuerza estabilizadora que mitiga los efectos de la especiación simpática.

Otra objeción es evolutiva. Al menos uno de los nuevos tipos difiere de la población original. Para que este nuevo tipo evolucione, las criaturas de ese tipo deben ser más aptas que la población original. Pero si la pertenencia al nuevo tipo hace a alguna criatura en concreto más apta, entonces lo mismo debe aplicarse para todas las

demás. De modo que, ¿por qué no cambian todas del mismo modo y de ese modo se quedan juntas como una única especie? Las especies podrían dejarse llevar, como un todo, pero no deberían dividirse.

Ya he explicado por qué el concepto de «aptitud» necesita ser tratado con cuidado, pero el razonamiento esbozado se aplica para cualquier significado específico que esté vinculado al término. La apariencia es hermética. Por lo tanto, parece como si la especiación simpátrica fuese imposible. Y eso es lo que la mayoría de los biólogos pensaba hasta más o menos finales de la década pasada. Entonces una serie de modelos teóricos y observaciones, la mayoría en laboratorios, pero de vez en cuando en la naturaleza, hicieron que algunos se replanteasen la cuestión. Y ha resultado que los razonamientos en contra de la especiación simpátrica no son tan sólidos como parecían. De acuerdo, algo tiene que parar el flujo genético de volver a unir a la división en ciernes antes de que realmente se lleve a cabo. Pero el aislamiento geográfico, como en el caso alopátrico, no es la única posibilidad. No es necesario para los organismos que se les impida físicamente cruzarse. Es suficiente que, por alguna razón, no lo hagan.

* * * *

Un caso que hay que tener en cuenta es el del elefante africano (digo «el», pero ya verás cómo se desarrolla la historia). Cuando estaba en el colegio, nos enseñaron que había dos especies de elefante, el africano y el asiático. Casi todos los taxonomistas estaban de acuerdo con eso, pero durante un siglo más o menos, unos pocos

inconformistas se siguieron haciendo preguntas sobre los elefantes de los bosques y la sabana en África. Ningún elefante podía considerarse una sélfide, pero los elefantes de los bosques eran considerablemente menos voluminosos que los de la sabana, y hay otras diferencias en lo que se refiere al comportamiento que sugerían a estos taxonomistas que en realidad debían de ser dos especies de elefante africano: los del bosque y los de la sabana. Es un sinsentido, decía el resto, los bosques están pegados a las sabanas, así que los elefantes en los bosques pueden cruzarse con los de la planicie y el flujo genético hará el resto. Quizá sean dos subespecies distintas, pero no pueden ser especies diferentes.

La discusión se alargó todo un siglo, sin llegar a ninguna conclusión. Entonces, en 2001, *Science* informó que un sistema de identificación de ADN, establecido para seguir el rastro del marfil obtenido por caza furtiva, demostraba que los elefantes africanos constituyan dos especies diferentes.⁸¹ Los investigadores estaban esperando ligeras variaciones entre la genética del elefante del bosque y el de la sabana, consistentes con el hecho de ser subespecies, pero las diferencias entre los elefantes del bosque y de la sabana eran mayores de lo esperado. Las pruebas del ADN mostraban que las especies se separaron hace alrededor de 2,5 millones de años. De hecho, la diferencia genética entre los elefantes del bosque africano y los de la sabana es el 58% de la que hay entre cualquiera de ellos y el elefante indio. De modo que ahora la mayoría de los taxonomistas aceptan que hay dos especies de

⁸¹ G. Vogel, «African elephant species splits in two», *Science* 293 (2001), 1414.

elefantes en África: el elefante del bosque *Loxodonta cyclotis* y el elefante de la sabana (o monte), *L. africana*.

Entonces, ¿por qué el flujo genético no volvió a unir a las poblaciones en una única especie? Aunque los bosques son colindantes con la sabana y es cierto que los elefantes del bosque pueden aparearse con los de la planicie, raramente lo hacen. Una razón es obvia: no tienen demasiadas oportunidades. Una hembra y un macho deben encontrarse accidentalmente en los límites del bosque justo cuando ambos están listos para aparearse, lo que en los elefantes es una porción de tiempo bastante pequeña. Incluso si se las arreglan, a ella tiene que gustarle él, y con frecuencia no le gusta. De modo que aunque las zonas geográficas se superpongan, o al menos estén contiguas, el flujo genético no vuelve a unir a las dos especies.

Algunos taxonomistas alegan que la historia del elefante africano es todavía una especiación alopátrica, de hecho, el límite del bosque actúa como una frontera geográfica. Pero mientras alegaban que había tan solo una especie gracias al flujo genético interrumpiendo la especiación simpátrica, esta «frontera» nunca apareció en sus razonamientos. Yaneer Bar-Yam ha diseñado un modelo matemático basado en la difusión genética que muestra que el flujo genético puede impedirse sin que exista una barrera impenetrable.⁸² Una serie de obstáculos muy poco espaciados es suficiente.

⁸² H. Sayama, L. Kaufman y Y. Bar-Yam, «Spontaneous pattern formation and genetic diversity in habitats with irregular geographical features», *Conservation Biology* 17 (2003), 893; M.A.M. de Aguiar, M. Baranger, Y. Bar-Yam y H. Sayama, «Robustness of spontaneous pattern formation in spatially distributed genetic populations», *Brazilian Journal of Physics* 33 (2003), 514-520.

No sabemos exactamente cómo las dos especies de elefante africano se separan. Pero si la distinción entre especiación alopátrica y simpátrica quiere decir algo (y quienes creen que la especiación simpátrica es imposible seguramente piensen así), entonces los elefantes africanos divergen simpátricamente. Cuando una especie empieza a divergir, siempre un grupo será diferente del otro en cierto sentido, de otro modo no habría divergencia. Esta diferencia quizás sí afecte a las posibilidades de aparearse de los miembros de dos grupos, no en si pueden aparearse o no, sino en las probabilidades que existen de que lo hagan. Por otro lado, siempre que una especie empieza a divergir, inicialmente las criaturas estarán básicamente en la misma ubicación. Por lo tanto, aprovecharse de diferencias diminutas y argumentar que constituye especiación alopátrica es realmente tan solo renombrar la especiación simpátrica.

La divergencia de especies lleva consigo el destino de individuos y sus descendientes, así como grupos de familias y la población en su conjunto. No es que te levantes una mañana y te encuentres dos grupos claramente separados de elefantes, cuando la noche anterior había solo uno. Gracias a Massimo Pigliucci, hemos aprendido que las «especies» se ven mejor como una escala concreta de agrupaciones en espacios fenotípicos, del mismo modo, «especiación» es una divergencia de grupos en una escala similar. Empieza con un grupo y acaba con dos, pero podría ser todo muy complejo y lioso entre ellos. Los modelos matemáticos sugieren que este podría ser el caso.

De manera que especiación simpátrica y alopátrica son categorías amplias que nos convienen, no alternativas que se excluyen mutuamente. Y como tal son útiles porque capturan la diferencia clave: cómo los animales interactúan o no durante el proceso de especiación. ¿Están o no están todos en un mismo lugar? El punto de vista actual es que podría ser que estuvieran en el mismo lugar, así que especiación puede ser simpátrica, mientras un montón de influencias pueden interrumpir el flujo genético y permitir la división fenotípica y genética para crecer. Como el genetista americano y científico de la complejidad, Stuart Kauffman, dijo en una conferencia en Suecia hace algunos años: el paso clave para la especiación es meter un pie en la puerta. Si eso es posible, entonces la puerta podrá estar abierta y quizá abrirse más.

* * * *

La discusión de la evolución de Darwin es puramente verbal, aparte de un diagrama quasi-matemático, un dibujo con el aspecto de un árbol mostrando cómo repetidas ramificaciones a pequeña escala pueden combinarse para dar divergencias a gran escala. Pero debido a que la evolución es un proceso complejo y sofisticado, las palabras por sí solas ya no son adecuadas para describirlo o debatirlo. Cada vez más, el tema está siendo estudiado usando modelos matemáticos. La ventaja de dichos modelos es que clarifican las suposiciones que están involucradas. La desventaja es que ningún modelo puede capturar toda la complejidad y la vasta escala de la evolución que ha estado teniendo lugar en paralelo por todo el planeta durante cerca de cuatro mil millones de años.

Tradicionalmente, los biólogos usan esa complejidad como una razón para ignorar las matemáticas y recurrir a las palabras. Pero las descripciones verbales son incluso menos capaces de capturar la complejidad de la evolución de lo que lo son los modelos matemáticos. Peor, son imprecisas y están abiertas a malinterpretaciones y ambigüedades. Los modelos clarifican los conceptos, las suposiciones y las relaciones entre ellos. Para esto son los modelos. Un modelo que describe todos los detalles exactamente sería como un mapa del mundo del mismo tamaño que el mundo.

La discusión contra la posibilidad de la especiación simpátrica tiene otros defectos además de los que acabamos de ver. En particular, una de las suposiciones básicas implicadas resulta ser errónea. Esto puede establecerse elaborando un modelo matemático concreto de especiación simpátrica e investigando sus implicaciones; esto ya se ha hecho y desde diversos puntos de vista.

Un ejemplo típico es un artículo escrito por los científicos afincados en California Alexey y Fyodor Kondrashov y publicado en la revista *Nature* en 1999, sobre un escenario que facilita la especiación simpátrica.⁸³ Empieza observando que los modelos de especiación en los cuales hay una mutación en solo un gen (más correctamente, en solo un locus genético, un lugar en el genoma donde el gen reside) «tienen propiedades muy peculiares» porque son demasiado simples para ser realistas. Es, por lo tanto, importante considerar

⁸³ A.S. Kondrashov y F.A. Kondrashov, «Interactions among quantitative traits in the course of sympatric speciation», *Nature* 400 (1999), 351-354.

mutaciones que sucedan un número similar de veces en dos o más loci genéticos, en lo que se conoce como modelos multilocus. Un escenario que nos lleva bastante directamente a la especiación que surgirá cuando a un gen se le concede un nuevo carácter, y el otro estimula patrones de apareamiento en los que ese carácter refuerza su propia existencia por un proceso conocido como emparejamiento selectivo. Por ejemplo, vimos en el capítulo 7 que una única mutación en las crisopas puede cambiar su color de un verde claro a un verde oscuro. El efecto de los depredadores nos lleva a que se encuentren más insectos verde oscuro en un tipo de entorno: coníferas, con follaje verde oscuro. En la hierba, como es de un verde claro, habrá más crisopas verde claro.

Esto no es todavía especiación porque el cruce entre las variedades claras y oscuras todavía es posible y el flujo genético puede eliminar la mutación. Pero supongamos que hay ahora una segunda mutación que provoca que las hembras verde claro prefieran a los machos verde claro y lo mismo para los verde oscuro. Entonces, aunque las dos variedades podrían cruzarse, no lo hacen. Esto configura el escenario para mutaciones futuras, que ahora se dan independientemente en las dos variaciones, provocando que se distancien más genéticamente. Finalmente, incluso si resulta que sí se cruzan, los híbridos resultantes quizás no sean viables. Ahora, las especies se han separado.

Este ejemplo es de algún modo artificial, porque el nuevo carácter hace dos cosas a la vez: hace a la crisopa más apta cuando está en un entorno en particular y es también el carácter que las hembras

prefieren. Los Kondrashov analizaron un modelo más realista en el que un carácter afectaba a la aptitud del organismo, pero otro diferente afectaba a la elección de apareamiento. Mostraron que, de nuevo, hay circunstancias en las que el resultado puede ser la especiación simpátrica. Su modelo era uno probabilístico, analizando cómo las probabilidades de una mutación en particular afectaban a las frecuencias de los fenotipos correspondientes.

En el mismo número de *Nature*, Ulf Dieckmann, del Instituto Internacional de Análisis de Sistemas Aplicados en Austria, y Michael Doebeli, de la Universidad de British Columbia, encontraron una combinación diferente de cambios genéticos que podía causar la especiación simpátrica.⁸⁴ De nuevo, uno de los caracteres implicados era algo que afectaba a la idoneidad del organismo en un entorno dado, pero esta vez el otro no era una preferencia de apareamiento como tal, sino un carácter «ecológico», uno que afecta indirectamente a la probabilidad de que se dé el apareamiento, según el entorno. En el caso de las crisopas, la hembra no necesita poseer una preferencia genética específica, por ejemplo, en su lugar, las oportunidades de aparearse surgen cuando tanto el macho como la hembra tienen el mismo color. Los verde claro son más comunes en la hierba, por lo tanto las hembras verde claro encuentran más machos verde claro, y lo mismo para los insectos verde oscuro de las coníferas. De modo que no se trata de a

⁸⁴ U. Dieckmann y M. Doebeli, «On the origin of species by sympatric speciation», *Nature* 400 (1999), 354-357.

quién prefieres, sino que lo que importa es a quién te encuentras más habitualmente.

El resultado final es idéntico: se puede dar el emparejamiento selectivo, lo que abre la puerta a la especiación simpátrica.

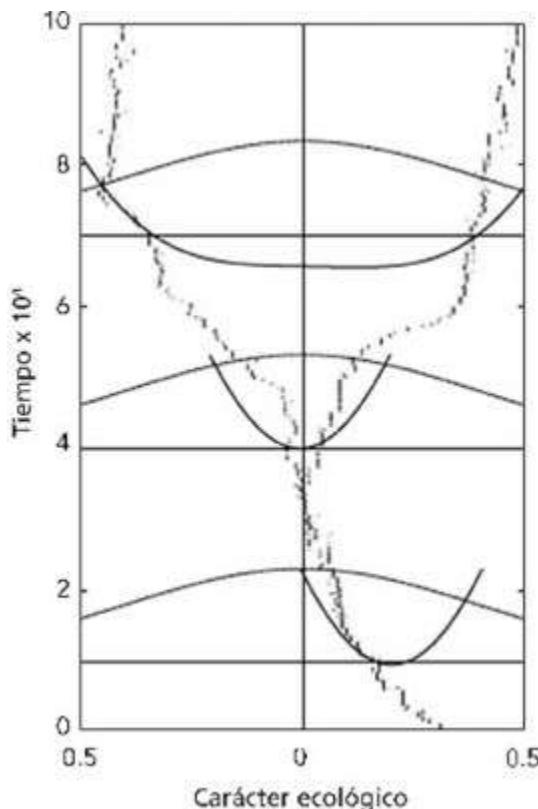


Figura 62. Cómo una única especie se ramifica en dos en el modelo de Dieckmann-Doebeli. Los tres conjuntos de curvas son las funciones de aptitud. La escala son unidades arbitrarias usadas en la simulación.

El modelo matemático de Dieckmann y Doebeli es diferente, pertenece a la clase de modelos conocida como dinámica adaptativa y usa una ecuación diferencial en vez de las probabilidades. Esto es, escribimos las ecuaciones que gobiernan el ritmo de cambio de los

tamaños de la población original y la población mutante, luego calculamos la dinámica del sistema resultante. La figura 62 muestra un ejemplo típico de especiación en una simulación numérica de este modelo.

Hay un modo más general de señalar el defecto en el razonamiento de que la especiación simpática es imposible: ver la especiación como un ejemplo de ruptura de simetría. Nos encontramos con esta idea en el capítulo anterior, en relación con las manchas en los animales. ¿Cómo se relaciona la ruptura de la simetría con la especiación? ¿Son las especies simétricas? Pues sí, pero no en el sentido en que las rayas de un tigre son simétricas.

El mismo concepto matemático puede darse de muchos modos diferentes. La interpretación de las simetrías es muy diferente en las aplicaciones a las manchas y en la especiación. Para las manchas, las simetrías relevantes son movimientos rígidos, para la especiación las simetrías «barajan» a los organismos como si fueran un mazo de cartas. Solo en el aspecto abstracto las dos aplicaciones comparten la misma matemática subyacente. Ahí, de hecho, es donde reside gran parte del poder de las matemáticas; en usar la misma idea en contextos diferentes.

Vimos que una simetría es una transformación que conserva la estructura. En este caso, las transformaciones son permutaciones, diferentes modos de barajar las etiquetas que se emplean en el modelo para identificar a los organismos individuales. Si diez pinzones idénticos están conceptualmente etiquetados del 1 al 10 en algún orden, entonces el modelo matemático de las interacciones

no debería depender de la elección de las etiquetas. Todas las permutaciones posibles de los números del 1 al 10 deberían llevarnos al mismo modelo, una restricción rigurosa en su forma matemática. Por otro lado, si cinco pinzones con pico pequeño se etiquetan del 1 al 5, mientras otros cinco pinzones con picos grandes se etiquetan del 6 al 10, entonces la descripción matemática debería permitir re etiquetar cada grupo, pero no debería, por ejemplo, permitir intercambiar la etiqueta 5 por la etiqueta 6.

Desde este punto de vista, la especiación simpática es una forma de ruptura de simetría. Si una población de pájaros nominalmente idénticos evoluciona en dos grupos distintos, entonces el sistema resultante ha perdido algo de su simetría (tal como la transformación que intercambia las etiquetas 5 y 6). Durante varias décadas los matemáticos y los físicos han estado desarrollando una teoría general de la ruptura de simetría y está ahora siendo aplicada a los modelos de especiación. Una de sus características más sorprendentes es que hay muchos fenómenos «universales» que no dependen de los detalles específicos del modelo, solo de las simetrías que hay y de cuáles se han roto. Esta teoría puede aplicarse a modelos de especiación idealizados, lo que nos lleva a, al menos, tres fenómenos universales.

El primero es que cuando una primera población se separa en especies, normalmente se divide en exactamente dos tipos distinguibles (véase la figura 63).

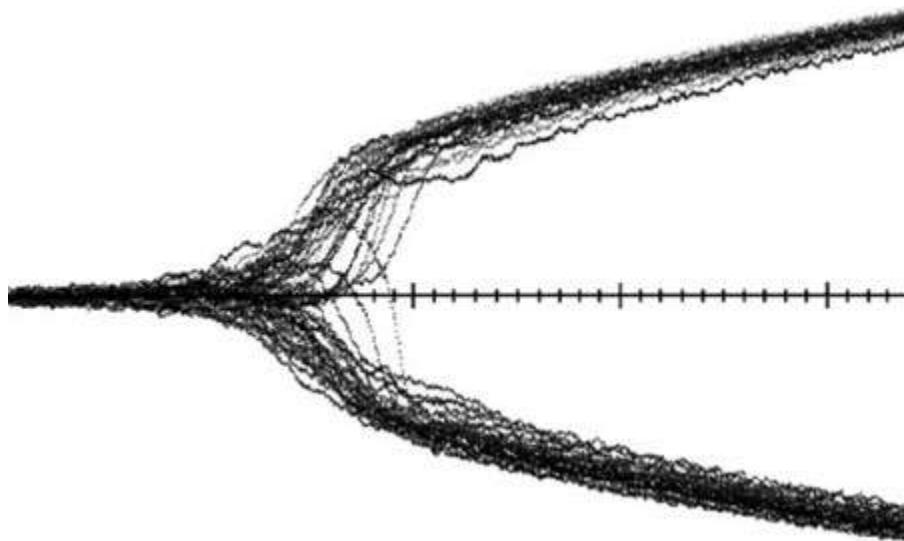


Figura 63. Simulación de especiación simpátrica en un modelo con 50 grupos de organismos. El tiempo avanza horizontalmente, el fenotipo verticalmente. A medida que pasa el tiempo, una única especie se divide en dos.

Dividirse en tres o más tipos es raro y un fenómeno transitorio principalmente. El segundo es que la división sucede muy rápido, mucho más rápido que la velocidad usual de cambios fenotípicos en la población. El tercero es que los dos grupos evolucionarán en direcciones opuestas: si un grupo desarrolla picos más grandes, el otro grupo desarrollará picos más pequeños.

Los modelos de ruptura de simetría indican que un paso clave en la especiación simpátrica es el comienzo de la inestabilidad, exactamente como en los modelos teóricos de juegos discutidos con anterioridad. A medida que el entorno o el tamaño de la población cambia, el estado de especie única puede dejar de ser estable, de modo que esa pequeña perturbación aleatoria puede provocar grandes cambios. Como un palo que se está doblando a causa de

fuerzas cada vez más fuertes, algo de repente hace que el palo se parta en dos. ¿Por qué? Porque el estado «estar en dos partes» es estable, mientras que un palo con un exceso de tensión no lo es.

Una población de organismos es estable si pequeños cambios en la forma o el comportamiento tienden a desvanecerse; es inestable si crecen de manera explosiva. La teoría muestra que cambios graduales en el entorno o la presión de la población puede, de repente, provocar un cambio de un estado estable a uno inestable.

Hay dos fuerzas principales que actúan sobre las poblaciones. El flujo genético a través de los cruces tiende a mantenerlas unidas como una única especie. La selección natural, por el contrario, tiene dos caras. A veces mantiene a las especies juntas, porque colectivamente se adaptan mejor a su entorno si todas usan la misma estrategia. Pero a veces puede hacer de palanca para que se separen, porque varias estrategias de supervivencia distintas pueden explotar el entorno de manera más eficaz que una sola. En el segundo caso, el destino de los organismos depende de qué fuerza gane. Si el flujo genético gana, obtenemos una especie. Si la selección natural contra una estrategia uniforme gana, obtenemos dos. Un entorno cambiante puede modificar el equilibrio de estas fuerzas con resultados drásticos.

Los modelos matemáticos específicos, como los que construyeron los Kondrashov o Dieckmann y Doebeli, sustentan esta idea. Proporcionan una variedad de mecanismos biológicos que pueden hacer inestable el estado de especie única y provocar que la simetría se rompa. Intuitivamente, podemos entender la característica

común de dichos modelos en términos biológicos sencillos y proponer una interpretación genética.

Imagina, por ejemplo, una especie de pinzones con el pico de un tamaño medio, todos se alimentan de semillas de la misma planta. Nominalmente son todos idénticos, esto es, cualquier diferencia es superficial y no altera realmente el comportamiento del grupo. La población se expande hasta que se ve limitada por el suministro de esas semillas en particular.

En esta especie, habrá un rango de variación genética, por ejemplo en el tamaño del pico. Si el tamaño preferido por la selección natural es el de un tamaño medio, entonces el flujo genético vence a la perturbación en el entorno y los pinzones permanecen como una especie. El tamaño de la población se adapta bien al suministro de comida y nada cambia demasiado. Pero ahora supongamos que un cambio de clima, por ejemplo, reduce el suministro de alimento. Ahora hay ventajas en tener picos que no son del tamaño medio y son más adecuados para otros tipos de semillas.

Una especie puede pensarse como un grupo en un espacio fenotípico, de modo que se dispersa y no es tan solo un único punto en ese espacio. De modo que algunos pájaros tendrán picos ligeramente más grandes que la media y otros picos ligeramente más pequeños. Esto es inevitable: la media está en el medio. Pájaros con el pico ligeramente más grande pueden alimentarse de semillas más grandes. Entonces pueden dejar de competir con los pájaros que tienen el pico ligeramente más pequeño. Una vez el equilibrio oscila a favor de evitar el terreno medio, la dinámica colectiva

rápidamente lleva a los pájaros a dos tipos distintos. Estos tipos no compiten directamente por comida, en su lugar evitan la competición ya que se alimentan de semillas de diferentes tamaños. Como Kauffman dijo, una vez la diversidad ha puesto el pie en la puerta de la evolución, hay muchos modos de ampliar la división. El factor más obvio de este tipo es uno que ya nos hemos encontrado: emparejamiento selectivo. Los organismos en un grupo dado comparten hábitos parecidos, comen comida parecida y, por lo tanto, se encuentran con más frecuencia de lo que lo hacen con miembros de otro grupo. De manera que el gran misterio es la división inicial, que no necesita ser especialmente grande o dramática. En un momento posterior cualquiera de estos grupos podría dividirse de nuevo, a medida que los cambios continuos en el entorno cambian la disponibilidad de los recursos. Una cascada de dichas divisiones lleva a lo que los biólogos llaman «radiación adaptativa», donde muchas nuevas especies surgen de una especie ancestral durante un período relativamente corto.

Por el momento, este tipo de modelos está en su infancia. Su principal contribución es mostrar que la especiación simpática es razonable y natural, y centrar la atención en el papel de la inestabilidad como un mecanismo para la diversificación de las especies. Con más realismo biológico, la naturaleza de estas inestabilidades puede entenderse mejor.

Mientras tanto, la aproximación por ruptura de simetría arroja una nueva luz sobre la especiación. Un palo se rompe porque las fuerzas a gran escala que actúan sobre él son inconsistentes con su

integridad estructural. Precisamente cómo se rompe depende de detalles muy pequeños sobre qué fibra dio paso y cómo las consecuencias se siguieron, aunque si no pasase de un modo, debería pasar de otro. Cualesquiera que sean los detalles, el palo se rompe. De manera similar, las especies divergen debido a una pérdida inevitable de estabilidad. La secuencia real de los sucesos, qué gen lo provoca y en qué orden, es menos importante que el contexto en el que se dan estos eventos. Un palo con mucha tensión se debe romper. Un grupo de organismos con un exceso de tensión debe o morir o separarse en especies.

¿Hay alguna prueba para este tipo de escenario? No directamente, porque la escala del tiempo para la evolución de nuevas especies es demasiado grande. Pero parece haber vestigios de casos de especiación pasados que concuerdan mucho con el escenario de ruptura de la simetría. Un caso particularmente instructivo e históricamente importante, que muestra características consistentes con varios modelos matemáticos de especiación simpátrica, tiene que ver con lo que ahora llamamos los pinzones de Darwin, en las Islas Galápagos.

* * * *

Las Islas Galápagos forman un archipiélago, un grupo de islas en el Océano Pacífico. Están situadas en el Ecuador, a 1.000 kilómetros al oeste de la costa de Ecuador. El nombre hace referencia a las grandes tortugas que se pueden encontrar en la isla y que se conocen como galápagos. Había un cuarto de millón de ellas cuando las islas se descubrieron en 1535, hoy el número es de alrededor de

15.000. El archipiélago consta de alrededor de diez islas grandes y docenas de islas pequeñas, todas de origen volcánico.

La geología de las Islas Galápagos es inusual y ha tenido un profundo efecto en las criaturas que allí viven. Durante cientos de millones de años, las islas han seguido un ciclo sorprendente: se alzaron sobre el suelo oceánico en la parte oeste del archipiélago, se movieron ligeramente hacia el este, se hundieron bajo las olas y finalmente desaparecieron bajo la costa oeste de América Central. De modo que en un momento dado, las islas más antiguas y erosionadas están en la parte este del archipiélago, mientras que las más nuevas y más activas volcánicamente están en el oeste.

Hoy en día, estamos habituados a la idea de que los continentes pueden moverse, pero hace cincuenta años era una polémica y hace sesenta años se consideraba una locura. En 1912, el meteorólogo de Berlín, Alfred Wegener, se tomó en serio una similitud que cientos de personas deben de haber notado: la costa este de América del Sur y la costa oeste de África encajan la una con la otra como si de piezas de un puzzle se tratase. Alegó que esta era la prueba de la «deriva continental». En escalas de tiempo geológicas, los continentes no están fijos, al contrario, se mueven, muy lentamente, sobre la superficie del planeta.

Harold Jeffreys, que se dedica a la matemática aplicada, se oponía a que ningún mecanismo físico puede emplear las fuerzas colosales necesarias para hacer que los continentes se abran paso en el suelo oceánico. Sin embargo, esto era totalmente correcto; en la década de los sesenta del siglo XX, se vio claro que Wegener tenía razón. El

suelo oceánico se mueve con los continentes, como una gigantesca cinta transportadora. Un nuevo suelo se forma a lo largo de las dorsales oceánicas a medida que el magma mana del manto terrestre, se enfriá y se extiende hacia los lados; el viejo suelo es «subducido», se desliza bajo el manto en el borde de los continentes. De hecho, a veces es derribado. Como resultado, la superficie de la Tierra se divide en ocho grandes «placas tectónicas» y muchas más pequeñas. Estas placas son de hecho rígidas, aunque se pueden mover de maneras complejas, conducidas por enormes corrientes de convección en la lava del manto terrestre. E interactúan a lo largo de sus fronteras comunes.

Las Islas Galápagos están colocadas en la unión de tres placas: la placa de Cocos, la de Nazca y la del Pacífico. Este punto de encuentro, conocido como triple unión de Galápagos, es geológicamente inusual porque las placas no se encuentran formando una sencilla Y. En su lugar, dos «microplacas» mucho más pequeñas parecen estar atrapadas en la unión, giran en sincronía la una con la otra como dos ruedas dentadas adyacentes. El geólogo canadiense J. Tuzo Wilson explicó este curioso comportamiento en 1963, sugiriendo que bajo las islas hay un «punto caliente» donde una enorme columna de lava surge a través del manto, rompe la corteza oceánica y forma conos volcánicos. Se cree que un punto caliente parecido creó la cadena de islas hawaianas, pero estas no están sobre el límite de una placa. Durante al menos veinte millones de años, el punto caliente de las Galápagos ha permanecido más o menos en el mismo lugar, aunque

se ha tambaleado un poco; el suelo oceánico ha ido a la deriva hacia el este, llevado por el movimiento de las placas tectónicas. Actualmente la placa de Nazca se está moviendo a una velocidad de 60 kilómetros cada millón de años, mientras que la placa de Cocos se mueve a 80 kilómetros cada millón de años. Estas velocidades podrían parecer muy pequeñas como para tener importancia, pero la deriva continental hará que las Islas Galápagos lleguen a América del Sur en apenas doce millones de años, un período de tiempo muy pequeño para los estándares geológicos.

El Archipiélago de Hawái parece haberse formado a la vez, cada volcán pasó a estar inactivo a medida que se alejaban del punto caliente, pero las Galápagos son más complicadas. Prácticamente todas ellas han estado volcánicamente activas en los últimos cientos de años, lo que geológicamente es un simple instante, y sus períodos de formación se han solapado considerablemente. En la actualidad, la isla más joven del archipiélago es Fernandina, que es un volcán en activo.

* * * *

Como consecuencia del aislamiento y el continuo movimiento tectónico, las Islas Galápagos son un poco como la famosa hacha, exactamente la misma hacha que mi padre me dio, aunque ha tenido tres nuevas cabezas y cuatro nuevas empuñaduras. Este rápido movimiento de tierra ha hecho que la flora y la fauna de las Galápagos sean diferentes a cualquier otra que se pueda encontrar en el planeta. Darwin pasó cinco semanas en las Galápagos. Caminando sobre su terreno irregular de lava negra como el carbón,

le impactó el hecho de que era una tierra nueva y de que sus extrañas criaturas debían de ser recién llegadas. Mucho más tarde, empezó a darse cuenta de lo que había encontrado y tuvo un gran efecto sobre él. Nada de eso (aparte de unos pocos comentarios generales a partir de la segunda edición) aparece en *El origen de las especies*, pero sus cartas y cuadernos muestran lo importantes que fueron las Islas Galápagos en su pensamiento.

Darwin era un coleccionista obsesivo y trajo con él una colección de cadáveres de pájaros de las Galápagos. Pensaba que eran variedades de mirlos, pinzones y picogruesos. El ornitólogo John Gould observó los especímenes y dijo a Darwin que todos eran pinzones, una docena o así de especies diferentes. Diferían en el tamaño, el color y especialmente en la forma y tamaño de los picos. Las diferencias no eran enormes, pero suficientes para indicar distintas especies. Hoy en día son conocidos colectivamente como los pinzones de Darwin, un nombre que data de 1936, y reconocemos trece especies en las Galápagos⁸⁵ más otra en las Islas Cocos.

⁸⁵ Las especies de pinzón de Darwin son:

Pinzón grande de cactus, *Geospiza conirostris*

Pinzón terrestre de pico afilado, *Geospiza difficilis*

Pinzón vampiro, *Geospiza difficilis septentrionalis* (subespecie)

Pinzón terrestre mediano, *Geospiza fortis*

Pinzón terrestre pequeño, *Geospiza fuliginosa*

Pinzón terrestre grande, *Geospiza magnirostris*

Pinzón terrestre grande de Darwin, *Geospiza magnirostris magnirostris* (posiblemente una subespecie extinta)

Pinzón de cactus común, *Geospiza scandens*

Pinzón vegetariano, *Camarhynchus crassirostris*

Pinzón grande de árbol, *Camarhynchus psittacula*

Pinzón mediano de árbol, *Camarhynchus pauper*

Pinzón pequeño de árbol, *Camarhynchus parvulus*

En *El viaje del «Beagle»*, basado en su diario, Darwin escribió:

El resto de aves terrestres forman el grupo de los pinzones más singular, relacionados unos con otros en la estructura de sus picos, cortas colas, forma del cuerpo y plumaje. Hay trece especies, que el señor Gould ha dividido en cuatro subgrupos. Todas estas especies son peculiares en su archipiélago, lo mismo que lo es el grupo entero, con la excepción de una especie. Los machos de todas, o prácticamente del mayor número, son de color negro azabache y las hembras, con quizá una o dos excepciones, son marrones. El hecho más curioso es la perfecta gradación en el tamaño de los picos en las diferentes especies de Geospiza, de tan grande como la de un picogrueso a la de un pinzón, e incluso a la de un silbador. Viendo esta gradación y diversidad de estructura en un pequeño e íntimamente relacionado grupo de pájaros, uno podría realmente imaginar que a partir de una escasez original de aves en este archipiélago, una especie se ha adaptado y modificado para diferentes fines.

Debido a que Darwin omitió registrar en qué isla había recogido el espécimen, algo inusitado en él, perdió una prueba irrefutable para la selección natural; las especies de pinzón eran con frecuencia diferentes de una isla a otra. Pero ahora sabemos que la intuición de Darwin era correcta. Las genéticas estrechamente relacionadas de los pinzones de Darwin muestran que divergieron de un único

Pinzón carpintero, *Camarhynchus pallidus*

Pinzón de pantano, *Camarhynchus heliobates*

El Trinador, *Certhidea olivacea*

grupo ancestral hace alrededor de cinco millones de años. (Quizá unos pocos ancestros fueron arrastrados a las islas desde América Central por una tormenta, pero es solo una conjetura.)

El primer estudio sistemático de la genética y el comportamiento de los pinzones de Darwin fue hecho por David Lack. Trabajando como maestro de escuela en Devon y más tarde como ornitólogo de campo en Oxford, escribió dos libros bajo el título *Los pinzones de Darwin*, uno académico en 1945 y una versión más popular en 1961.⁸⁶ Lack visitó las Galápagos en 1938 y, entre otras cosas, midió los tamaños de varios picos de pájaros. En su primer libro propone que las diferencias en el tamaño eran señales de reconocimiento, los pájaros podrían distinguir su propia especie viendo los picos. De modo que veía los tamaños de los picos como un mecanismo aislado, algo que interrumpía el flujo genético que de lo contrario sería posible. Pero en 1961, Lack había revisado su opinión y ahora veía las diferencias en el tamaño como una adaptación evolutiva a diferentes fuentes de comida. Estudios posteriores confirmaron este punto de vista.

Peter y Rosemary Grant han continuado el trabajo de Lack; marido y mujer, ambos son profesores eméritos en Princeton. Desde 1973, han pasado la mitad de cada año en la pequeña isla de las Galápagos Daphne Mayor, capturando y liberando los pájaros, etiquetándolos, midiendo sus tamaños y formas, y tomando muestras de sangre. Gracias a sus esfuerzos ahora sabemos muchísimo sobre los pinzones de Darwin, su comportamiento, forma y genética.

⁸⁶ . Ese término se hizo popular con el segundo libro, pero es originario de Percy Lowe en 1936.

Una de las principales implicaciones del modelo de ruptura de simetría de la especiación simpátrica es sorprendente: los dos nuevos fenotipos se alejan el uno del otro en direcciones opuestas.⁸⁷ Si, por ejemplo, una especie de pinzón con un tamaño de pico medio se divide en dos especies distintas que se distinguen por el tamaño de su pico, entonces en una los picos serán más grandes y en la otra, más pequeños.

No se ha observado una división tal directamente, pero esto era de esperar porque la escala evolutiva es muy larga. En su lugar, podríamos esperar encontrar rastros actuales de procesos evolutivos. Los fósiles de los pinzones de Darwin serían maravillosos, pero las Islas Galápagos son volcánicas y difícilmente se forman fósiles en estratos volcánicos. Sin embargo, hay otro tipo de «fósil», la propia especie actual. Esta muestra un fenómeno conocido como desplazamiento de caracteres: los fenotipos de especies distintas cambian si ambas especies están presentes en un entorno dado. Con un poco de imaginación, puedes ver estos cambios como un tipo de reconstrucción moderna de la posible evolución de las dos especies.

Las especies a las que nos referimos son el pinzón terrestre mediano *Geospiza fortis* y el pinzón terrestre pequeño *G. fuliginosa*, de ahora

⁸⁷ Más exactamente, el fenotipo medio cambia continuamente, incluso aunque los dos nuevos fenotipos aparezcan a saltos. Si consideramos cómo los fenotipos se desvian a partir de sus valores medios, el término «sin cambios» se puede aplicar, y esto es lo que los modelos matemáticos realmente estudian. J. Cohen e I. Stewart, «Polymorphism viewed as phenotypic symmetry breaking», *Nonlinear Phenomena in Biological and Physical Sciences* (ed. S.K. Malik et al.), Indian National Science Academy, Nueva Delhi (2000), 1-63; I. Stewart, T. Elmhirst y J. Cohen, «Symmetry breaking as an origin of species», *Bifurcations, Symmetry, and Patterns* (ed. J. Buescu et al.), Birkhäuser, Basilea (2003), 3-54.

en adelante *Mediana* y *Pequeña*. El carácter que nos preocupa es la profundidad del pico, el ancho del pico en su base. *Mediana* se encuentra en la isla de Cuatro Hermanos, pero *Pequeña* no. A la inversa, *Pequeña* se encuentra en Daphne pero *Mediana* no. Sin embargo, ambas especies coexisten en Isabela.

Cuando solo está presente una especie, la profundidad del pico es la misma para cualquiera de ellas, la media de la profundidad del pico para *Mediana* está muy próxima a 10 mm en Cuatro Hermanos y lo mismo ocurre para *Pequeña* en Daphne. Pero cuando coexisten, se fuerzan a alejarse; la profundidad del pico media para *Mediana* en Isabela es próxima a 12 mm, pero para *Pequeña* es 8 mm. La media de 8 y 12 es 10, claramente consistente con la predicción hecha por el modelo de ruptura de simetría de la especiación simpátrica. También es digno de mención que los otros tipos de modelo usados por los Kondrashovs y por Dieckmann y Doebeli también tienen esta propiedad de «media constante».

Esto es el desplazamiento de caracteres, no una especiación como tal. Pero puede razonarse que cuando las dos especies están ubicadas en el mismo entorno, estamos reconstruyendo la competición evolutiva original... y averiguando cuál fue el resultado. No reivindico que esta observación sea algo más que un indicio y apoyarse en indicios no es siempre recomendable. Pero es intrigante encontrar exactamente el comportamiento que se había predicho en el ejemplo más famoso de especiación que existe, y el único que Darwin casi pierde.

Capítulo 15

Oportunidades en red

Como hemos visto cuando observamos el cerebro en el capítulo 11, las conexiones en red son un valor en alza en biología y matemáticas. También lo son en física e ingenierías y una popular palabra de moda en el mundo de los negocios. Si trabajas en ciencias o en el comercio, es muy difícil no toparte con conexiones en red. Un ejemplo omnipresente es Internet, que es por definición una red de ordenadores intercomunicados.

Las redes abundan en biología. Ya hemos visto cómo la capacidad de las células nerviosas para trabajar en red permite a componentes relativamente simples producir ricos y sutiles tipos de comportamiento. De hecho, si la visión «conexionista» de la mente humana se acerca a la verdad, nuestra capacidad para comportarnos de manera inteligente, nuestra conciencia consciente y nuestro sentimiento (correcto o incorrecto) de que somos libres son todos consecuencia de dos cosas: la intrincada red de neuronas de nuestro cerebro, y sus interacciones con el cuerpo que lo contiene y el mundo exterior.

En el caso del sistema nervioso humano, la red es una cosa física. Las células nerviosas están vinculadas unas a otras por axones y dendritas, la instalación eléctrica escondida del cuerpo. En la mayoría de las conexiones en red biológicas este vínculo es más metafórico. Los ecologistas estudian redes tróficas en un ecosistema: qué organismos se alimentan de qué organismos. Una

red trófica es una red en la que organismos reales están «vinculados» conceptualmente por la relación de que uno se come al otro. La transmisión de enfermedades puede pensarse como una red en la que los individuos están vinculados por infecciones. Una especie puede pensarse como una red de organismos, vinculados por las interacciones del día a día tales como la competición, por comida o pareja, y el comportamiento social.

Algunas de las redes más importantes, pero que se entienden menos, se dan en un nivel molecular. Ahora sabemos que el desarrollo biológico por el cual un óvulo fertilizado se convierte en un organismo, no se trata solo de leer información del ADN. Algunas partes del genoma, genes en el sentido estricto, proporcionan instrucciones para elaborar proteínas. Más exactamente, codifican el orden en el cual los aminoácidos que lo constituyen se deben ensamblar. El ADN no realiza el ensamblaje. Sin embargo, un organismo no es tan solo una bolsa de proteínas; la proteína correcta tiene que acabar en el lugar correcto y el sistema completo tiene que funcionar como un ser vivo. Un modo de obtener la proteína correcta en el lugar correcto es fabricarla allí, lo cual implica activar o desactivar la actividad de un gen dependiendo de en qué célula esté y dónde la célula esté localizada en el organismo. Este cambio está controlado, en parte, por otros genes, cuya actividad podría ser regulada a su vez por otros genes. Colecciones de genes se combinan para formar redes de regulación genética y nuestra comprensión de cómo el ADN afecta al desarrollo y el funcionamiento del día a día del cuerpo en lo que a él se refiere

depende de averiguar qué hacen estas redes de regulación y cómo lo hacen (véase la figura 64).

* * * *

Las redes sociales se han puesto de moda entre la gente gracias a páginas web como Facebook o Twitter. Una red real, Internet, nos ayuda a establecer y mantener estas conexiones sociales, pero la red social es metafórica. Se nos adelantó, hace millones de años, un organismo cuyo comportamiento social natural a veces crea redes reales.

No firmarías un contrato con *Physarum polycephalum* para diseñar un sistema ferroviario. Para empezar, no puede leer o escribir, es una especie de moho mucilaginoso o moho del fango. No puede competir en inteligencia con humanos, delfines, pulpos o incluso langostas mantis. Hay tontos, hay más tontos... y hay moho mucilaginoso.

Sin embargo, este moho del fango sí puede diseñar sistemas ferroviarios. Necesita un poco de incitación, pero hace un trabajo bastante bueno. De hecho, como Atsushi Tero en la Universidad de Hokkaido en Japón y un equipo de ocho investigadores más descubrieron a principios de 2010, *P. polycephalum* da con casi el mismo diseño para el sistema ferroviario de Tokio que el que los ingenieros hicieron.⁸⁸ Y todo lo que le «dijeron» al moho mucilaginoso es dónde estaban las principales ciudades; el moho hizo el resto.

⁸⁸ A. Tero, S. Takagi, T. Saigusa, K. Ito, D.P. Bebber, M.D. Fricker, K. Yumiki, R. Kobayashi y T. Nakagaki, «Rules for biologically inspired adaptive network design», *Science* 327 (2010), 439-442.

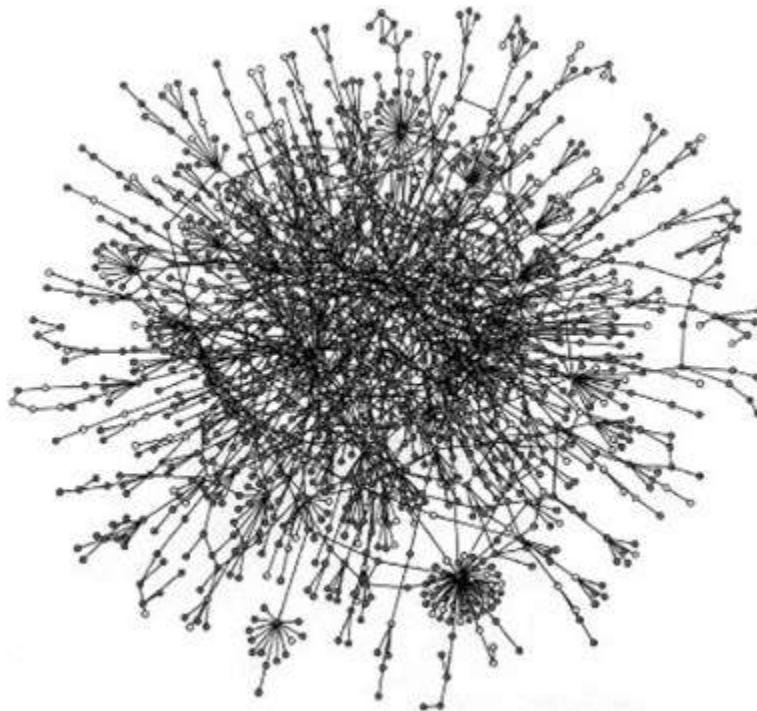


Figura 64. Red de interacción de proteínas en la levadura.

Otros tantos científicos han persuadido al moho del fango para solucionar otros tipos de problemas de red, tales como encontrar su camino a través del laberinto. En principio, podrías construir un ordenador de moho mucilaginoso y hacer tratamiento de textos en él, aunque podría llevar la mitad de la edad del universo pasar de la primera frase. Los talentos del moho mucilaginoso no encajan realmente con el procesamiento de información digital a alta velocidad. Pero cuando hablamos de redes, el moho mucilaginoso se mueve como pez en el agua.

Usar moho del fango para diseñar un sistema ferroviario no es tan descabellado como suena, porque hay condiciones medioambientales que hacen que el moho estructure sus colonias

en una red de tubos como si fuesen venas, y transporte fluidos vitales a lo largo de esos tubos. Un sistema ferroviario transporta gente a lo largo de líneas ferroviarias. Es realmente un problema muy parecido. Del mismo modo que usaron el moho del fango para resolver un problema sobre redes, el equipo japonés usó las matemáticas de redes para averiguar cómo el moho del fango lo solucionaría, cerrando claramente el círculo conceptual. El resultado podría ser útil incluso para los diseños humanos, no usando el moho mucilaginoso para solucionar problemas de diseño reales, sino para simular sus estrategias en un potente ordenador.

P. polycephalum es un organismo unicelular, un poco como una ameba, excepto que esta célula contiene un gran número de núcleos. Como una ameba, puede extender protuberancias que usa para explorar sus alrededores, como ir a la caza de comida. Se extiende sobre troncos muertos u hojas podridas como una viscosa capa amarilla y la caza tiene lugar a lo largo de todo el borde de la capa, donde «plasmodios» individuales, regiones que contienen un único núcleo, buscan comida. Dentro de estas fronteras exploratorias los organismos se moldean a sí mismos como una red de tubos como venas —que recuerdan a las venas en la parte dorsal de una mano humana—; estos tubos transportan líquidos, pero el líquido es el protoplasma que compone el interior de la célula. El protoplasma lleva partículas de comida y otras moléculas vitales cuando fluye, distribuyendo la recompensa a todo el organismo.

Por muy extraño que parezca este estilo de vida, es un modo eficaz de vivir, y los mohos mucilaginosos son muy comunes. Si te quieres

aprovechar de la capacidad para las redes del moho mucilaginoso, tienes que presentarle tus cálculos de modo que le resulten atractivos. Y lo que es atractivo para el moho mucilaginoso es la comida.

En sus experimentos, el equipo japonés colocó fuentes de comida en una superficie plana en las ubicaciones que corresponden a las 36 principales ciudades en la región. Piensa en ello como un mapa del área que rodea Tokio, con pegotes de comida en las ciudades, pero sin carreteras o vías de ferrocarril marcadas, porque eso predispondría el proceder. Luego liberaron su moho del fango introduciendo un plasmodio en Tokio y permitiéndole ir de caza.

Para empezar, el plasmodio no tenía ni idea de dónde estaba la comida, así que se extendía sobre el mapa, formando una capa plana. Pero conforme pasa el tiempo, la capa se contraía para formar una red de tubos vinculados a las fuentes de comida. Para evitar influir en los resultados al haber empezado por Tokio, los investigadores realizaron otro experimento, pero esta vez, empezaron con el moho esparcido por todo el mapa. Los resultados fueron muy parecidos. Para asegurar que el moho formaba una red, más que quedarse esparcido sin más, permitieron que cualquier exceso se desbordara sobre una gran fuente de comida fuera del área del mapa.

La red resultante fue muy parecida a la red de ferrocarril real que conecta estas ciudades (véase la figura 65). El parecido fue a más cuando al moho mucilaginoso se le impidió entrar en lo que en el mundo real son regiones montañosas poniendo una luz brillante en

los correspondientes puntos del mapa (*P. polycephalum* tiende a evitar la luz). De hecho, los investigadores usaron la intensidad de luz para simular el terreno. Con o sin retoques extra, la red de fango y la real se construyen de un modo muy similar, según un número de diferentes medidas de eficiencia, tales como la razón entre los beneficios y los costes.

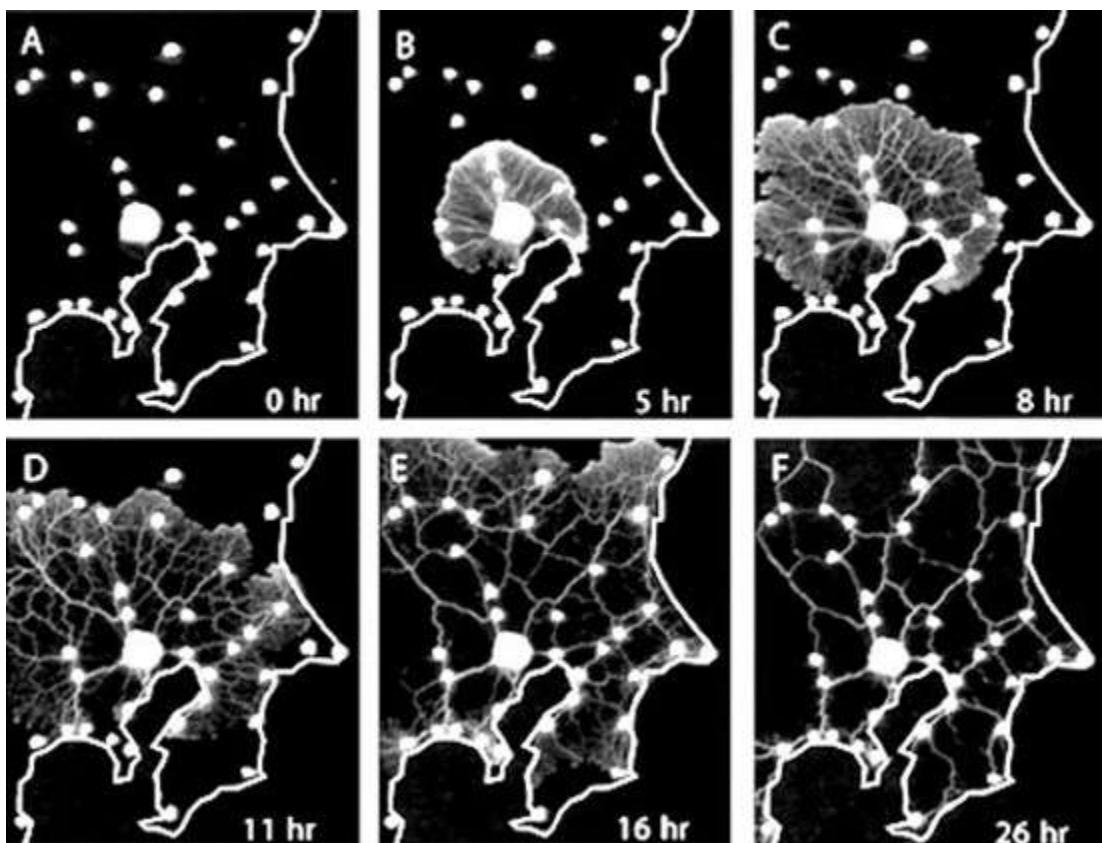


Figura 65. Cómo el moho mucilaginoso construye su red de ferrocarril: seis etapas en la evolución de una red biológica.

Este comportamiento no es del todo sorprendente, pero hay una señal de que algo interesante está sucediendo. El moho mucilaginoso no «triangula» simplemente toda la región formando

tubos entre todas las ciudades vecinas. Como tampoco lo hace la red ferroviaria. Ambas excluyen vínculos potenciales, y ambas excluyen más o menos los mismos vínculos.

¿Es esta similitud entre las dos redes un accidente superficial o un signo de un origen compartido? Es un poco de ambos. Podría parecer que la red de Tokio fue «diseñada», mientras que la del moho del fango evolucionó. Los ingenieros calcularon por dónde debían ir las líneas de ferrocarril, el moho del fango modificó su red para extender algunos tubos y contraer o eliminar otros. Pero la red ferroviaria real también evolucionó; a medida que las ciudades aparecían y crecían, el sistema ferroviario crecía con ellas, añadiendo nuevos vínculos. A medida que el número de pasajeros incrementaba, más líneas y más trenes se construían, «fortaleciendo» las conexiones en la red. Los servicios que no atraían a clientes se abandonaron.

Si los ingenieros hubiesen comenzado desde cero, con todas las ciudades en su sitio, pero ninguna red ferroviaria, podrían haber adoptado una aproximación más racional y más global, diseñando una red completa para optimizar cualquier cantidad que le pareciese apropiada, tales como transportar el número requerido de gente de manera rápida y barata. El moho mucilaginoso no podría haber hecho esta aproximación. Sin embargo, los ingenieros todavía podrían aprender algunos trucos útiles del moho mucilaginoso, como el equipo japonés descubrió cuando diseñaron un modelo matemático de lo que estaba haciendo realmente el moho mucilaginoso.

Su modelo empieza con una malla aleatoria de tubos muy fina, que recuerda a la capa inicial en la que el moho mucilaginoso se extiende por el mapa. Anotaron ecuaciones simples para la cantidad de fluido que podría ser bombeado a través de cada tubo, basadas en ideas estándar de la dinámica de fluidos. Sus ecuaciones establecieron que la cantidad de fluido fluyendo a través del tubo es proporcional a la diferencia de presión entre sus dos extremos, a su «conductividad» (una medida de lo grande que es el tubo, proporcional a su radio elevado a cuatro), e inversamente proporcional a la longitud.

Para modificar los tamaños de los tubos, escoge dos ciudades aleatorias. Insufla fluido de más en una de ellas y extráelo de la otra, de modo que la cantidad total de fluido no cambie. Calcula la cantidad de fluido que pasa a lo largo de cada tubo usando las ecuaciones. Haz pequeños cambios en los diámetros de los tubos de modo que los que llevan cantidades grandes de fluido se hagan más grandes y los que llevan cantidades pequeñas se hagan más pequeños. Calcula si el cambio mejora la eficiencia de la red. Si lo hace, manténlo, si no, intenta otro cambio aleatorio. El método exacto para hacer esto permite a los tubos contraerse completamente, alcanzando diámetro cero; cuando esto sucede, desaparecen de la red. Repite este procedimiento una y otra vez, con elecciones nuevas al azar de dos ciudades, y sigue con ello hasta que la estructura se asiente en algo que no cambie apenas de una etapa a otra.

La eficiencia puede medirse de muchos modos diferentes: cuánto material puede transportarse, lo rápido que se puede transportar, cuántos beneficios se ganan para un coste dado. Este proceso evolutivo puede ser deliberadamente sometido a pequeños cambios para mejorar cualquier medida deseada de eficiencia: se trata solo de seleccionar las reglas apropiadas de lo rápido que los tubos cambian en respuesta a la cantidad de fluido que están transportando. El equipo encontró que un pequeño retoque de este tipo lleva a una red que en algunos casos supera tanto al moho del fango como al sistema ferroviario real de Tokio; tiene la misma eficiencia de transporte pero una mejor proporción beneficio-coste. Sin embargo, esta red era más frágil: su capacidad para transportar fluido (o gente) disminuía de manera significativa si partes de ella eran dañadas o eliminadas, mientras que la red de moho mucilaginoso o el sistema de ferrocarril son más robustos.

Hay otras técnicas matemáticas para unir ciudades en una red, y el equipo comparó sus resultados con estas. Solo en términos de costes, la red más eficiente es un «árbol de expansión de Steiner», que tiene ramas pero no circuitos cerrados; en esa disposición, siempre que una rama se divide en una unión con forma de Y, los ángulos en la Y son todos de 120° . Esta es la red que usa la longitud de raíl más corta. Pero no es un modo demasiado bueno de transportar gente, o el protoplasma del moho del fango, porque el enlace entre dos nodos puede recorrer todas las casas desde una ciudad distante entrando y saliendo del centro de Tokio, por ejemplo. De modo que el tiempo de viaje puede ser

innecesariamente largo. Ni la red ferroviaria ni la red del moho mucilaginoso se parecen lo más mínimo al árbol de expansión de Steiner.

Tero y sus compañeros de equipo resumieron sus resultados de este modo:

Nuestro modelo matemático inspirado en la biología puede capturar la dinámica básica de la adaptabilidad de la red a través de iteraciones de reglas locales y produce soluciones con propiedades comparables o mejores que las de redes de infraestructuras del mundo real. Además, el modelo tiene un número de parámetros sintonizables que permiten el ajuste de la proporción beneficio/coste para incrementar características específicas, tales como la tolerancia a fallos o la eficiencia del transporte, mientras se mantiene con un coste bajo. Dicho modelo podría proporcionar un punto de inicio útil para mejorar los protocolos de ruteo y el control de la topología para redes auto organizadas tales como matrices de sensores remotos, mobile ad hoc networks o redes inalámbricas en malla.

Las redes entraron en las matemáticas a través de un acertijo. En 1735 el prolífico Leonhard Euler empezó a darle vueltas en su cabeza a un tema de conversación entre la buena gente de Königsberg, por aquel entonces una ciudad prusiana, ahora Kaliningrado en Rusia. La ciudad estaba situada a ambas orillas del río Pregel y disponía de siete puentes. Estos unían dos islas con las orillas y las islas entre ellas (véase la figura 66). El asunto candente

era este: ¿es posible dar un paseo y cruzar cada puente exactamente una vez?

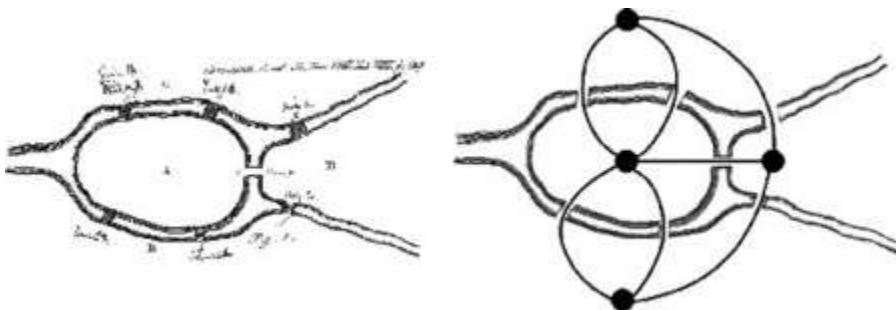


Figura 66. Problema de los puentes de Königsberg. A la izquierda: el rompecabezas original de Euler. A la derecha: conversión del rompecabezas en una red.

Euler no encontró una solución. Hizo algo más difícil, probó que la solución no existía. Su perspicacia fue reducir el problema lo máximo, a lo básico. Todo lo que importaba era cómo las masas de tierra se conectaban. Su tamaño y forma era irrelevante; peor, estorbaban en el pensamiento del problema. Su razonamiento real era algebraico, asignando símbolos a las masas de tierra y a los puentes, pero acto seguido fue reinterpretado gráficamente, un modo mucho más vívido de representar el problema. Esto reduce el acertijo a un diagrama en el que los puntos están unidos por líneas, que yo he sobrepuerto en el mapa de la derecha de la figura 66.

En este diagrama, cada masa de tierra: orilla norte, orilla sur y las dos islas, se corresponden con un punto y unimos los puntos por una línea siempre y cuando un puente conecte las masas de tierra correspondientes. En conjunto, obtenemos cuatro puntos y siete

líneas. El acertijo ahora pasa a ser una simple cuestión: ¿hay alguna ruta que incluya cada línea exactamente una vez? Euler trató rutas abiertas, que empiezan y terminan en puntos diferentes, y rutas cerradas, que empiezan y terminan en el mismo punto. Probó que ningún tipo de ruta existe para el diagrama de los puentes de Königsberg. De manera más general, describió los diagramas para los cuales dichas rutas existen o no existen⁸⁹.

Este tipo de diagrama originariamente se llamaba un «grafo», pero en la actualidad una alternativa cada vez más común es la palabra más evocativa «red». El sencillo teorema de Euler sobre el acertijo fue la primera prueba para un principio general: la arquitectura (o topología) de una red tiene una influencia enorme en lo que puede hacer.

Matemáticamente, un grafo, o red, consiste en nodos (puntos, vértices) unidos los unos a los otros por aristas (líneas, conexiones). Los nodos representan algún tipo de componente, o agente, y dos nodos están unidos por una arista si, y solo si, interactúan. Las

⁸⁹ Traduciendo su terminología simbólica en características del diagrama lo que importa es cuántas líneas se encuentran en un punto dado. Supongamos, por ejemplo, que existe una ruta cerrada. Entonces, siempre que la ruta llega a un punto, también sale de ese punto. De modo que el número de líneas que se encuentran en un punto dado tiene que ser par. Esto no se cumple en los puentes de Königsberg porque el diagrama tiene tres puntos en los que se encuentran tres líneas y un punto en el que se encuentran cinco. Como el número de líneas es impar en estos casos, el acertijo no puede resolverse con una ruta cerrada. Las rutas abiertas tienen dos extremos diferentes y en cada uno de estos el número de líneas que llega al punto es impar. En todos los demás es par. Por lo tanto, ahora debe haber exactamente dos puntos en los que se encuentren un número impar de líneas: uno en cada extremo de la ruta. Debido a que el diagrama de Königsberg tiene cuatro puntos en los que se encuentran un número impar de líneas, no hay tampoco una ruta abierta.

Euler probó que estas condiciones son también suficientes para que una ruta del tipo adecuado exista siempre que el diagrama esté conectado (que dos puntos cualesquiera estén unidos por alguna ruta). Euler dedicó varias páginas a una prueba simbólica; en forma esquemática se puede hacer prácticamente obvia.

aristas pueden ser bidireccionales (las interacciones van hacia ambos lados) o unidireccionales (A influye en B, pero no al revés). El caso unidireccional da lugar a una red directa, cuyas aristas se dibujan normalmente como flechas. Las aristas podrían tener asociado un «peso» para indicar la fuerza de la interacción. Quizá sean de tipos diferentes (zorro precediendo a conejo es diferente que conejo precediendo a vegetación) o quizás sean nominalmente idénticas (zorro A precediendo a conejo X es casi lo mismo que zorro B precediendo a conejo Y).

Dos grafos tienen la misma arquitectura, o topología, si un grafo puede obtenerse reordenando las posiciones de los nodos y las aristas del otro, mientras se mantienen las mismas conexiones y sentido de las flechas (y cualquier decoración adicional tal como pesos o tipos de arista). Las arquitecturas importantes incluyen cadenas, anillos, grafos completos y grafos aleatorios, como se muestra en la figura 67.

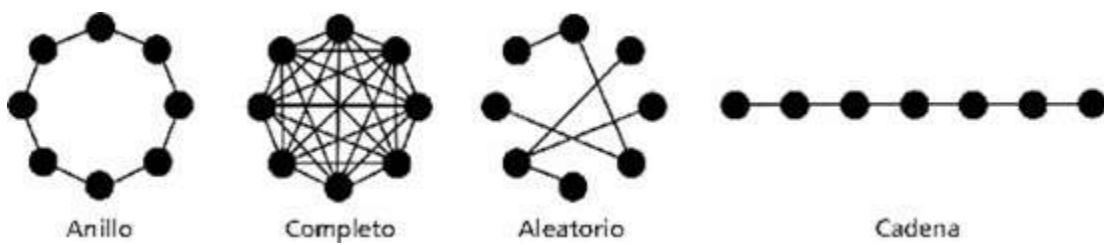


Figura 67. Cuatro tipos de red. En ellas todas las aristas son bidireccionales

Podemos investigar las redes en teoría, en modelos matemáticos concretos donde los nodos y las aristas tienen estructuras

adicionales y en redes reales con agentes e iteraciones reales. Estos tres contextos están asociados estrechamente, pero es importante tener en mente que son diferentes. En la medida que hagamos eso, podemos emplear con seguridad las mismas palabras en todos los contextos, por ejemplo, hablando de un conejo como un nodo en una red trófica y dibujarlo como un punto.

Personas diferentes usan redes para diferentes propósitos y hacen preguntas diferentes. Uno de los primeros pioneros fue Stuart Kauffman, quien empleó circuitos de conmutación binarios (cada nodo puede estar activo o inactivo) para modelar las interacciones de genes en una célula. Encontró que la dinámica de redes dependía de manera crítica del número medio de aristas conectadas a cada nodo. Se han estudiado un sinfín de tipos de redes: discretas (autómata celular), continuas (ecuaciones diferenciales), probabilísticas (cadenas de Markov), fractales (sistemas de funciones iteradas). Muchos sistemas complejos son redes. Una arquitectura de red radicalmente nueva que ha atraído la atención es la de mundo pequeño: una red regular con conexiones con los vecinos cercanos, en la cual algunas aristas se renuevan aleatoriamente para convertirse en conexiones de largo alcance, o algunos nodos se convierten en «*hubs*» o centros de conexiones que están conectados inusitadamente a muchos otros nodos.

Hay varias teorías generales de estructura de redes y comportamiento. El trabajo intenso en propiedades estadísticas de redes aleatorias muestra que cuando la probabilidad de incluir cualquier arista dada aumenta, hay una transición en la cual la

mayoría de los nodos de repente se unen en un único componente gigante. Este resultado, metafóricamente al menos, tiene una aplicación en las epidemias. En este caso los nodos son genes y las aristas indican las infecciones. La existencia de una componente gigante muestra que si la probabilidad de transmisión de la enfermedad se hace lo suficientemente grande, casi todo el mundo estará expuesto. De manera menos obvia, implica que hay un límite muy marcado bajo el cual la infección permanece en numerosas pequeñas «piscinas» aisladas las unas de las otras y en el cual todo el mundo está expuesto.

Otra aproximación, presentada por el físico japonés Yoshiki Kuramoto, analiza la dinámica de redes en la cual el efecto de cada nodo en aquellos a los que está unido es pequeño.⁹⁰ Por ejemplo, piensa en una epidemia que es raramente infecciosa. Con estas suposiciones, se pueden hacer predicciones cuantitativas útiles sobre el comportamiento de la red y su estabilidad. Más recientemente, las teorías han sido diseñadas para incorporar conexiones más fuertes y comportamientos más exóticos, incluyendo caos dinámico.

En 1996 Joanne Collier, Nicholas Monk, Philip Maini y Julian Lewis, un grupo de biólogos matemáticos de la Universidad de Oxford, usaron un modelo matemático para investigar un misterioso proceso de formación de patrones que había sido observado en

⁹⁰ Y. Kuramoto, *Chemical Oscillations, Waves, and Turbulence*, Springer, Nueva York (1984).

insectos, nematodos, pollos y ranas.⁹¹ Las células pueden diferenciarse bajo la influencia de genes de control y señales apropiados, es decir, las células, que originariamente tenían el potencial de transformarse en varios tipos de células diferentes, escogen un tipo y se transforman en ese. Es como si las señales genéticas determinasen el destino de las células y de hecho es el término que los biólogos con frecuencia usan. En algunos tejidos en desarrollo, una masa de células idénticas de algún modo se diferencia en muchos tipos. Una colección aparentemente aleatoria de células termina con un destino, mientras las células que están a su lado tienen un destino diferente. Los tipos de células resultantes (puede que haya más de dos) están muy mezclados.

El mecanismo que hay tras este proceso parece haberse desarrollado en un primer momento y está muy bien conservado, a pesar de los efectos de la selección natural, no ha sufrido grandes cambios durante muchos cientos de millones de años. Esto implica que debe haber sido biológicamente tan significativo que cualquier mutación en el código del ADN asociado fue eliminada, de modo que se conserva realmente debido a la selección natural.

A simple vista, esta profunda mezcla de destinos parece misteriosa, pero hay un modo relativamente fácil de lograrla: ordenar a cada célula «sé diferente a tus vecinos». Este mecanismo es conocido como inhibición lateral. Un ejemplo es el sistema nervioso. Como las células nerviosas forman redes de conexiones largas y finas, y su

⁹¹ J.R. Collier, N.A.M. Monk, P.K. Maini y J.H. Lewis, «Pattern formation by lateral inhibition with feedback: a mathematical model of Delta-Notch intercellular signaling», *Journal of Theoretical Biology* 183 (1996), 429-446.

capacidad para funcionar depende de esta geometría, no es una buena idea para las vecinas cercanas de las células nerviosas convertirse también en células nerviosas. Los experimentos apoyan la noción de que cuando una célula se desarrolla como una célula nerviosa, envía señales a las células que tiene cerca diciéndoles que no hagan lo mismo.

A veces puedes encontrar los genes responsables: si experimentan una mutación, el proceso va mal y el patrón mixto fracasa en su desarrollo. Tales observaciones han sido registradas en el organismo favorito de los especialistas en genética: la mosca de la fruta *Drosophila*. Pero incluso si el gen responsable para la inhibición lateral se conoce, queda un enigma más: qué célula inicia el proceso. Para inhibir a una célula vecina, una célula debe ya estar activamente diferenciada. ¿Está el punto de inicio también determinado por algún gen, o puede la inhibición lateral sola producir la mezcla de tipos de células necesaria? Este es el problema que los cuatro biólogos matemáticos abordaron.

Los experimentos muestran que el principal gen responsable para la inhibición lateral es conocido como Notch y actúa sincronizado con otro gen, Delta, que desencadena la formación de neuronas. Ambos generan señales moleculares en forma de proteínas que pueden pasar de una célula a otra. Así que el modelo matemático necesita tener en cuenta estos genes y cómo interactúan y se transmiten de célula en célula. Los investigadores observaron dos disposiciones espaciales de células: una línea de células adyacentes y un plano cubierto por una formación hexagonal, como un panal (véase la

figura 68). Ambas disposiciones están idealizadas cuando se comparan con los tejidos reales, pero captan las características principales del sistema de un modo simple. Ambas son redes: coloca un punto en cada célula y dibuja una arista desde esa célula a sus vecinas más inmediatas.

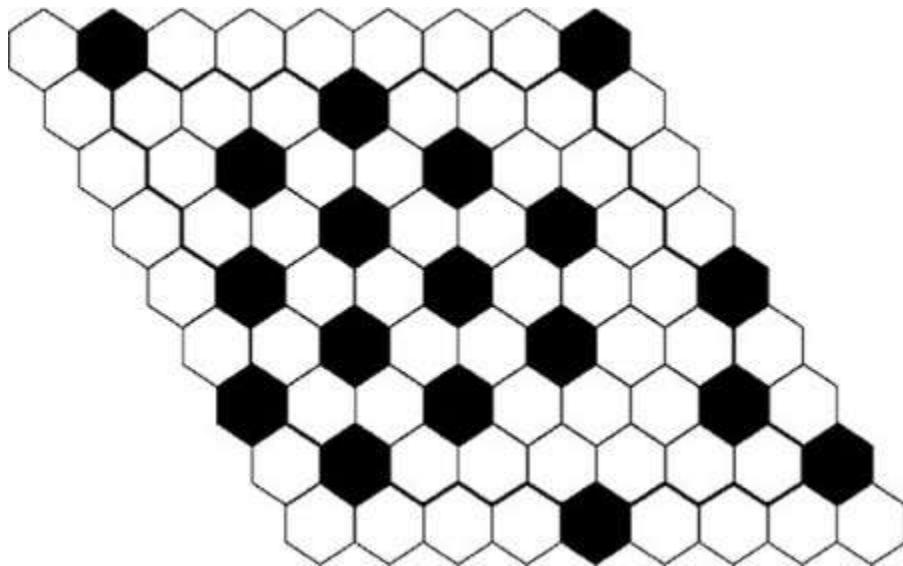


Figura 68. Patrón de células de destino primario (negro: alta actividad de Notch) y células de destino secundario (blanco: baja actividad de Notch) en un entramado hexagonal.

El equipo elaboró ecuaciones apropiadas y usó un ordenador para resolverlas numéricamente. Los resultados confirmaron que si hay una retroalimentación lo suficientemente fuerte en el sistema, entonces las minúsculas diferencias iniciales entre células vecinas se ampliarán automáticamente. De hecho, este es otro ejemplo de ruptura de simetría, análogo al modo en que ligeras variaciones en la altura de un desierto plano se amplían debido al viento y crean

dunas enormes. En este caso es un patrón de actividad genética: las células con altos niveles de actividad Delta y bajos niveles de activación Notch se dispersan entre las células con niveles bajos de actividad Delta y altos niveles de activación Notch. Estos representan dos destinos distintos de la matriz homogénea de células original.

Las simulaciones con frecuencia llevan a patrones irregulares, pero en todos los casos las irregularidades adquieren la forma de dos células adyacentes con altos niveles de actividad Notch. Dos células vecinas con bajos niveles de actividad Notch no se dan nunca. Los experimentos muestran el mismo efecto: la inhibición lateral provoca que células de destino primario se separen por al menos una célula de destino secundario, pero las células con destino celular secundario pueden ser adyacentes la una a la otra.

La principal conclusión responde a la pregunta planteada con anterioridad: no es necesario especificar la célula que inicia el patrón. En su lugar, fluctuaciones aleatorias amplificarán algunas diferencias iniciales minúsculas, produciendo patrones a gran escala. De manera similar, a un desierto no hay que decirle qué grano de arena desencadenará la formación de las dunas.

Capítulo 16

La paradoja del plancton

Las capas más altas de los océanos de la Tierra son abundantes en plancton, organismos que van desde criaturas microscópicas hasta pequeñas medusas. Muchos son las larvas de adultos mucho más grandes. Todos ocupan el mismo tipo de hábitat y compiten por más o menos los mismos recursos, que es por lo que están todos catalogados juntos bajo un único nombre general. Sin embargo, hay un principio biológico que viene de antiguo, introducido en 1932 por el biólogo ruso Georgui Gause: el principio de exclusión competitiva. Este afirma que el número de especies en cualquier entorno debería ser no más que el número de «nichos» (modos de ganarse la vida) disponibles. El razonamiento es que si dos especies compiten por el mismo nicho, entonces la selección natural implica que una de ellas ganará.

Esta es la paradoja del plancton: los nichos son pocos, aunque la diversidad es enorme.

La paradoja es un problema en ecología: el estudio de sistemas de organismos coexistiendo. Aunque con frecuencia es conveniente para los biólogos estudiar un organismo dado aislado, como si nada más existiese, el mundo real no es así. Los organismos están rodeados, y a menudo habitados, por otros organismos. El cuerpo humano contiene más bacterias (bacterias útiles, vitales para funciones como la digestión) que células humanas. Los conejos coexisten con zorros, búhos y plantas. Estas criaturas interactúan

unas con otras, a menudo de manera muy directa: los conejos comen plantas, mientras que los zorros y los búhos comen conejos. También se dan interacciones indirectas: los búhos no comen zorros (excepto, quizá, los que son muy jóvenes), pero comen los conejos que el zorro está esperando que sean su próxima comida. De modo que la presencia de búhos tiene un efecto indirecto en la población de zorros.

En 1930, el botánico británico Roy Clapham reconoció la naturaleza interrelacionada de los seres vivos acuñando la palabra «ecosistema». Esto se refiere a cualquier entorno relativamente bien definido más las criaturas que habitan en él. Un bosque y un arrecife de coral son ambos ecosistemas. En cierto sentido, todo el planeta es un ecosistema: esta es la esencia de la famosa hipótesis de Gaia de James Lovelock, a menudo formulada como «la Tierra es un organismo vivo». En los últimos años se ha reconocido que si queremos garantizar que la salud del ecosistema global, y de sus subsistemas más importantes, continúe, necesitamos entender cómo funcionan los ecosistemas. ¿Qué los hace estables? ¿Qué factores crean y destruyen la diversidad? ¿Cómo podemos explotar los océanos sin hacer que ninguna especie de peces se extinga? ¿Qué efecto tienen los pesticidas y herbicidas, no solo en sus objetivos, sino en todo lo que les rodea? Y así nació una nueva rama de la ciencia: la ecología, el estudio de los ecosistemas.

Una rama de la biología aparentemente diferente, pero muy relacionada, es la epidemiología, el estudio de las enfermedades. Se puede seguir el rastro de la materia hasta remontarnos a

Hipócrates, quien se dio cuenta de que había algún tipo de conexión entre las enfermedades y el entorno. Introdujo los términos «endémico» y «epidémico» para distinguir enfermedades que circulaban dentro de una población y las que venían de fuera. Ejemplos modernos en el Reino Unido son la varicela y la gripe, respectivamente. La epidemiología es similar a la ecología porque también trata con poblaciones de organismos dentro de un entorno. Sin embargo, los organismos, en este caso, son microorganismos tales como virus y bacterias, y el entorno es a menudo el cuerpo humano. Las dos materias empiezan a solaparse cuando la transmisión de una persona a otra entra en juego, porque ahora tenemos que considerar poblaciones de gente tanto como poblaciones de organismos de las enfermedades. Entonces, no es una gran sorpresa encontrar que se plantean modelos matemáticos parecidos en ambas materias, lo que es una razón para tratarlas como variaciones del mismo tema general.

* * * *

Un problema básico en ambas áreas es comprender cómo poblaciones de organismos cambian con el tiempo. En muchas partes del planeta encontramos altibajos. Cuando una población de, por ejemplo, alcatraces crece rápidamente, sobrepasa el suministro de alimento disponible y se va a pique, luego se repite el mismo proceso. El ciclo resultante no necesita repetir exactamente los mismos números, pero repite la misma secuencia de eventos. Este rincón de la ecología es conocido como dinámica de poblaciones.

El primer modelo matemático de crecimiento de una población parece ser el famoso problema de Leonardo de Pisa de 1202, mencionado en el capítulo 4 en conexión con la aritmética de las plantas. Empieza con una pareja de conejos jóvenes. Después de una estación, cada pareja joven se convierte en una pareja adulta y cada pareja adulta engendra una pareja joven (véase la figura 69). Si ningún conejo muere, ¿cómo crece la población? Leonardo, normalmente conocido por su sobrenombre Fibonacci (hijo de Bonaccio), demostró que el número de parejas sigue el siguiente patrón:

$$1, 1, 2, 3, 5, 8, 13, 21, 34, 55, 89, 144, 233, 377$$

en el que cada número, tras los dos primeros, es la suma de los dos números que lo preceden. Como vimos, estos números se conocen como los números de Fibonacci. Tienen muchas características interesantes, por ejemplo, el enésimo número de Fibonacci está muy cerca de $0,7246 \times 1,618^n$.⁹² De modo que el pequeño enigma de Fibonacci predice un crecimiento exponencial: a medida que avanzamos más y más en la secuencia, encontramos que cada número sucesivo es (muy próximo a) el anterior multiplicado por una cantidad constante, en este caso 1,618.

⁹² En concreto, es el entero más cercano a $\frac{1}{10} (5 + \sqrt{5})\varphi^n$, donde φ es el número áureo

$$\frac{1}{2} (1 + \sqrt{5}) \approx 1,618034$$

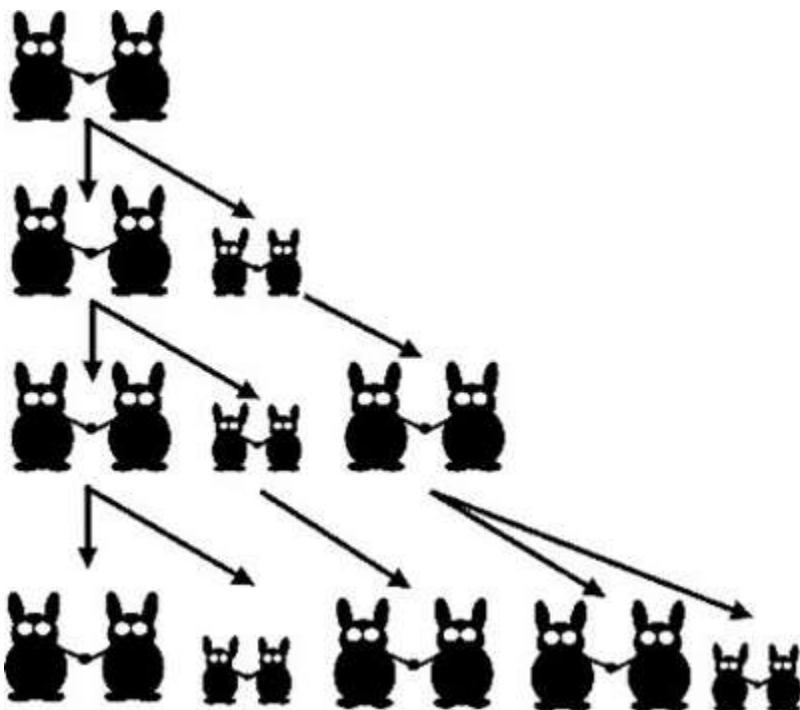


Figura 69. Las primeras generaciones en el modelo de conejos de Fibonacci.

El modelo, por supuesto, no es realista y no tenía intención de serlo. Asume que los conejos son inmortales, que las reglas de nacimiento de nuevos conejos son universalmente obedecidas, y mucho más. Fibonacci no pretendía decirnos nada sobre conejos, es solo un problema numérico chulo en su libro de texto de aritmética. Sin embargo, generalizaciones modernas, conocidas como modelos de Leslie, son más realistas; incluyen estructuras de mortalidad y edad, y tienen aplicaciones prácticas a poblaciones reales. Más sobre estos modelos en breve.

Para poblaciones grandes, es común emplear un modelo continuo o de suavizado, en el cual la población esté representada como una proporción de alguna población máxima hipotética, que significa

que puede pensarse como un número real. Por ejemplo, si la población máxima es 1.000.000 y el número real de animales es 633.241, entonces la proporción es 0,633241, y la naturaleza discreta de la población es visible solo en la séptima posición decimal, es decir, todos los dígitos a partir de ese punto son cero, mientras que en un continuo verdadero, podrían tomar cualquier valor.

Uno de los modelos más simples del crecimiento de una especie de organismos es la ecuación logística.⁹³² Esto plantea en fórmulas matemáticas que la tasa de crecimiento de la población es proporcional al número de animales sujeto a un punto límite a medida que el número se aproxima a la capacidad de carga del medio ambiente, un límite superior teórico del tamaño de una población sostenible. La solución se conoce como curva logística o sigmoide (con forma de S) y se puede describir por una fórmula matemática explícita. La población empieza cerca de cero. Al principio crece casi exponencialmente, pero luego la tasa de crecimiento empieza a estabilizarse. La tasa de incremento de la población alcanza su mayor valor y luego empieza a decrecer. Finalmente, el tamaño de la población se estabiliza en un valor que

⁹³ La ecuación es:

$$\frac{dN}{dt} = rN \left(1 - \frac{N}{K}\right)$$

Donde r y N son constantes, aquí podemos interpretar r como la tasa de crecimiento sin restricciones y K es el tamaño máximo de la población. La tasa de crecimiento real en una población N es $r(1 - N/K)$, que depende de N . Dicha razón de crecimiento se dice que es dependiente de la densidad.

Con condiciones iniciales $N(0) = N_0$, la ecuación logística puede resolverse explícitamente por métodos estándar y la solución es:

$$N(t) = \frac{KN_0 e^{rt}}{K + N_0 (e^{rt} - 1)}$$

Donde N_0 es la población inicial.

está aún más cerca, pero nunca lo alcanza, de la capacidad de carga. La tasa de crecimiento máxima se da cuando la población es exactamente la mitad de la capacidad de carga.

Si una población de animales obedece la ecuación logística, puedes observar cuándo la tasa de crecimiento alcanza su máximo, y eso te permite predecir que su tamaño final será dos veces mayor. La figura 70 es un ejemplo clásico, sacado de *The Struggle for Existence (La lucha por la existencia)* de Gause. Muestra las curvas de crecimiento de dos especies de levadura, *Saccharomyces* y *Schizosaccharomyces*, obtenidas tras 111 experimentos. También muestra el patrón de crecimiento cuando las dos especies coexisten.

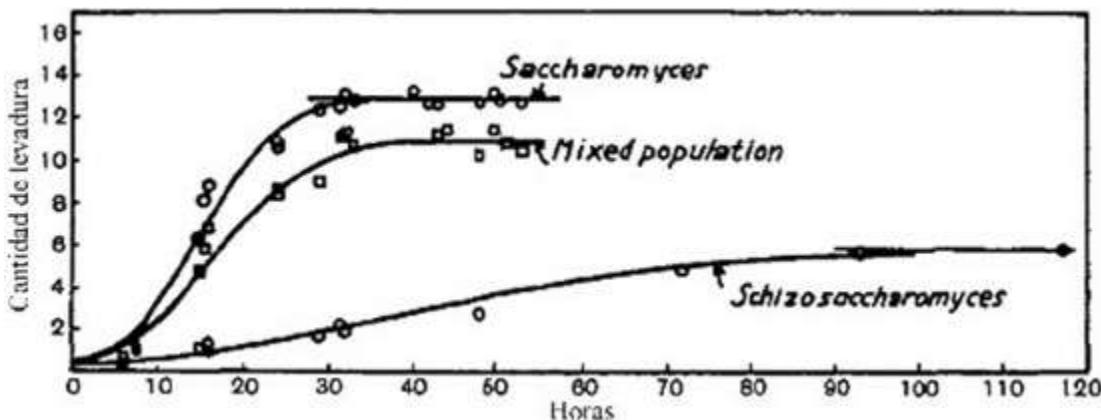


Figura 70. Observaciones del crecimiento de levaduras de Gause.

Los patrones de crecimiento logístico no son realistas en muchas circunstancias, y se han diseñado muchos otros modelos de crecimiento de población. Los principios subyacentes en estos modelos son relativamente simples: en cualquier instante dado, la

población total en el futuro inmediato deberá ser la población actual, más el número de nacimientos, menos el número de muertes.

Los modelos de Leslie, las generalizaciones más realistas de los conejos de Fibonacci, proporcionan un ejemplo simple de cómo se pueden implementar estos principios. Deben su nombre a Patrick Leslie, el ecólogo de animales que lo desarrolló a finales de la década de los cuarenta del siglo XX. Los modelos se basan en una tabla numérica llamada la matriz de Leslie. Un ejemplo sencillo recoge las ideas básicas y los modelos prácticos son versiones más elaboradas de lo mismo.

Supongamos que modificamos la configuración de Fibonacci para permitir tres clases de edades de (parejas de) conejos: jóvenes, adultos y ancianos. Dejamos pasar el tiempo en pasos discretos: 1, 2, 3 y así sucesivamente, y asumimos que en cada paso las parejas jóvenes se hacen adultas, las adultas se hacen ancianas y las ancianas se mueren. Adicionalmente, cada pareja adulta engendra, de media, cierto número de parejas jóvenes (que podría ser una fracción porque estamos trabajando con la media). Llamamos a esto la tasa de natalidad y asumimos para este ejemplo que esta es 0,5. Las parejas jóvenes y ancianas no tienen crías.

El estado de la población en cualquier etapa de tiempo dada está determinado por tres números: cuántas parejas jóvenes, adultas y ancianas hay. Además en la siguiente etapa:

- El número de parejas jóvenes es igual al número anterior de parejas de adultos multiplicado por la tasa de natalidad.

- El número de parejas adultas es igual al número anterior de parejas jóvenes.
- El número de parejas ancianas es igual al número anterior de parejas adultas.

Estas reglas pueden convertirse en una tabla de números, que en este caso, tiene el siguiente aspecto:

$$\begin{pmatrix} 0 & 0,5 & 0 \\ 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix}$$

Esta tabla se llama matriz de Leslie y muestra cómo las tres clases de edades incluidas en el modelo cambian en cada nueva etapa. De izquierda a derecha y de arriba abajo, las clases de edades son jóvenes, adultos, ancianos. La entrada en una fila y una columna dadas nos dice qué proporciones de parejas en esa columna se convierten en, o engendran, una pareja cuya clase de edad corresponde a la fila escogida. Por ejemplo, la fila de arriba (0, 0,5, 0) dice que obtenemos 0 parejas jóvenes de cada pareja joven, 0,5 parejas jóvenes de cada pareja adulta y 0 parejas jóvenes de cada pareja anciana.

La matriz de Leslie codifica las reglas para todas las transiciones entre clases de edad, lo cual puede ser más complicado que el ejemplo que he escogido. Por ejemplo, podría haber diez clases de edad y la mayoría de ellas tendrían varias tasas de nacimiento

distintas de cero. La fila superior sería una secuencia más larga de números concretos, normalmente diferentes. Entonces, una fórmula que incorpora esta matriz puede usarse para calcular cómo los números de parejas en tres clases de edad cambian a lo largo del tiempo.

Un análisis teórico de esta fórmula revela que, para cualquier modelo de este tipo, hay una estructura de edades «estable» y una tasa de crecimiento general, y que casi cualquier elección inicial de números para varias clases de edad acaba pareciendo este estado estable.

Para la matriz del ejemplo que elegí, la estructura de edades estable es aproximadamente 23% de jóvenes, 32% de adultos y 45% de ancianos. La población total desciende un 29% en cada etapa (lo que refleja la baja tasa de natalidad de 0,5, bajo el nivel de reemplazamiento). De modo que esta población de conejos finalmente desaparecerá en vez de dispararse como los conejos de Fibonacci.

Si en el ejemplo la tasa de natalidad fuese 1, la población se aproximaría a un tamaño fijo; si la tasa de natalidad fuese mayor que 1, la población se dispararía. Esta pequeña transición en la tasa de natalidad 1 se da porque solo los adultos tienen crías. Con más clases de edad, hay varias tasas de natalidad y el cambio de desaparecer a dispararse es más complicado.

* * * *

Una aplicación importante de dicho modelo es el crecimiento de la población humana, actualmente estimado en poco menos de siete

mil millones. Son necesarios modelos muy sofisticados para predecir el crecimiento futuro, porque este depende de la distribución de edades, los cambios sociales, inmigración y muchos otros factores sociales y políticos. Pero todos los modelos deben obedecer la ley básica de conservación de gente: pueden crearse personas a través de nacimientos, pueden destruirse por la muerte y pueden moverse de una nación a otra, pero no pueden (salvo los astronautas) desvanecerse en el aire.

Esta ley puede fácilmente convertirse en ecuaciones matemáticas, pero la forma de las ecuaciones depende de la tasa de natalidad y la tasa de mortalidad, y cómo estas cambian cuando la población cambia. Los modelos de Leslie usan tasas de natalidad constantes para cada clase de edad y dividen la población en un número fijo de clases de edad. Otros modelos reemplazan estas suposiciones por otras más realistas; por ejemplo, la tasa de natalidad depende del tamaño total de la población o la gente puede permanecer en una clase de edad determinada durante un cierto tiempo antes de moverse a la siguiente.

Un buen modelo requiere fórmulas realistas para todas las tasas de natalidad y mortalidad. Esto se puede obtener si se dispone de buenos datos, pero para la población mundial datos precisos existen solo desde 1950 hasta el presente. Este es un período de tiempo muy corto para determinar, con cierta seguridad, la forma específica que deben adoptar las ecuaciones, de manera que los expertos hacen conjeturas bien fundadas y escogen lo que parece más razonable. No sorprende que expertos diferentes prefieran modelos

diferentes. Algunos usan modelos deterministas, otros usan modelos estadísticos. Algunos combinan los dos. Algunos son ortodoxos, otros no.

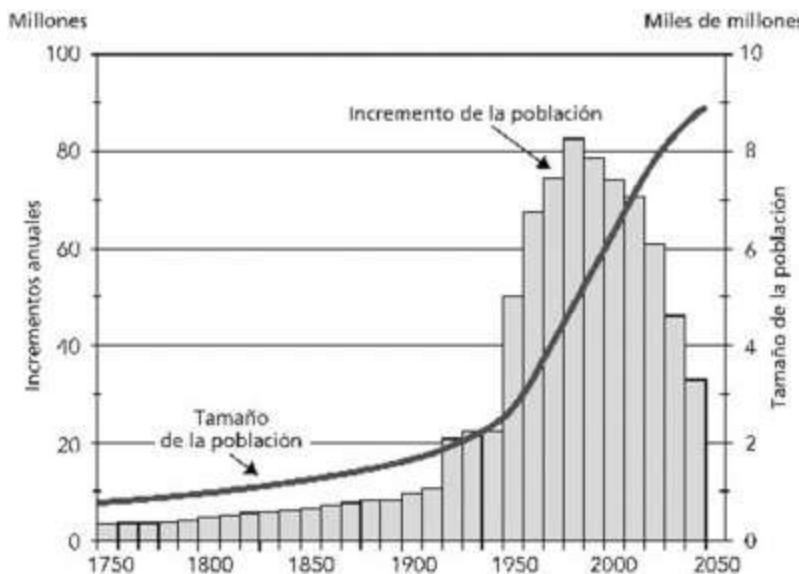


Figura 71. Crecimiento de la población mundial a largo plazo, 1750-2050 (predicciones después de 2010). La curva muestra el tamaño de la población, las barras muestran el incremento del tamaño en intervalos de 2,5 años.

En consecuencia, hay un gran desacuerdo sobre cuándo la población de la Tierra llegará a su máximo y lo grande que será cuando lo haga. El rango de predicciones va desde 7,5 mil millones a 14 mil millones. La figura muestra el crecimiento desde 1750, con una pequeña predicción en la mitad de ese rango. Las pruebas sugieren que la tasa de crecimiento ha sido bastante constante desde 1970, cuando la población alcanzó los cuatro mil millones, de modo que no hay evidencias claras de que la tasa de crecimiento

esté ralentizándose, por no hablar de si se estabilizará o empezará a decrecer. Sin embargo, la población mundial está generalmente expectante a alcanzar el máximo en algún momento dentro de los próximos ciento cincuenta años. Las principales razones para estas expectativas son sociales y culturales. Una importante es la «transición demográfica», en la que la mejora de la educación y el nivel de vida causa una aguda caída en el tamaño de las familias. Pero en muchos países esto se compensa con una subida en las expectativas de vida, provocada por las mejoras en medicina y el nivel de vida.

Es difícil incorporar estos efectos en los modelos de población porque dependen de los avances científicos, los cambios políticos y cambios culturales, y todos ellos son inherentemente impredecibles. Se usan con frecuencia métodos estadísticos, y como todas las estadísticas funcionan mejor para poblaciones grandes. De manera que, del mismo modo que resulta más fácil prever el clima global que predecir el tiempo local, es más fácil prever la tendencia general de la población global que predecir las poblaciones de cada nación. Pero incluso así, las incertidumbres son enormes.

* * * *

Los estados tradicionales vistos en sistemas dinámicos son estados estables (también llamados en equilibrio), donde nada cambia conforme el tiempo pasa, y estados periódicos, donde la misma secuencia de eventos se repite una y otra vez. Una roca está en un estado estable si no se está moviendo e ignoramos la erosión. El ciclo de las estaciones es periódico, con periodicidad anual. Pero en

la década de los sesenta del siglo XX, los matemáticos se dieron cuenta de que la tradición había dado paso totalmente a otro tipo de comportamiento más enigmático: el caos. Este es un comportamiento tan irregular que podría aparecer aleatoriamente, pero también surge en modelos sin características aleatorias explícitas, donde el presente determina completamente el futuro. Dichos modelos incluyen a todos los sistemas dinámicos.

Al principio a muchos científicos el caos les inspiraba desconfianza, probablemente porque pensaban que un comportamiento tan extravagante no tenía lugar en la naturaleza. Pero el caos es totalmente natural; surge siempre que la dinámica de un sistema se revuelve, algo así como el amasar pasta mezcla los ingredientes. Una consecuencia es el «efecto mariposa», que originariamente surgió en la predicción del tiempo. En principio, y en un sentido muy específico, el aleteo de una mariposa puede cambiar el patrón del tiempo global. Más prosaicamente, aunque el futuro de un sistema esté completamente determinado por su presente, esto requiere conocer el presente con exactitud infinita. En la práctica, errores de medida minúsculos determinando el estado presente crecen rápidamente, haciendo el futuro impredecible más allá de algún «horizonte de predicciones».

Tan pronto como las matemáticas empezaron a pensar en la dinámica geométricamente, el caos se hizo obvio. Solo parece descabellado si estás buscando soluciones que se puedan expresar por fórmulas claras y ordenadas. Y esas son raras.

De hecho, fue el pensamiento geométrico (sobre la estabilidad del Sistema Solar) lo que llevó al matemático francés Henri Poincaré a descubrir el caos en 1895. Unos pocos desarrollos esporádicos se dieron durante la primera mitad del siglo XX, pero todo se aunó en la década de los sesenta cuando Stephen Smale y Vladimir Arnold desarrollaron una aproximación topológica sistemática a la dinámica. En 1975, en un artículo de investigación en *Nature*, Robert May atrajo la atención de la comunidad científica, y de los ecologistas en particular, sobre estos nuevos descubrimientos.⁹⁴ Su mensaje principal era que dinámicas complejas podían surgir en modelos de crecimiento de población muy simples. Causas sencillas pueden tener resultados complejos; y al revés, resultados complejos no necesitan tener causas complejas.

Su principal ejemplo, seleccionado por su simplicidad como una introducción a este fenómeno, fue una variante del modelo logístico en el que el tiempo pasa en cantidades discretas: 1, 2, 3, y así sucesivamente. Esta suposición es natural cuando se estudian generaciones sucesivas de una población, en vez de su evolución a cada momento. «Uno de los sistemas más simples que un ecólogo puede estudiar», escribió May,

es una población que se reproduce según la estación en la que las generaciones no se sobreponen. Muchas poblaciones naturales, particularmente entre insectos de zonas templadas (incluyendo muchas plagas importantes de cosechas y

⁹⁴ M. May, «Simple mathematical models with very complicated dynamics», *Nature* 261 (1976), 459-467.

plantaciones) son de este tipo. Los teóricos buscan entender cómo las magnitudes de la población en la generación $t + 1$, X_{t+1} están relacionadas con la magnitud de la población de la generación anterior t , X_t .

Como un ejemplo concreto, cita la ecuación:

$$X_{t+1} = X_t(a - bX_t)$$

La población inicial es escribe como X_0 , y luego se usa la fórmula para deducir los valores de X_1 , X_2 , X_3 , etcétera, con valores de t sucesivos 0, 1, 2, 3... En este caso a y b son parámetros constantes y ajustables cuyos valores podrían cambiar la dinámica. Por ejemplo, cuando b es cero, la ecuación describe un crecimiento exponencial, muy similar al modelo de los conejos de Fibonacci, excepto que ahora hay solo una generación. Pero cuando b se hace más grande, el crecimiento de población se restringe, modelando sus limitaciones según los recursos. Un truco matemático⁹⁵ simplifica la ecuación a:

$$X_{t-1} = aX_t(1-X_t)$$

que tiene un único parámetro, a , y esta es la forma normalmente estudiada por los matemáticos.

⁹⁵ El truco es cambiar la escala de X_t a bX_t/a .

El comportamiento de esta ecuación depende del parámetro, a , que tiene que encontrarse entre 0 y 4 para mantener X_t entre 0 y 1. Cuando a es pequeño, la población converge a un estado estable. A medida que incrementa, aparecen oscilaciones, inicialmente alternando entre dos valores distintos, luego 4, luego 8, luego 16 y así sucesivamente. Cuando $a = 3,8495$, las oscilaciones regulares cesan y el sistema se comporta caóticamente. Entonces predomina el caos, pero hay pequeños intervalos de a que llevan a un comportamiento regular (véase la figura 72).

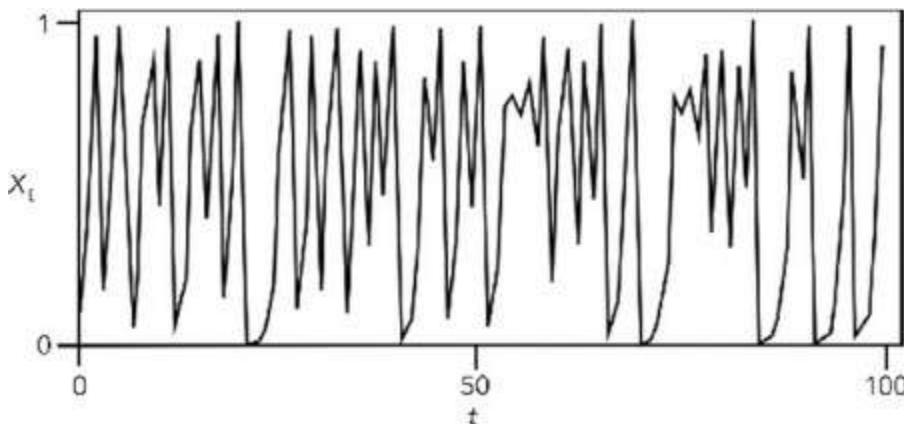


Figura 72. Comportamiento caótico en el modelo logístico discreto cuando $a = 1/4$.

Aunque este modelo es demasiado sencillo para ser realista, no hay razón por la que modelos más complejos no deberían comportarse de manera parecida, y hay muchas pruebas de que con frecuencia lo hacen. De manera que cambios imprevisibles en poblaciones naturales, anteriormente atribuidos a irregularidades en el entorno tales como cambios de las condiciones climáticas, pueden en

realidad generarse por la dinámica suave e ininterrumpida de la propia población. May acabó su artículo con una llamada para que dichos ejemplos sean ampliamente enseñados en las escuelas, para evitar que la gente asuma que resultados irregulares tienen necesariamente causas irregulares.

* * * *

Todo eso está muy bien, pero ¿hay caos en las poblaciones reales? En su hábitat natural, es difícil separar la dinámica propia de una población de las variaciones en el entorno que siempre se dan en la naturaleza, de modo que la existencia del caos ha sido polémica. La mayoría de los datos que los zoólogos y entomólogos han recogido a lo largo de los años en poblaciones de animales e insectos rara vez son lo suficientemente extensas como para distinguir caos verdadero de aleatoriedad. Las ciencias físicas esquivan dichos problemas realizando experimentos controlados en el laboratorio, pero incluso en el laboratorio es difícil controlar el gran número de variables externas que podrían afectar a los resultados experimentales en ecología. Sin embargo, no es imposible.

En 1995, James Cushing y sus colegas de la Universidad de Arizona empezaron una serie de experimentos que demuestran la existencia de caos en poblaciones de *Tribolium castaneum*, conocido como escarabajo castaño de la harina porque infesta las reservas de grano molido. Su modelo teórico tiene tres variables: el número de larvas que hay que alimentar, el número de larvas que no hay que alimentar (más pupas y adultos que acaban de salir a la luz) y el

número de adultos maduros.⁹⁶ El escarabajo castaño de la harina y su larva se satisfacen con canibalismo de huevos: comen huevos de escarabajos de la misma especie, incluyendo los suyos propios. Este comportamiento se incorpora a las ecuaciones del modelo.

Algunos de los experimentos se realizaron bajo condiciones especialmente controladas: los escarabajos se añadían o sustraían de la población para imitar tasas de mortalidad observadas en su hábitat natural. Otros experimentos no se manipulaban de esta manera. Para evitar cambios genéticos, la población de adultos se reponía de vez en cuando de otros cultivos, mantenidos bajo estrictas condiciones de laboratorio.

Estos experimentos mostraron el comienzo esperado de las oscilaciones, pero no caos. Sin embargo, el modelo teórico puede ser caótico y el sistema experimental estaba bastante cerca del rango de variables en las cuales el caos se da en el modelo. Cambiando el protocolo para imitar tasas de mortalidad más altas que las que habría normalmente en su hábitat natural, el mismo equipo se las arregló para llevar a la población de escarabajos a fluctuaciones caóticas.⁹⁷ Este segundo artículo concluye:

⁹⁶ El modelo es:

$$\begin{aligned} L_{t+1} &= bA_t \exp(-c_{ca}A_t - c_{cl}L_t) \\ P_{t+1} &= L_t(1 - \mu_1) \\ A_{t+1} &= P_t \exp(-c_{pa}A_t) + A_t(1 - \mu_2) \end{aligned}$$

⁹⁷ Período-2: R.F. Costantino, J.M. Cushing, B. Dennis y R.A. Desharnais, «Experimentally induced transitions in the dynamic behavior of insect populations», *Nature* 375 (1995), 227-230; Caos: R.F. Costantino, R.A. Desharnais, J.M. Cushing y B. Dennis, «Chaotic dynamics in an insect population», *Science* 275 (1997), 389-391.

La confirmación experimental de fenómenos no lineales en la dinámica del escarabajo del laboratorio da crédito a la hipótesis de que las fluctuaciones en poblaciones naturales podrían con frecuencia ser dinámicas complejas de una dimensión baja producida por retroalimentación no lineal. En nuestro estudio, la dinámica compleja se obtuvo por la «cosecha» de escarabajos para manipular tasas de mortalidad adulta y reclutamiento. Para la ecología aplicada, el experimento sugiere adoptar una aproximación cautelosa a la gestión o control de poblaciones naturales, basada en un sólido entendimiento científico. En un sistema de población dinámico mal entendido, la intervención humana... podría llevar a resultados inesperados y no deseados.

El caos también resuelve la paradoja del plancton. La paradoja es una violación del principio de exclusión competitiva: hay muchas más especies de plancton que nichos ecológicos. El plancton no puede equivocarse, de modo que debe de haber más de las que en principio se piensa normalmente. La cuestión es: ¿cuáles?

Hay modelos ecológicos bien asentados que están de acuerdo con el principio de Gause. A la larga, encuentran el origen de la relación entre el número de especies y el número de nichos en una verdad matemática general: si tienes más ecuaciones para resolver que variables, no existe solución para el sistema. En términos generales, cada ecuación determina una relación entre las variables. Una vez tienes tantas relaciones como variables, puedes encontrar las soluciones. Cualquier ecuación extra es probable que contradiga las

soluciones que ya se han encontrado. En un caso sencillo, las ecuaciones $x + y = 3$, $x + 2y = 5$ se cumplen solo cuando $x = 1$, $y = 2$. Si añadimos otra ecuación más, como $2x + y = 3$, la solución no es válida. Solo cuando la ecuación extra no proporciona información nueva la solución original sobrevive.

El principio de exclusión competitiva a menudo funciona bien, y puesto que las matemáticas lo apoyan, los ecologistas tienen un enigma en sus manos.

Parte de la respuesta es que las zonas altas del los océanos terrestres son vastas y el plancton no está uniformemente mezclado. Pero ahora parece como si pudiera haber una explicación mejor de la paradoja del plancton. El modelo matemático estándar hace una suposición restrictiva: busca soluciones de estado estable para las ecuaciones relevantes. Se asume que las poblaciones de organismos en las especies a las que nos referimos permanecen constantes a lo largo del tiempo, que no pueden fluctuar.

Esta suposición realmente se toma la metáfora del «equilibrio natural» para un ecosistema demasiado en serio. Los ecosistemas reales, si van a sobrevivir por mucho tiempo, tienen que ser estables. Si las poblaciones de varios organismos fluctúan salvajemente, algunos podrían extinguirse y eso cambia la dinámica del ecosistema. Sin embargo, la estabilidad no necesita exigir a todo el sistema que permanezca exactamente en el mismo estado para siempre, lo mismo que una economía estable no es una en la cual todo el mundo tiene siempre exactamente la misma cantidad de dinero que el que tenía ayer. La característica crucial de la

estabilidad es que las fluctuaciones en poblaciones deben permanecer dentro de unos límites bastante ajustados.

La dinámica del caos hace precisamente eso. Muestra fluctuaciones erráticas, pero el tamaño y el tipo de esas fluctuaciones está determinado por un atractor: una colección concreta de estados que limitan el sistema. Pueden dar vueltas dentro del atractor, pero no pueden escapar. En 1999, los biólogos holandeses Jef Huisman y Franz Weissing demostraron que una versión dinámica del modelo estándar de competición por los recursos puede producir oscilaciones regulares y caos si las especies están compitiendo por tres o más recursos.⁹⁸ En otras palabras, tan pronto como se le permita al sistema quedarse sin equilibrio, los mismos recursos pueden permitir una cantidad mucho más grande de diversidad entre los organismos que los están usando. En términos generales, las fluctuaciones dinámicas permiten a especies diferentes utilizar los mismos recursos en tiempos diferentes, de modo que evitan la competición directa, no porque una de ellas gane y acabe con las otras, sino porque acceden por turnos al mismo recurso.

Los mismos investigadores, y no solo ellos, han desarrollado desde entonces estas ideas en una amplia gama de modelos, y las predicciones resultantes están a menudo en concordancia con los datos de las comunidades reales de plancton. En 2008, el equipo de Huisman presentó un informe sobre un estudio experimental de una red trófica aislada de la natural en el Mar Báltico; el estudio

⁹⁸ J. Huisman y F.J. Weissing, «Biodiversity of plankton by species oscillations and chaos», *Nature* 402 (1999), 407-410.

implicaba bacterias, fitoplancton y organismos del plancton tanto herbívoros como depredadores.⁹⁹ Sus observaciones se llevaron a cabo en un período de seis años en un laboratorio. Las condiciones externas se mantenían exactamente iguales desde el principio al fin, pero las poblaciones de las especies que nos ocupan fluctuaban significativamente, con frecuencias por un factor de 100 o más. Las técnicas estándar para detectar caos dinámico revelaron sus signos característicos. Incluso se dio el efecto mariposa: el futuro del sistema fue predecible solo durante unas pocas semanas o un mes. Sus informes señalaban que «la estabilidad no es necesaria para la persistencia de redes tróficas complejas, y que las predicciones a largo plazo de la abundancia de especies pueden ser básicamente imposibles». Y hacen referencia a la propuesta original de May de que el caos podría ser muy importante para nuestra comprensión de los ecosistemas, una visión profética que ahora está rigurosamente confirmada.

* * * *

Las epidemias de enfermedades tienen lugar en tipos especiales de ecosistemas, involucrando tanto a los organismos que pasan a estar infectados como a los microorganismos (virus, bacterias, parásitos) que causan la enfermedad. Por lo tanto, técnicas de modelización similares, modificadas de la manera apropiada, pueden usarse tanto para ecosistemas como para epidemias.

⁹⁹ E. Benincà, J. Huisman, R. Heerkloss, K.D. Jöhnk, P. Branco, E.H. Van Nes, M. Scheffer y S.P. Ellner, «Chaos in a long-term experiment with a plankton community», *Nature* 451 (2008), 822-825.

En 2001, un matadero en Essex informó de que una remesa de cerdos estaba sufriendo la fiebre aftosa del ganado. La enfermedad se extendió rápidamente, y la Unión Europea prohibió de inmediato la exportación de cualquier tipo de ganado británico. En total, había dos mil brotes de la enfermedad en las granjas británicas, lo que llevó a sacrificar diez millones de ovejas y reses. El coste total fue de alrededor de ocho mil millones de libras y las noticias en los medios de comunicación mostraron montones de ganado muerto que se quemaba en los campos, una escena sacada del *Infierno* de Dante que no ayudó mucho a mantener la confianza del público. ¿Fue correcta la estrategia de detener cualquier movimiento animal dentro de Reino Unido y masacrar a todos los animales en toda granja infectada?

La fiebre aftosa del ganado está causada por (varias formas de) un virus que difícilmente afecta a los humanos, un picornavirus (véase la figura 27). Pero la alimentación es un tema muy sensible, de modo que no sería aceptable permitir que la enfermedad se extendiese. También causa daños en la producción de carne y de leche, causa un malestar grave en los animales y da lugar a prohibiciones de importación. Así que la respuesta estándar en todo el mundo es erradicarla. La vacunación podría convertirse en una alternativa viable y barata, pero incluso si la respuesta es sacrificar a los animales infectados, o aquellos que pronto podrían estarlo, se pueden contemplar muchas estrategias diferentes para el control de enfermedades.

Es por lo tanto importante decidir qué estrategia es la mejor. La modelización matemática del brote de 2001, después del suceso, sugiere que inicialmente la respuesta del gobierno de Reino Unido fue demasiado lenta, de modo que cuando la enfermedad ya estaba muy extendida, fue demasiado extrema. Solo un animal de cada cinco que se sacrificaron estaba infectado. Esta exageración podría haber sido el resultado de modelos matemáticos inadecuados y obsoletos sobre la propagación de epidemias.

Los modelos son el único modo de predecir la probable propagación de una epidemia y comparar posibles estrategias de control. No pueden prever a qué granjas afectará, pero pueden proporcionar una visión global de las tendencias generales, tales como la velocidad a la cual es probable que se propague la enfermedad. En el brote de 2001, se usaron tres modelos diferentes.¹⁰⁰ Cuando el brote empezó, el principal modelo disponible para DEFRA, el departamento del gobierno entonces responsable de la agricultura, era uno probabilístico llamado InterSpread. Este proporciona un modelo muy detallado, granja a granja si es necesario, e incluye varias rutas de transmisión de la enfermedad. Podría parecer que cuanto más realista es un modelo, mejor funcionará, pero irónicamente la complejidad de InterSpread es también su debilidad. Los cálculos requieren mucho tiempo, incluso con ordenadores potentes. Y ajustar el modelo a los datos reales requiere dar los valores de una cantidad de parámetros, de modo

¹⁰⁰ . M.J. Keeling, «Models of foot-and-mouth disease», *Proceedings of the Royal Society of London B* 272 (2005), 1195-1202.

que el modelo quizá sea excesivamente sensible a pequeños errores en las estimaciones de estos parámetros.

Un segundo modelo, el modelo Cambridge-Edinburgh, también puede representar la localización de todas las granjas, pero usa un mecanismo mucho más simple para modelizar la transmisión de enfermedades. Las granjas con la enfermedad son «contagiosas», aquellas que no están todavía infectadas pero puede que entrasen en contacto con las granjas infectadas son «susceptibles» y el modelo combina todas estas variables para dar con una medida global de la rapidez con la que es probable que cualquier granja dada infecte a otras. Este modelo pronostica la expansión geográfica de la enfermedad bastante bien, pero su interpretación es más pobre en lo que al tiempo se refiere, quizá porque asume que la enfermedad tarda el mismo tiempo en ponerse de manifiesto en todos los animales infectados, y todos los animales permanecen infectados durante el mismo período de tiempo. En realidad, estos tiempos varían de un animal a otro.

El tercer modelo, el modelo imperial, está basado en las ecuaciones tradicionales de propagación de epidemias y se creó durante la epidemia. Era menos realista que los otros dos, pero mucho más rápido de calcular, de manera que era más apropiado para seguir el progreso de la enfermedad en tiempo real. Predecía los cambios en el número de animales infectados, pero no las ubicaciones de los brotes.

Cada modelo resultó ser útil para cierto tipo de pronóstico y el análisis posterior sugiere que, en su conjunto, la estrategia de

matanza generalizada fue probablemente correcta. No habría sido factible determinar precisamente qué animales estaban infectados durante la rápida propagación de la enfermedad y cualquier animal infectado dejado vivo por error hubiera creado nuevos centros desde los que la enfermedad se podría haber propagado de nuevo, haciendo que las acciones previas fuesen inútiles. Pero el análisis también hizo evidente que la respuesta inicial fue demasiado lenta. Si se hubiesen puesto restricciones más estrictas sobre el transporte de los animales y los primeros casos se hubieran descubierto antes, entonces la enfermedad no habría tenido un impacto económico tan grande.

El segundo y el tercer modelo también indican que la vacunación probablemente no sea una estrategia de control efectiva una vez la enfermedad comienza a generalizarse, pero vacunar a todos los animales en un anillo rodeando una granja infectada podría limitar la propagación de la enfermedad si se hace desde un principio.

Estos tres modelos de epidemia de fiebre aftosa en ganado muestran cómo las matemáticas pueden ayudar a responder preguntas biológicas. Cada modelo era mucho más simple que cualquier escenario verdaderamente «realista». Los modelos no siempre estuvieron de acuerdo unos con otros y cada uno lo hizo mejor que los otros en las circunstancias adecuadas, de modo que un veredicto simple de su rendimiento sería que todos estaban equivocados.

Sin embargo, el modelo más realista fue el que más tiempo tardó en extraer algo que resultase útil de los datos del mundo real. Puesto

que el tiempo era uno de los factores clave, modelos más rudimentarios que dieron información útil rápidamente fueron de una utilidad práctica mayor que los modelos más refinados. Incluso en las ciencias físicas los modelos imitan la realidad, nunca la representan exactamente. Ni la relatividad ni la mecánica cuántica captan el universo con precisión, incluso así, estas son las dos teorías físicas con más éxito de todos los tiempos. No tiene sentido esperar que un modelo de un sistema biológico lo haga mejor. Lo que importa es si el modelo proporciona comprensión e información útil, y si es así, en qué circunstancias. Varios modelos diferentes, cada uno con sus puntos fuertes y sus puntos débiles, cada uno llevándose a cabo de la mejor manera posible en su propio contexto particular, cada uno proporcionando una parte importante de una imagen global, pueden ser superiores a las representaciones más exactas de la realidad, que es tan complicada de analizar y cuyos resultados no están disponibles cuando son necesarios.

La complejidad de los sistemas biológicos, a menudo presentada como un obstáculo insuperable para cualquier análisis matemático, realmente representa una oportunidad muy importante. Las matemáticas, usadas de manera adecuada, pueden hacer los problemas complejos más simples. Lo hacen tan solo centrándose en lo esencial, no reproduciendo fielmente todas las facetas del mundo real.

Capítulo 17

¿Qué es la vida?

La biología es el estudio de la vida, en todas sus formas, en este planeta.

Puesto que actualmente no sabemos de ningún otro lugar en el universo donde la vida exista, o solía existir, «en este planeta» quizá suena superfluo. Sin embargo, señala una laguna en nuestro conocimiento biológico actual, una laguna que estaría presente incluso si no hubiese vida en ningún otro lugar en el universo.

En su forma más poderosa, la laguna es la pregunta general: «¿qué es la vida?». ¿Debe toda vida en principio ser similar a las criaturas vivas de este planeta, construida a partir de la química del carbono, controlada por el ADN, compuesta de células... en resumen, justo como nosotros? ¿No hay alternativa, ni siquiera hipotéticamente? ¿O podrían las entidades que se reproducen, y son los suficientemente complejas y organizadas para calificarse como «vivas», estar hechas de diferentes materiales, organizarse de maneras diferentes? Yendo más allá, ¿existen dichos entes en algún lugar en nuestra galaxia u otra galaxia?

Más claramente: ¿podrían existir extraterrestres? ¿Existen?

La primera pregunta es mucho más fácil que la segunda. Podemos investigar el potencial de formas de vida exóticas sin explorar los planetas que dan vueltas alrededor de estrellas lejanas. Pero incluso entonces, nos tropezamos con serios problemas. Ya hemos visto que los biólogos no están de acuerdo acerca de si los virus están vivos,

de manera que «vida» es hasta cierto punto una cuestión de definición. Para responder la segunda parte, tenemos que entrar en contacto con vida extraterrestre, sea lo que sea que decidamos que significa. Podríamos hacer esto visitando otro mundo, observando la firma química de procesos de vida a través de telescopios potentes, recibiendo mensajes de una civilización alienígena o esperando que los extraterrestres nos visiten.

En el próximo capítulo, razonaré que los informes sobre los OVNI y las afirmaciones de abducciones alienígenas no son suficientemente convincentes para concluir que la cuarta de las opciones ya ha sucedido. El proyecto SETI ha estado persiguiendo la tercera opción desde 1961,¹⁰¹ hasta ahora sin éxito, pero podría valer la pena en cualquier momento si extraterrestres evolucionados realmente existiesen. Estamos tan solo empezando a intentar la segunda opción. La primera se está ahora llevando a cabo usando exploradores robóticos y, en la actualidad, está limitada a nuestro propio Sistema Solar. Los humanos aterrizaron por última vez en la Luna en 1970, y el proyecto propuesto para que un ser humano aterrice en Marte se ha cancelado.

* * * *

Algunos biólogos definen que la vida es solo como la vida en la Tierra: basada en el carbono, agua, química orgánica, ADN, proteínas... todo el tinglado. Funciona aquí, pero esta definición da por sentado el asunto sin dudar, haciendo una suposición enorme para la que no existen pruebas. Peor, dicho concepto de vida tiene

¹⁰¹ Hubo un precursor, llamado Proyecto Ozma, en 1960.

que estar adaptándose continuamente a medida que descubrimos más sobre los habitantes más exóticos de nuestro propio planeta. Mucha de la vida terrestre es claramente diferente de la que creíamos que era «normal» hace cincuenta años.

No puedo evitar imaginar a dos hombres de las cavernas discutiendo la definición de «herramienta». Rápidamente estarían de acuerdo en dos puntos fundamentales: una herramienta tiene que estar hecha de sílex y tiene que ajustarse a tu mano. De otro modo, no habría modo de hacerla y la gente no sería capaz de usarla. Ahora imagino sus caras si algún viajero del tiempo aparece con una máquina excavadora. Si estamos planteando potenciales formas de vida, como la nuestra o no, el primer paso es llegar a un acuerdo en una definición funcional de «vida», y pasará el resto de este capítulo con esta pregunta y volveré a los extraterrestres en el siguiente. La vida es uno de esos conceptos molestos que pueden reconocerse cuando los ves, pero resulta difícil precisarlos con exactitud. Personalmente no encuentro que sea una sorpresa o un obstáculo; en mi experiencia, los únicos conceptos científicos que pueden ser determinados con una precisión absoluta son áreas que son minas agotadas desde hace mucho. Pensar en todo el alboroto sobre si Plutón contaba como «planeta». Incluso en matemáticas, donde definiciones precisas son rigurosas, es común que evolucionen a medida que nuevas investigaciones revelan nuevos aspectos. Ya hemos visto esto para términos básicos como «espacio» y «dimensión».

Los biólogos no tienen una definición universalmente aceptada de «vida», en su lugar, tienen varias definiciones compitiendo, ninguna totalmente satisfactoria. En un extremo, puedes incorporar química del carbono y ADN en la definición. Si lo haces, entonces cualquier cosa aceptable como una forma de vida usará la química del carbono y el ADN, fin de la historia. Sin embargo, esto da por sentado la mayoría de las cuestiones interesantes. Desde el punto de vista de las matemáticas y la física, la vida terrestre parece un ejemplo, más bien, un número gigantesco de ejemplos muy relacionados, de lo que debería ser un proceso mucho más general. Muchos biólogos creen lo mismo, no les gusta definir la vida en términos de lo que está hecha; qué hace y cómo funciona parece más apropiado y menos limitador. Es un poco como tener unas matemáticas que están limitadas entre los números 1 y 100 y preguntarse si conceptos más generales de números podrían conservar la mayoría de las propiedades interesantes observadas en ese intervalo.

El resultado es que la actual definición funcional de vida se concentra en lo que hace, más que en lo que es. Las principales características de la vida son:

- Poseer una estructura organizada
- Regular el comportamiento interno en respuesta a cambios a corto plazo en el entorno
- Mantener los dos puntos anteriores extrayendo energía del entorno

- Responder a estímulos externos, por ejemplo moviéndose hacia una fuente de comida
- Crecer, en el sentido de que no simplemente acumula más y más cosas sin hacer nada con ellas
- Reproducirse
- Adaptarse a los cambios a largo plazo del entorno.

Estas no son las únicas cosas que los seres vivos hacen, no son mutuamente exclusivas, algunas son menos importantes que otras y algunas quizá se dan junto con otras. Pero a grandes rasgos, si algún sistema en la naturaleza exhibe la mayoría de las características de la lista, entonces quizá esté catalogado como una forma de vida.

Para apreciar las dificultades, piensa en una llama. Las llamas tienen una estructura física definida. Cambian su dinámica en respuesta a lo que las rodea, creciendo con la presencia de combustible y oxígeno, extinguiéndose si estos están ausentes. Extraen energía química de las reacciones entre el combustible y el oxígeno. Invaden las fuentes de combustible adyacentes. Crecen. Se reproducen, el fuego de un bosque empieza con una única llama. Pero la química de las llamas hoy en día es la misma que era hace mil millones de años, de modo que no superan el último obstáculo. Con una imaginación vívida, podrías inventar extraterrestres creíbles que fueran sistemas complejos de llamas. Si su química pudiese cambiar tras largos períodos de tiempo, dependiendo de lo que el entorno pueda ofrecerles, quizá evolucionasen. En cierto

sentido, nosotros somos así, el ciclo de energía que mantiene a nuestras células funcionando, y a nosotros, es una llama interna. Es una reacción exotérmica, emite calor. Pero somos más que solo una reacción exotérmica.

Se han propuesto muchas alternativas a esta lista de propiedades de vida. En casi todas ellas figura la característica más obvia de la vida: la reproducción. Esta se distingue de una capacidad muy relacionada: la replicación. La distinción es importante, de hecho, es vital.

Un objeto o sistema se replica si hace una copia exacta de sí mismo o copias que son tan parecidas que es difícil decir cuál es la diferencia. Se reproduce si las copias tienen cierto grado de variabilidad. Una fotocopia replica documentos en blanco y negro; más allá de las diferencias en el papel, y un posible aumento o reducción, la copia es esencialmente la misma que el original. En concreto, el texto, que es normalmente lo que importa, es esencialmente idéntico, incluso si hay manchones y huecos, la replicación de verdad en un sentido más estricto es rara. Incluso las copias de los archivos de un ordenador pueden contener errores. Por el contrario, un gato se reproduce, sus gatitos, incluso cuando han crecido del todo, no se le parecen con detalle, y con frecuencia tienen manchas totalmente diferentes, tamaños y género. Pero crecen como gatos y pueden, en su conjunto, ser padres y madres de sus propios gatitos. De modo que el sistema «gato» se reproduce, pero no se replica.

Una de las definiciones de la vida más concisas y potencialmente más amplias fue concebida por Stuart Kauffman y está basada en el pensamiento de un organismo vivo como un sistema complejo. Esta frase tiene un significado técnico concreto: algo compuesto de un gran número de agentes, o entes, relativamente sencillos, que interactúan según unas reglas relativamente sencillas. Las matemáticas de sistemas complejos muestran que a pesar de la simplicidad de los ingredientes, el sistema combinado a menudo (de hecho, normalmente) presenta un comportamiento «emergente» complicado, que no era evidente por los entes y las reglas. En la visión de Kauffman, la vida es un sistema complejo que puede reproducirse y realizar al menos un ciclo de trabajo termodinámico, el cual convierte calor en trabajo y puede repetirse una y otra vez, proporcionando una fuente de calor fehaciente. Todas las otras propiedades de la vida pueden verse como posibles, a veces inevitables, consecuencias de estas características básicas. Esta definición enfatiza las características matemáticas generales del sistema, no los ingredientes de los que está hecho. Sin embargo, no cuenta todavía con el favor de la mayoría de los biólogos.

* * * *

Por supuesto, es fascinante darse cuenta de que la vida en la Tierra depende fuertemente de las propiedades portadoras de información del ADN y solo un científico que esté clínicamente muerto podría no querer saber cómo funciona todo esto. Pero esto no implica que cuando la pregunta es «¿vida?», la respuesta sea «ADN». Si la pregunta fuese «¿pastel?», pocos científicos aceptarían la respuesta

«levadura». Los científicos querrían saber cómo la levadura contribuye y si algo más podría tener un efecto similar. De modo que no pueden ser los detalles de la bioquímica terrestre los que realmente expliquen por qué la vida es posible, debe ser el proceso abstracto que lleva a cabo la bioquímica.

La vida en la Tierra es un ejemplo, el único que conocemos. La pregunta es: ¿un ejemplo de qué?

¿Debe la vida estar basada en el ADN? Si crees que el ADN es la clave de la vida, tienes que responder «sí». Incluso así, surgen numerosas preguntas interesantes. ¿Tendría que ser el «código genético» que convierte los tripletes de ADN en proteínas el mismo que el código usado en la Tierra? El código se implementa por transferencia de ARN y los experimentos muestran que la transferencia de ARN podría implementar un código diferente con la misma facilidad, usando el mismo proceso químico. Puedes sintetizar ARN de transferencia no estándar y el sistema entero todavía funciona perfectamente bien. De manera que aceptemos como una hipótesis funcional que en principio la vida en la Tierra no emplea el único sistema que podría funcionar.

Subiendo la apuesta ligeramente, está también claro que cualquier molécula suficientemente similar al ADN podría desempeñar un papel similar. Podría haber variantes menores en las que se diesen bases diferentes, incluso en la Tierra algunos virus usan el ARN en lugar de ADN y el ARN usa uracilo en lugar de timina; el ARN también desempeña un papel clave en la reproducción de casi todos los organismos. Se han creado bases sintéticas «exóticas» en el

laboratorio e insertado en la doble hélice del ADN. El código se ha extendido al código de las cuatro bases en el laboratorio, de modo que la gama de aminoácidos codificada podría ser de cientos. Parece poco probable que el ADN sea la única molécula posible portadora de información lineal, más correctamente, clase de moléculas, ya que la idea central es que organismos diferentes tienen ADN diferente.

Ni tampoco es necesario que una molécula portadora de información sea lineal, también se podrían usar estructuras de árbol o matrices de polímeros de dos o tres dimensiones. Debido a las propiedades únicas del carbono, parece probable que cualquier gran molécula portadora de información tendría que ser orgánica (basada en el carbono), pero el silicio podría ser una alternativa posible en presencia de átomos de metal aislados que estabilizan las complejas moléculas basadas en el silicio. De hecho, el tipo de complejidad organizada que se necesita para hacer un ser vivo podría, en principio, encontrarse en, por ejemplo, vórtices de magneto hidrodinámica en la fotoesfera de una estrella, mono capas cristalinas en la superficie de una estrella de neutrones, paquetes de ondas de radiaciones electromagnéticas cruzando el baldío del espacio interestelar, funciones de onda cuánticas o incluso criaturas no materiales habitando universos de bolsillo cuya física es muy diferente a la del nuestro.

Existan o no realmente dichas criaturas, el experimento mental «¿y qué si existen?» sugiere que habría una definición significativa de «vida» que es válida en una generalidad mucho mayor que «sistemas

químicos organizados que se reproducen usando el ADN». Esto sería una definición que enfatiza el proceso de vida abstracto, no los materiales concretos que lo constituyen. Es de suponer que dicha definición implicaría la capacidad aparente de los seres vivos para auto organizarse y auto complicarse.

* * * *

Hasta la mitad del siglo XX, la lista de propiedades usadas para definir la vida podría haberse acortado en solo una: reproducción (unos pequeños ajustes en lo que la palabra significa excluiría a las llamas). Ningún objeto, o sistema, conocido no vivo podría replicarse, ni mucho menos reproducirse. De modo que los sistemas vivos tienen una capacidad única y misteriosa que los sistemas no vivos no pueden emular. Las primeras propuestas para el porqué de esta capacidad incluían la posesión de un alma o la presencia de alguna fuerza vital, *élan* vital, que animaba la materia no viva. Pero para los científicos, explicaciones como esta no son satisfactorias a menos que el alma pueda localizarse en algún lugar en el organismo, o que la fuerza vital pueda identificarse. De otro modo, volvemos al hábito medieval de explicar por qué los objetos caían apelando a alguna tendencia a «moverse a su lugar natural», el suelo. Caen porque se mueven hacia el suelo... ¡brillante!

A mediados del siglo XX se había aclarado que la capacidad para replicarse es una propiedad del sistema; una capacidad que surge por el modo en que está organizada. La replicación es una consecuencia de la estructura del sistema, no requiere un ingrediente mágico extra que no se puede ubicar o identificar. El

sistema que probó esto definitivamente no tenía tal ingrediente porque era una abstracción matemática. Su inventor fue John von Neumann, a quien ya nos encontramos como creador de la teoría de juegos.

El primer paso de Von Neumann en esta dirección lo dio en unas conferencias que pronunció en 1948, y fue un experimento mental. Imagina un robot programable viviendo en un almacén lleno de piezas de repuesto que se pueden manipular. También tiene una grabación que contiene instrucciones. Las instrucciones le dicen que recorra el almacén y construya una copia de sí mismo cogiendo todas las piezas que necesite, excepto la grabación. Finalmente hace un duplicado de la cinta de la grabación y la inserta en la copia.

Hay problemas con esta descripción; por ejemplo, el robot tiene que ser capaz de copiar la cinta, por lo tanto, ¿no se construye la replicación desde un inicio? Lo que quería señalar Von Neumann era que en este escenario, ni el robot solo, ni su programa solo, se pueden replicar. Solo la combinación del sistema lo hace. El programa replica el robot, el robot replica su programa. Esta división de los roles fue una clave para comprenderlo, porque evita lo que previamente parecía ser un insuperable obstáculo lógico para el mecanismo de autorreplicación.

Supongamos que un ente autorreplicador existe. Entonces debe contener en sí mismo una completa especificación de su propia estructura, para así saber cómo construir la copia. Sin embargo, la copia debe también ser capaz de replicarse, de otro modo no es una copia de verdad, así que esta especificación interna de la estructura

debe contener algo que especifique la parte de la copia que proporciona una especificación completa de su propia estructura.

Más detalladamente: el mecanismo debe contener una representación de sí mismo. Dentro de esa representación debe estar una representación del mecanismo de segunda generación. Dentro debe estar una representación del mecanismo de tercera generación y así sucesivamente. De manera que parece como si cualquier mecanismo autorreplicador tenga que recordar a un juego de muñecas rusas, cada una contenida en el interior de la anterior, y que este juego de muñecas debe continuar eternamente. Si no lo hace, la muñeca más pequeña no contendría una representación de sí misma y no podría replicarse.

Ningún ente físico puede hacer esto, llegado un punto la muñeca tiene que hacerse más pequeña que la partícula fundamental más pequeña. Por supuesto, tampoco ningún ente vivo puede hacerlo, pero no es un problema si crees que la vida depende de alguna «esencia» sobrenatural. Lo sobrenatural no tiene que tener sentido.

La propuesta de Von Neumann para la arquitectura de este mecanismo evitó la objeción de las muñecas rusas. Lo hizo así interpretando el mismo objeto físico, el programa en la cinta, de dos modos conceptualmente distintos. En uno, el programa consistía en instrucciones que debían ser obedecidas. En el otro, consistía en símbolos que debían ser copiados. En uno, un trozo de papel con «pon agua a hervir» provoca que el agua esté hirviendo. En el otro, lleva a un segundo trozo de papel que contiene el mensaje «pon el agua a hervir».

Ahora el programa puede replicar el robot cuando el robot obedece las instrucciones, y el robot puede replicar el programa copiándolo pero no obedeciendo las instrucciones.

* * * *

Von Neumann no estaba satisfecho con esta configuración porque no veía un buen modo de analizarlo matemáticamente o construir una máquina real que lo pudiese ejecutar. En esa época, estaba trabajando en el Laboratorio Nacional de Los Álamos en Nuevo México y uno de sus compañeros era el matemático Stanislaw Ulam. Ulam, reconocido por su mentalidad original, había estado modelando el crecimiento de cristales usando un entramado, una rejilla cuadrada como un gran tablero de ajedrez, sin el diseño a cuadros. Planteó que Von Neumann podría ser capaz de implementar su máquina autorreplicadora empleando un truco similar. En detalle, la idea de Ulam era definir un autómata celular autorreplicador (véase la figura 73).

En este contexto, un autómata es un sistema matemático que puede obedecer reglas simples, de hecho, realiza cálculos elementales. Un autómata celular es una rejilla con reglas, como un videojuego sencillo. Es un tipo especial de sistema complejo, con células como entes y, bueno, reglas como reglas. Cada cuadrado de la rejilla, cada célula, puede existir en una variedad de estados.

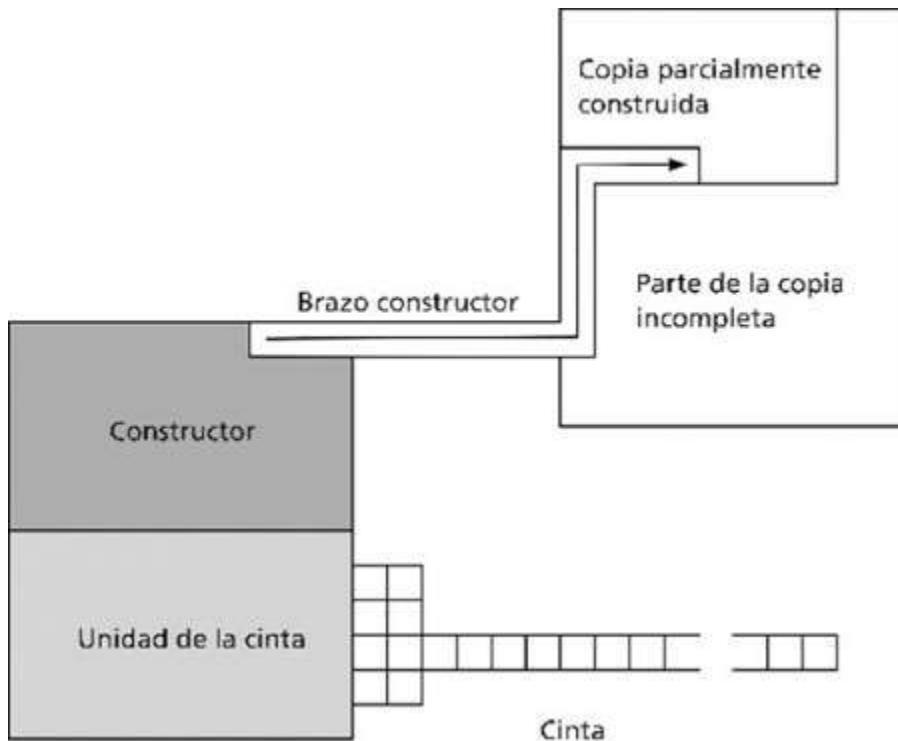


Figura 73. Esquema del autómata replicador de Von Neumann.

Un modo de visualizar los estados es colorear las células, de modo que posibles estados se correspondan con una lista de colores. Cada célula ahora obedece a un sistema de reglas concreto, en el cual su propio color y los de sus vecinas determinan el siguiente color para esa célula. Por ejemplo, con dos colores: «rojo» y «azul», las reglas podrían ser una lista de afirmaciones como esta:

- Si eres rojo y tus vecinos más inmediatos son todos azules, te vuelves azul.
- Si eres rojo y exactamente tres de tus vecinos son azules, te vuelves azul.
- Si eres rojo y exactamente dos de tus vecinos son azules, sigues siendo rojo.

La lista completa cubriría todos los posibles patrones de estados. Con los colores y las reglas en su lugar, inicias al autómata en algún patrón de colores (estado inicial), aplicas las reglas (simultáneamente en todas las células) para obtener el siguiente patrón, lo repites para obtener el patrón que hay tras ese, y así sucesivamente. Suena simple, pero las consecuencias son complejas. Un autómata celular adecuado puede imitar cualquier cálculo que un ordenador real pueda realizar.

Inspirado por la sugerencia de Ulam, Von Neumann calculó un conjunto de reglas para un autómata con 29 colores de células.¹⁰² El mecanismo replicador ocupaba alrededor de 200.000 cuadrados, el resto se dejaban en blanco; en esencia, otro color, que cambiaba solo si una célula vecina dejaba de estar en blanco. Von Neumann probó que siguiendo la lista de reglas simples, el autómata construiría una copia de sí mismo. La cual construiría luego otra copia, la cual construiría otra...

Nunca publicó sus resultados, quizá los vio como una diversión surgida de su investigación principal, o quizá le faltó tiempo o ganas. Sea cual fuere su razón, es una pena que no pusiese las ideas por escrito, porque habrían constituido una importante predicción matemática sobre organismos reales, concretamente cuando un organismo se reproduce, debe emplear alguna lista de datos (la cinta) que ha tenido dos funciones distintas: controlar el procedimiento de la replicación y ser copiada. El descubrimiento de

¹⁰² Para una explicación completa, véase en.wikipedia.org/wiki/Von_Neumann_cellular_automata

la estructura del ADN y su papel en la reproducción de organismos habrían verificado esa predicción. Casualmente, el trabajo de Von Neumann no llamó la atención del público hasta 1955, justo después del épico artículo de Crick y Watson. Y no fue hasta 1960 cuando el matemático americano y pionero de los ordenadores Arthur Burks dio una primera prueba completa de que la máquina de Von Neumann podría hacer réplicas.¹⁰³ De modo que la oportunidad de predecir un mecanismo básico de reproducción biológica a partir de principios matemáticos generales no la quería nadie.

* * * *

Varias personas aceptaron el reto de las ideas de Von Neumann. Conway, a quien nos encontramos en teoría de nudos, estaba entre ellos. Inventó un autómata celular con la dinámica tan flexible e «impredecible» que lo llamó el Juego de la Vida.

«Vida», como es normalmente conocido, se juega con fichas sobre una rejilla cuadrada. El juego empieza estableciendo alguna configuración finita de las fichas, el estado inicial del autómata. Luego, un pequeño conjunto de reglas simples, en las que está implicado el número de vecinos inmediatos de cada ficha, se aplica para obtener la siguiente configuración. Estas reglas gobiernan la supervivencia, nacimiento o muerte de las fichas. Las fichas muertas se sacan del tablero, los nuevos nacimientos se añaden y el resto se quedan donde estaban.

¹⁰³ J. von Neumann y A.W. Burks, *Theory of Self-Reproducing Automata*, University of Illinois Press, Chicago (1966).

Las reglas exactas son:

- Una ficha con 0 o 1 vecina muere.
- Una ficha con más de 3 vecinas muere.
- Una ficha con 2 o 3 vecinas permanece viva.
- Un espacio vacío con exactamente 3 fichas vecinas da a luz a una nueva ficha.

Hay mucha información sobre el Juego de la Vida en Internet, junto con *software* libre para poder ejecutar el juego.¹⁰⁴ El Juego de la Vida sigue unas reglas rígidas, de modo que el futuro de cualquier configuración inicial está completamente determinado; si el juego se juega una y otra vez empezando de la misma forma, la historia que le sigue es la misma que la vez anterior. No obstante, el resultado es impredecible, en el sentido de que no hay atajo que pueda predecir qué sucede, todo lo que puedes hacer es ejecutar el juego y ver cómo evoluciona. Este es uno de los múltiples modos en que «determinista» y «predecible» difieren en la práctica, a pesar de ser esencialmente lo mismo en principio.

A pesar de la simplicidad de las reglas del Juego de la Vida, su comportamiento puede ser sorprendentemente rico en un sentido muy poderoso, incluso aunque el estado inicial determine completamente todo lo que pasa después. En 1936, Alan Turing proporcionó una solución para el problema de la parada, probando que en general no es posible pronosticar por adelantado si un

¹⁰⁴ Véase, por ejemplo www.ibiblio.org/lifepatterns/

programa de ordenador dará con una respuesta o se estará ejecutando para siempre, por ejemplo, quedándose atascado en un bucle y repitiéndolo indefinidamente. Conway, entre otros, probó que existía una configuración en el Juego de la Vida que forma una máquina universal de Turing, una representación de un ordenador programable.¹⁰⁵ De modo que no hay manera de predecir si una configuración dada del Juego de la Vida vivirá para siempre o se extinguirá.

En 2000, Matthew Cook encontró una máquina universal de Turing probando una conjetura que el erudito inglés Stephen Wolfram había hecho en 1985: un autómata celular cuyo estado forme una línea de células, más que una rejilla cuadrada, puede también imitar a la máquina universal de Turing.¹⁰⁶ Este autómata es conocido como «Regla 110». Tiene dos estados, por ejemplo 0 y 1, y sus reglas son muy simples. Para encontrar el siguiente estado de una célula, observa la célula y sus dos células vecinas, a la derecha y a la izquierda. Si el patrón es 111, 100, o 000, el estado pasa a ser 0, de otro modo, es 1. Es extraordinario que un sistema de regla simple pueda en principio hacer algo que un ordenador puede hacer, por ejemplo, calcular π con mil millones de posiciones decimales. Esto refuerza el mensaje principal de vida artificial: nunca subestimes la complejidad del comportamiento que puede resultar de reglas simples.

* * * *

¹⁰⁵ . E.R. Berlekamp, J.H. Conway y R.K. Guy, *Winning Ways*, volumen 2, Academic Press, Londres (1982).

¹⁰⁶ M. Cook, «Universality in elementary cellular automata», *Complex Systems* 15 (2004), 1-40.

Cuando Conway inventó el Juego de la Vida, Chris Langton, quien en esa época estaba trabajando en un hospital programando los ordenadores centrales, encontró el juego tan interesante que empezó a experimentar con simulaciones de ordenador con características de seres vivos. Burks estaba participando en un programa de posgrado en la Universidad de Michigan y en 1982 se unió Langton. El resultado fue una nueva sub-rama de la ciencia: la vida artificial. Alguna gente objeta que este nombre es una exageración, pero debería ser obvio que el nombre no pretende indicar la creación, por medios artificiales, de vida real. En su lugar se refiere a sistemas no biológicos que imitan, o emulan, algunas de las características clave de los organismos vivos, tales como la replicación. Esas características son misteriosas por derecho propio, independientemente de su realización física, de modo que tiene sentido estudiarlas en sistemas matemáticos que separan las características de lo que las conforma.

Langton describió el nuevo campo en la primera conferencia sobre el tema diciendo:

*La vida artificial es el estudio de los sistemas artificiales que exhiben características de comportamiento de los sistemas vivos naturales. Es la búsqueda por explicar la vida en cualquiera de sus posibles manifestaciones, sin restricciones a los ejemplos particulares que han evolucionado en la Tierra... El objetivo final es extraer la forma lógica de los sistemas vivos.*¹⁰⁷

¹⁰⁷ C.G. Langton, «Artificial life», en *Artificial Life* (ed. C.G. Langton), Addison-Wesley, Reading MA (1989), 1.

Como una demostración de que era posible, Langton ya había inventado el primer «organismo» de autorreplicación para ser implementado en un ordenador real. Pero la replicación es solo una de las características misteriosas de los seres vivos. La reproducción, la replicación con errores aislados, descubre la posibilidad de evolución, todo lo que se necesita es un principio de selección, decidir qué cambios se mantienen y cuáles se descartan. Durante los pasados treinta años, una corriente aparentemente sin fin de sistemas de vida artificial, definidos de muchos modos diferentes, ha dejado tres cosas perfectamente claras, todas ellas contrarias a las intuiciones anteriores:

1. Casi cualquier sistema basado en reglas, capaz de cualquier tipo de comportamiento más complejo que los estados estables o ciclos periódicos, es capaz de un comportamiento muy complejo. En un sistema basado en reglas, el comportamiento complejo es la norma.
2. No hay una conexión significativa entre la complejidad o simplicidad de las reglas y la complejidad o simplicidad del comportamiento resultante. Reglas complejas pueden llevar a comportamientos que son simples o complejos. Reglas simples pueden llevar a comportamientos que son simples o complejos. No hay una «conservación de la complejidad» entre las reglas y el comportamiento.
3. La evolución es un modo sorprendentemente poderoso de crear estructuras y procesos muy complejos, sin diseñar las

características deseadas en los entes evolucionados de un modo explícito.

La idea básica de Langton se ha implementado de muchas formas diferentes, en sistemas con nombres como Tierra, Avida, Evolve. Darwinbots, presentado en 2003 por Carlo Cormis, es típico.¹⁰⁸ Organismos individuales, los susodichos *bots*, se representan en la pantalla del ordenador como círculos. Cada *bot* está equipado con genes simulados que afectan a su comportamiento. Adquiere energía mediante la alimentación y su energía va descendiendo a medida que lleva a cabo sus actividades. Si los niveles de energía caen muy bajo, muere. Los *bots* muestran una rica variedad de comportamiento. A diferencia de las células en el Juego de la Vida y Regla 110, pueden dar vueltas sobre todo el plano, y no están limitados a células discretas y específicas.

La postura filosófica conocida como «vida artificial débil» mantiene que el único modo de crear un proceso vivo es a través de la química. Puesto que ya conocemos que el sistema estándar basado en el ADN que se da de manera natural en la Tierra puede cambiarse y todavía funcionará, no es posible volver para atrás e insistir en que la forma de vida que conocemos es el único tipo posible. Sin embargo, no tenemos pruebas sólidas de vida no-química, por lo tanto es razonable alegar que toda vida debe ser química.

¹⁰⁸ www.darwinbots.com/WikiManual/index.php/Main_Page

El principal mensaje de la vida artificial es más imaginativo y más especulativo. Se remonta a Von Neumann y se llama «vida artificial fuerte». Esta postura mantiene que la vida no es un proceso químico específico, sino un tipo de proceso general que no depende del medio usado para implementarlo.

Si la vida artificial fuerte está en lo correcto, lo que importa no es de qué está hecha, sino qué es.

La vida sintética podría parecernos bastante similar a la vida artificial, pero el término se refiere a organismos que se rigen por bioquímica tradicional, pero son sintetizados en el laboratorio a partir de ingredientes inorgánicos.

En 2010 un equipo en el Instituto J. Craig Venter en Rockville, Maryland, anunció la creación de un organismo apodado Synthia. Primero, el equipo hizo una copia del genoma de la bacteria *Mycoplasma mycoides*, 1,2 millones de pares de bases, por técnicas puramente químicas, ningún organismo vivo se vio involucrado. (También añadieron algunos mensajes codificados para distinguir la copia del original, retando a otros científicos a descifrar el código. Lo hicieron, rápido.) Luego, eliminaron el ADN de una bacteria relacionada y lo reemplazaron por este genoma sintético. La bacteria resultante era capaz de replicarse, probando que el reemplazamiento del genoma funcionaba.

El logro consiguió publicidad mundial como la creación de la primera forma de vida sintética, pero eso es una exageración. Es como sobrescribir parte de la memoria de tu ordenador con una copia exacta del mismo código, tecleado a mano, y reivindicar que

has hecho un ordenador nuevo. La fabricación de Synthia también fue condenada como «jugar a ser Dios», una crítica igualmente exagerada.

Synthia es importante, aunque no tan importante como todo el bombo y platillo dan a entender. Muestra que una longitud de secuencias de ADN pueden ser ensambladas desde cero en el laboratorio. Da fuerza a la creencia de que la actividad del ADN en organismos sigue las leyes de la química, más que algún aspecto de vida misterioso. Y es un paso útil hacia el Proyecto del Genoma Mínimo, cuyo objetivo es hacer una bacteria sintética con el genoma más pequeño que permita replicarse.¹⁰⁹ Esta ansiada bacteria ha sido *Mycoplasma laboratorium* duplicado, y, a diferencia de Synthia, su genoma no será una copia del natural que ya existe. Pero el resto de la célula es maquinaria bioquímica que todavía se tomará del organismo pre-existente.

Sería como escribir un nuevo sistema operativo y cargarlo en un ordenador desde cero, estaría más cerca de la creación de una nueva marca desde cero, pero aún no lo sería. De modo que la vida sintética genuina está todavía un poco lejos.

¹⁰⁹ «La más pequeña» en este caso es normalmente interpretada como «si eliminas más ADN, no funcionará». Dichos genomas no necesitan ser únicos, porque hay multitud de maneras diferentes de reducir el tamaño de un genoma, cada una funciona por razones diferentes.

Capítulo 18

¿Hay alguien ahí fuera?

Armados con un entendimiento de los diferentes significados que podrían asignársele al término «vida», podemos ahora volver a la pregunta planteada al principio del capítulo anterior: ¿Hay vida fuera de nuestro planeta?

Los científicos nunca han observado una forma de vida extraterrestre, excepto quizá algunos fósiles diminutos en un meteorito encontrado en la Antártida y designado como ALH84001, que algunos científicos creen que son pruebas de vida pasada en Marte (véase la figura 74). En 1996, los científicos de la NASA anunciaron que el meteorito, aunque venía de Marte, contenía fósiles diminutos de bacterias. Esta afirmación es todavía polémica, y parecía haber sido comprensiblemente rebatida, hasta que una reciente revaluación dejó un pequeñísimo resquicio para la esperanza, respondiendo a algunas de las objeciones originales sobre un origen biológico.¹¹⁰ Está bastante claro que el meteorito sí que vino de Marte. Gases atrapados en pequeñas burbujas en la roca se ajustan al perfil de la atmósfera de Marte extremadamente bien, y los cálculos indican que un impacto con un pequeño asteroide podría haber hecho que la roca saliese disparada de la superficie marciana. Y si eso sucedió, algunos de los restos de la explosión habrían terminado impactando en la Tierra y aterrizando

¹¹⁰ K. Thomas-Keprta, S. Clemett, D. McKay, E. Gibson y S. Wentworth, «Origin of magnetite nanocrystals in Martian meteorite ALH 84001», *Geochimica et Cosmochimica Acta* 73 (2009), 6631-6677.

en la superficie de la Antártida, donde se encontró este meteorito en particular. La roca contiene formas minúsculas extrañas, pero si estas formas estuvieron una vez vivas es el asunto clave, muchos creen que los «fósiles» podrían ser el resultado de un proceso no biológico. Es difícil dar una respuesta definitiva. Puesto que afirmaciones extraordinarias requieren pruebas extraordinarias, la carga de la prueba está en aquellos que afirman que las formas son fósiles de organismos que una vez estuvieron vivos.

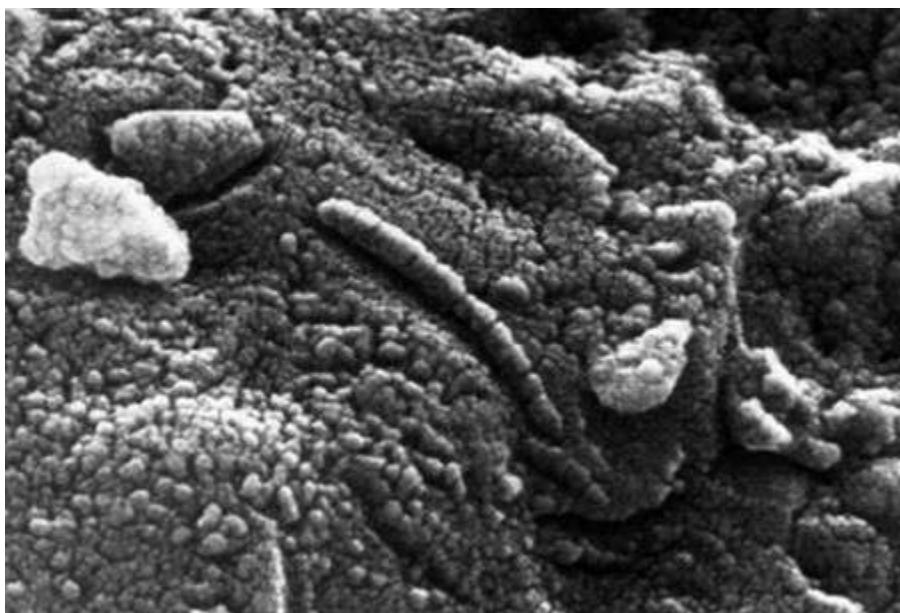


Figura 74. Posible fósil de bacteria en un meteorito procedente de Marte. Es de menos de una milésima de un milímetro de largo.

¿Podemos decir algo auténticamente científico sobre la vida en otros planetas?

* * * *

Yo creo que podemos gracias, de nuevo, al papel de la inferencia científica.

Nuestra comprensión actual de los orígenes de la vida en la Tierra sugiere que no hay nada particularmente especial sobre nuestro planeta, así que deberíamos esperar encontrar vida en otro lugar. Incluso vida inteligente, extraterrestres. Algunos científicos no están de acuerdo, y argumentan que la Tierra es especial, de modo que la vida en cualquier otro lugar sería muy poco común, y vida compleja todavía menos común. En su libro *Rare Earth (Tierra rara)*, Peter Ward y Donald Brownlee crean un caso convincente para esta afirmación, listando numerosas características de la Tierra y el Sistema Solar que lo hacen particularmente apropiado para la vida.¹¹¹ Aceptan que la vida en otro lugar es totalmente posible, pero lo esperado sería, en una mayoría, al nivel de las bacterias. La inteligencia, alegan, sería realmente muy rara. Otros van todavía más lejos y aseguran que nuestro planeta es único, el único lugar en todo el vasto universo donde la vida existe.

Las opiniones científicas sobre las posibilidades de vida alienígena toman una de estas tres amplias posiciones:

- La vida extraterrestre no existe (no por definición, pero por principios científicos sensatos).
- La vida extraterrestre existe, pero debe ser muy parecida a la vida terrestre.
- La vida extraterrestre existe y la mayor parte de ella es totalmente diferente a la vida terrestre.

¹¹¹ D. Brownlee y P.D. Ward, *Rare Earth*, Copernicus, Nueva York (2000).

La primera postura es bastante negativa, pero puesto que no hay actualmente evidencias convincentes de vida alienígena, está a salvo de los ataques, al menos por ahora. Sin embargo, la comprensión de los orígenes de la vida de los científicos actuales, gracias a la física natural y a los procesos químicos, no limita la vida a un planeta entre doscientos mil millones de galaxias, cuando cada una tiene de media cuatrocientos mil millones de estrellas, y una proporción significativa de ella, quizá una de cada cuatro, probablemente tenga varios planetas. De modo que sería una gran sorpresa si la Tierra es realmente el único lugar en el universo donde la vida existe, incluso si tiene que ser exactamente como la nuestra.

La segunda postura es la más respetable científicamente, aunque no la más imaginativa. Sabemos que las formas de vida como la nuestra son definitivamente posibles, y no sabemos con seguridad que algo diferente pueda ocurrir de manera natural (de manera no natural es otro tema). La ciencia emergente de la astrobiología, o exobiología, combina la biología terrestre con la astronomía. Hasta hace poco estaba casi exclusivamente centrada en las posibilidades de vida como la de la Tierra, lo que requería un planeta como la Tierra. Cuanto más comprendimos sobre los orígenes de la vida en la Tierra, más rigurosos se hacían estos requisitos, y nuestra mejor estimación de la oportunidad de encontrar tales tipos de vida se reducía en la misma medida.

Sin embargo, la tercera postura está lentamente ganando terreno. Hay muchas razones científicas válidas para pensar que la vida extraterrestre no necesita ser exactamente como la nuestra. Una de

las características más importantes de la vida es que se adapta a su entorno, la característica básica de la evolución. Parece no haber ninguna buena razón por la que los organismos no puedan evolucionar y llegar a estar tan adaptados a un entorno que difieran de cualquiera encontrado en la Tierra. Insistir en un entorno como el de la Tierra como prerrequisito para la vida parece demasiado limitado. Sería como los exploradores de la época victoriana, esperando que todos los seres humanos recordasesen a los ingleses de la época por su vestir, sus maneras y su estructura social, y excluyesen los bosques de África como un hábitat para los humanos basándose en que no hay sombrererías en él. Muchos astrobiólogos le están dando vueltas a la idea de que mientras otras Tierras (justo como la nuestra) podrían ser realmente raras, la vida alienígena podría existir en mundos que difieren del nuestro. Un término mejor para esta visión es xenobiología, la biología de la vida foránea, «xenociencia» podría ser incluso mejor,¹¹² para indicar que la «biología» de los extraterrestres podría ser radicalmente diferente de cualquier biología que haya en nuestros libros de texto.

* * * *

¿Cuál es la probabilidad de que la Tierra sea el único planeta, en todo el universo, con vida inteligente?

Para mantener los números simples, asumamos que hay 10^{22} planetas. Por la ley de los grandes números, para que haya un solo planeta de media con vida inteligente, la probabilidad de un planeta

¹¹² Ambas palabras son híbridos del latín y del griego, que solían ser inadmisibles pero ahora son tan comunes que pocos les ponen objeciones. «Televisión» es un ejemplo de esto.

albergando inteligencia debe ser 10^{-22} , una oportunidad en diez mil trillones. Si la probabilidad es 100 veces más grande, entonces esperaríamos 100 de dichos planetas; si es 100 veces más pequeña, esperaríamos $1/100$ de dichos planetas, lo cual me inclino a interpretar como «ninguno». Por lo tanto, requiere algunos ajustes cosmológicos finos y precisos dar con el mágico número 1, que hace que nuestro propio mundo sea único. Parece improbable que cualquier mecanismo físico plausible pudiese traducir la probabilidad de vida inteligente en un número concreto de planetas. De modo que, o la Tierra ganó el bote en una lotería cósmica, o no estamos solos.

Cálculos estándar indican que en el caso crítico cuando la probabilidad es exactamente -22 , la probabilidad de que la vida inteligente sea única es del 37%. La probabilidad de ningún planeta con vida inteligente es también del 37% y la probabilidad de dos o más es del 26%.¹¹³ Estas probabilidades no son malas, pero te hace pensar que incluso cuando el universo está ajustado con sumo detalle para que los humanos sean únicos, deberíamos esperar que ningún mundo tuviese vida inteligente con la misma frecuencia que una sola. Y más de una es casi igual de probable.

Si algún día descubrimos que realmente estamos solos, entonces o bien necesitaremos un modelo matemático mejor, o bien estaremos forzados a concluir que algún tipo de destino cósmico ha dispuesto

¹¹³ Consideremos n planetas, con n un número grande, y sea $p = 1/n$. La distribución binomial nos dice que la probabilidad de obtener exactamente un planeta con vida inteligente es $np(1-p)^{n-1}$, cuyo valor es próximo a e^{-1} porque $np = 1$ y $(1 - 1/n)^{n-1}$ es próximo a e^{-1} , donde $e = 2,718$ es la base del logaritmo neperiano, de modo que $e^{-1} = 0,37$. La probabilidad de ningún planeta es $(1 - p)^n$, que es lo mismo. La probabilidad de dos o más es $1 - 0,37 - 0,37 = 0,26$.

para nosotros el ser únicos. En este momento, la mejor conjetura es que no estamos solos. Los planetas con vida inteligente son probablemente raros, pero el universo es tan vasto que si hubiese alrededor de mil billones de dichos mundos en el universo, todos albergando vida inteligente ahora mismo,¹¹⁴ entonces serían menos de diez mil en nuestra galaxia. De media, el más cercano estaría a mil años luz de nosotros. Por lo tanto, el universo podría estar repleto a rebosar de vida y nunca la encontraríamos.

* * * *

Una rápida mirada a Internet revela que muchos no científicos están convencidos, no solo de que los extraterrestres existen, sino de que ya nos han hecho una visita; y que sin embargo, el gobierno de Estados Unidos lo ha encubierto, por lo que no vemos extraterrestres dando un paseo por nuestro vecindario. Estoy dispuesto a creer que el gobierno de Estados Unidos, o cualquier otro gobierno, podría decidir encubrir las visitas de extraterrestres, sin embargo, dudo que pudiese hacerlo con éxito durante mucho tiempo, y no creo que lo esté haciendo, porque no creo que haya nada que encubrir.

La principal razón para no creer estas historias de visitas de alienígenas no es una opinión política, o la mentalidad de los creyentes, sino la ciencia de la vida extraterrestre, que es próspera y

¹¹⁴ «Ahora mismo» quizá parezca que contradice a la relatividad, que dice que ningún concepto de simultaneidad puede ser consistente para todos los observadores inertes. Esto podría ser cierto, pero podemos adoptar un marco privilegiado de referencia, nosotros mismos. Los extraterrestres inteligentes pueden entonces existir ahora desde nuestro punto de vista.

totalmente científica a pesar de la total ausencia de observación de extraterrestres.

Es posible hacer buena ciencia, incluso cuando el objeto de estudio nunca ha sido observado. Los físicos han hecho una cantidad inmensa de trabajo sobre el bosón de Higgs, una partícula pronosticada por el «modelo estándar» de partículas subatómicas, pero nadie todavía ha observado uno. De hecho, eso es lo que el Gran Colisionador de Hadrones, cuya avería días después de haberse activado por primera vez se hizo famosa, está buscando. Diversas naciones han destinado 9.000 millones de dólares para construirlo y mantenerlo activo. Ahora está de vuelta en activo, pero sin suerte en la búsqueda del bosón de Higgs hasta la fecha de publicación de este libro.

Nadie ha observado nunca una supercuerda, pero la teoría de cuerdas ha dedicado mucho esfuerzo a estos objetos hipotéticos porque tiene el potencial para unificar la teoría cuántica y la de la relatividad. Nadie ha observado el nacimiento de un universo, pero, en su conjunto, los cosmólogos no dimiten y buscan trabajo como gestores de fondos de inversión por ello. Nadie ha observado el interior de un agujero negro, el nacimiento de un Neandertal, el surgir de la vida en la Tierra, una manada de saurópodos sin rumbo o el campo gravitacional de la galaxia Andrómeda. No directamente y en muchos casos en absoluto. Pero estas áreas son todas partes sólidas de la empresa científica.

De hecho, podrías hacer mucha ciencia excelente buscando la prueba de que los extraterrestres no existen. *Rare Earth* es un ejemplo de esto.

La ciencia no es simplemente un asunto de observación directa. Es una interacción intrincada entre teoría y experimentos, y los experimentos son, a menudo, indirectos. La fortaleza de la ciencia es la deducción. Nadie vivo en los pasados millones de años observó la divergencia evolutiva de los humanos y los chimpancés, pero los científicos no tienen dudas de que este suceso ocurrió, porque muchas líneas independientes de investigación apuntan inevitablemente a esa conclusión. Las pruebas fósiles, las edades observadas de las rocas que las contienen, la tremadamente detallada prueba del ADN y la bioquímica de los cuerpos del chimpancé y el hombre hacen, todas ellas, que esta controversia sea al menos tan cierta como que la Tierra gira alrededor del Sol.

Microfósiles marcianos aparte, el principal reclamo de las observaciones alienígenas viene de los ufólogos, seguidores de la corriente *New Age* y creyentes en lo paranormal. La abducción es el escenario habitual. El típico extraterrestre de los OVNI, con frecuencia conocidos como «grises», es humanoide, más bajo que nosotros, con una piel grisácea, una gran cabeza, enormes ojos ovalados y diminutos orificios nasales (véase la figura 75). Sus proporciones corporales son diferentes de las humanas y sus extremidades tienen diferentes articulaciones. Los grises dominan los informes de encuentro con extraterrestres en una amplitud que es bastante sorprendente: 90% en Canadá, 65% en Brasil y 40% en

Estados Unidos. En Europa las cifras descienden a alrededor de un 20% y los británicos, excéntricos hasta el final, alcanzan solo el 12%.¹¹⁵



Figura 75. Imagen de lo que se dice que es un extraterrestre «gris».

Irónicamente, la principal razón para no creer en dichos informes de visitantes extraterrestres no es que los grises sean demasiado raros para ser creíbles. Es exactamente lo opuesto, no son los suficientemente raros. Los grises son el peor tipo de extraterrestre. Son demasiado parecidos a nosotros. Y la ciencia que justifica esta afirmación es la buena y sólida biología terrestre.

* * * *

¹¹⁵ C.D.B. Bryan, *Close Encounters of the Fourth Kind*, Alfred A. Knopf, Nueva York (1995).

Desde la década de los sesenta del siglo XX, mi amigo el biólogo Jack Cohen dio alrededor de trescientas conferencias en las escuelas sobre el tipo de vida en otros planetas. Una de las claves científicas principales que les explicaba era cómo decidir qué características de vida en nuestro planeta es probable que se encuentren en formas de vida extraterrestre, si es que existen, y qué características son simplemente accidentes de la evolución en este mundo y no se esperarían en otro lugar. Digo «probable que» porque la discusión tiene que ser teórica en esta etapa de nuestra exploración del universo.

Cohen distinguía estos dos tipos de rasgos llamándoles universales y locales. Ambas palabras pueden usarse tanto como adjetivos («esta es una característica local») como sustantivos («esta característica es un localismo»). Los cinco dedos en una mano son un localismo, pero los apéndices que pueden manipular objetos son universales. Las alas cubiertas de plumas son localismos, pero la capacidad de volar en una atmósfera es un universal. Las margaritas son localismos, pero la fotosíntesis (obtener energía de la luz) es universal. El término «universal» no significa que dichas criaturas existirán en cualquier parte, ni tan siquiera en todo planeta apropiado. Para volar se necesita una atmósfera, por ejemplo, pero no esperes que todos los planetas con atmósfera tengan criaturas que vuelen. Los universales son características que es muy probable que se hayan desarrollado en otros mundos apropiados. Los localismos, por el contrario, son accidentes locales, y no esperaríamos verlos en otro lugar.

Las criaturas de nuestro planeta, a cualquier nivel de detalle, son mayoritariamente ejemplos locales de universales. Cada tipo particular de ojo, y hay centenares de estructuras claramente diferentes, es un localismo, pero la visión es un universal. Las patas difieren de una criatura a otra, pero la locomoción es un universal. Dichos ejemplos motivan un test que pueda distinguir los dos tipos de características. ¿Evolucionaron las características una vez o muchas veces de manera independiente? «Una vez» permite modificaciones posteriores en muchas especies de descendientes diferentes. «De manera independiente» significa que ejemplos diferentes no tienen dicha conexión evolutiva.

En los humanos, el cruce de las vías respiratorias y las vías digestivas causa muchas muertes cada año por atragantamientos. Compartimos esta estructura con la mayoría de los mamíferos. Es un «diseño» muy pobre y se remonta a un accidente evolutivo. Hace alrededor de 350 millones de años, no había grandes criaturas terrestres, pero en los mares y los océanos había muchos peces. Algunos tenían pulmones en la cima de sus cuerpos y algunos tenían pulmones en la parte inferior (tomar algo de la atmósfera del planeta para impulsar reacciones químicas es universal, donde van los órganos asociados es local). Los peces de aletas lobuladas que evolucionaron en animales terrestres, mencionados como una forma de transición en el capítulo 5, resultaron tener sus pulmones por debajo. Nuestro torpe arreglo es una consecuencia. Es razonable pensar que puede que algún otro pez hubiese hecho la transición evolutiva a animal terrestre en su lugar, incluso en este planeta;

ciertamente parece que hay poca cosa que ponga freno a que se dé un suceso análogo en otro lugar. De modo que el cruce respiratorio/digestivo es un localismo.

Las evidencias fósiles apoyan la visión de que la transformación del mar a la tierra fue gradual. Los peces no salieron a tierra de repente, contrario a la viñeta de «Far Side» de Gary Larsen en la que tres peces jóvenes jugando al béisbol están mirando con nostalgia la pelota, que ha saltado a la tierra. La transición de aletas a extremidades probablemente sucediese mientras el pez estaba todavía en el mar, nadando por zonas poco profundas y usando cada vez más sus aletas empujándose entre el lodo y la arena. Su capacidad para «caminar» por el fondo del mar evolucionó en consonancia con la estructura de sus extremidades. Con el tiempo, tras habitar la tierra permanentemente, sus aletas se habían transformado en patas. Las extremidades pentadáctilas se desarrollaron durante este período y se transmitieron de peces que surcaban aguas poco profundas, a reptiles, luego a mamíferos y a nosotros. Toda la estructura de nuestras extremidades es un localismo. Sin embargo, por ejemplo, poseer extremidades articuladas es universal en los insectos, evolucionaron independientemente.

La prueba «se desarrollaron aquí muchas veces» para un universal está muy vinculada a la historia evolutiva particular de la Tierra. La inteligencia es universal por definición, se ha desarrollado en el pulpo y la langosta mantis, así como en mamíferos. Pero la inteligencia a nivel humano, lo que Cohen y yo llamamos

«exteligencia», la capacidad para almacenar capital cultural y los conocimientos fuera de nosotros mismos en una forma que se puede acceder generalmente, parece haberse desarrollado solo una vez en la Tierra. Los delfines son inteligentes pero no tienen bibliotecas. De modo que la exteligencia no pasa la prueba evolutiva para ser un universal. Nuestra estructura cerebral específica es local, e incluso puede haber cerebros como este, pero la exteligencia es un ardid genérico, que ofrece claras ventajas evolutivas, más que un accidente específico de herencia. Quizá no hemos esperado lo suficiente para que surja de nuevo.

Esto sugiere que deberíamos ampliar nuestra definición, reemplazándola por una versión más teórica. Un localismo es una característica específica que parece haber surgido por accidente y sería extraño que se diese en la misma forma en una repetición de la evolución en la Tierra. Un universal es una característica general que podría realizarse en muchos modos diferentes y parece ofrecer una clara ventaja evolutiva y probablemente surgiría de nuevo si la evolución se pusiese a cero y ejecutase una segunda vez. Estoy de acuerdo con que esta definición deja la puerta abierta para el debate, pero la idea en su conjunto se pretende como una pauta, no como una regla inflexible. Es una pauta para cómo pensar sobre la posibilidad de vida en otros planetas.

Lo acertado o no de una pauta, dependerá de si encontramos dicha vida y qué aspecto tiene.

* * * *

La mayoría de nosotros absorbemos nuestras imágenes de los extraterrestres de la televisión y las películas. La mía vino inicialmente de la revista de cómic *Eagle* y las hazañas de Dan Dare, Piloto del Futuro, lidiando con los *treens* venusinos de cara verde y el malvado Mekon, quien tenía una enorme cabeza y un pequeño cuerpo y cabalgaba sobre algo parecido a un cojín antigravedad. Los cómics tienen más espacio para la imaginación que las películas o la televisión. En esos medios, antes de que los gráficos por ordenador alcanzasen sus actuales niveles de realismo, los extraterrestres tenían que ser actores humanos ligeramente disfrazados, insectos magnificados de gigantescas proporciones, o presencias invisibles que brillaban en la oscuridad emitiendo chispas o alterando el aire y moviendo las cortinas. Ahora pueden ser criaturas con un detalle impresionante que inspiren terror, como la madre alienígena en *Alien*, o pueden ser lindos y adorables como los Ewoks en *El retorno del Jedi*. Y esto es lo que sus diseñadores pretenden, y es el motivo de que los extraterrestres de los medios nos confundan sobre qué aspecto tendrían que tener los extraterrestres reales.

Los extraterrestres mediáticos se inventan con el propósito de estimular emociones humanas concretas. Esto los hace completamente locales, y muchas de sus características no tienen para nada sentido científico. Los extraterrestres en *Alien* crecían dentro de cuerpos humanos hasta que alcanzaban el tamaño de un gato y entonces salían de manera sangrienta a través de la pared torácica. Por no hablar del tema de por qué las víctimas a menudo

no sabían que tenían un bulto del tamaño de un gato en su interior, ¿cómo una criatura de otro planeta evolucionó para aprovecharse de la bioquímica de un cuerpo humano? Podrían posiblemente ser tan solo parásitos generalistas que hacen uso de una variedad de otras criaturas como huésped, pero es casi imposible para ese tipo de generalidad evolucionar. Los parásitos coevolucionan con sus huéspedes, y están normalmente muy especializados. Las pulgas de los perros no pueden sobrevivir durante mucho tiempo sin un perro, incluso aunque temporalmente infesten a un humano.

El gran universal es la evolución. Es cómo la vida puede diversificarse, y alguna hacerse más compleja, mientras que cada vez se adapta más a las condiciones de su planeta de origen. Un extraterrestre real habría evolucionado en algún entorno en otro lugar del universo y se adaptaría a ese entorno. De manera que, para inventar extraterrestres de películas creíbles científicamente, habría que inventar un entorno convincente, así como una historia evolutiva. La madre alien y su hijo parásito no funcionan. Pero pocos productores de películas o televisión van tan lejos. Parece que piensan: «Es ciencia ficción y no tiene que tener sentido». Pero esta es una receta para un entretenimiento poco convincente, mala ciencia ficción e incluso peor ciencia.

Otra fuente de imágenes para los extraterrestres es la cultura humana. Generaciones anteriores vieron, bueno, algunos piensan que vieron y muchos les creyeron, fantasmas y duendecillos y otras criaturas sobrenaturales. Afirmaciones de visitas alienígenas y abducciones son parte de una larga tradición de temibles criaturas

sobrenaturales, presentadas en términos que tienen sentido en la cultura afectada. Probablemente todas tengan el mismo origen: la parálisis del sueño, en la cual podemos despertarnos mientras todavía estamos soñando, donde nuestras extremidades rehúsan moverse y nuestras facultades críticas están reprimidas. La abducción soñada parece real porque la parte del cerebro que distingue el sueño de la realidad no está funcionando y experimentamos un sentimiento de terror porque no podemos movernos.

Las imágenes concretas y el aspecto de estos visitantes sobrenaturales se difunden a través de la cultura. Incluso gente que no cree en ovnis «sabe» que los extraterrestres tienen unos enormes ojos oscuros y grandes cabezas. Así es como te dicen que son los extraterrestres. Realmente, esos que describen son seres de ficción. Los grises son demasiado humanoides, están construidos a partir de variaciones menores en localismos humanos. Es un modo vago de inventar un extraterrestre, hacerlos como nosotros, pero cambiar unas pocas características para lograr un efecto dramático. No es solo la forma (bípedos, la cabeza en la parte de arriba, cráneo con forma humana tan solo exagerado), los grises respiran nuestro aire, pero pocas criaturas que hubiesen evolucionado en otro mundo serían capaces de hacerlo, a menos que la atmósfera de su mundo fuera muy parecida a la del nuestro. Incluso los humanos tienen problemas en este planeta si simplemente se mueven a zonas de gran altitud, donde el aire tiene una composición similar pero es

más denso. Solo la gente que creció a esas alturas está cómoda en ellas. Vete a Perú y verás a lo que me refiero.

* * * *

Como dije, hay espacio para el desacuerdo. Hay también una larga tradición de teorías científicas sobre extraterrestres, alegando que deben parecerse mucho a nosotros, quizá no en la forma, pero sí en su bioquímica y el entorno en el que viven. La ciencia en cierres de la astrobiología generalmente toma lo que sabemos de la biología terrestre y lo proyecta en el conocimiento de mundos alienígenas que conocemos a través de la astronomía. Con la búsqueda de vida extraterrestre entonces empieza la búsqueda de mundos habitables, donde «habitável» significa que nosotros podríamos vivir en él, o algo muy similar a nosotros, adaptado a las condiciones locales, como los peruanos lo están a la altitud.

Si crees que los extraterrestres deberían parecerse a nosotros, puedes valorar las perspectivas de extraterrestres empezando con la vida en la Tierra. ¿Cómo funciona la vida terrestre (identificada simplemente como «vida»)? A pesar de su diversidad, todo depende del ADN, el ARN y un sistema muy estándar de maquinaria molecular. Hay algunas variaciones, pero son ligeras. ¿Qué necesitan las criaturas de la Tierra para sobrevivir? Agua, oxígeno, tierra sobre la que vivir, temperaturas agradables, bajos niveles de radiación. La energía del Sol. Un entorno estable, bueno, bastante estable: no demasiados terremotos, erupciones volcánicas, tsunamis, incendios forestales o llegada de cometas y asteroides.

¿Significa esto que todas las formas de vida extraterrestre necesitarían lo mismo? ¿Tendría también el mismo tipo de ADN? El razonamiento para esta visión se reduce a un hecho simple: la única vida sobre la que sabemos algo existe sobre este planeta. Todo lo demás es hipotético. Desde este punto de vista, la única postura científica sensata es que nuestro tipo de vida es el único tipo de vida. ¿No estás de acuerdo? Entonces demuéstramelo.

Si insistes. Hay buenas razones para suponer que el ADN quizá no sea el único elemento en juego. En el capítulo anterior vimos que prácticamente todos los elementos importantes en la bioquímica de la Tierra se pueden modificar y todavía funcionaría. Puedes cambiar la estructura molecular del ADN. Puedes usar un código genético diferente para transformar secuencias de bases de ADN en aminoácidos, las piezas de construcción básicas de las proteínas. Puedes incluso cambiar el número de bases que codifican un aminoácido, del habitual tres a cuatro. Puedes cambiar la lista de aminoácidos. Puedes usar diferentes proteínas para funciones específicas. La vida puede existir sin oxígeno, sin luz del sol y, según una conferencia dada en la Royal Society hace unos pocos años, sin agua.

Las formas de vida que no usan la química del carbono-oxígeno como una fuente de energía tienen que hacer alguna otra cosa y una posibilidad usa en su lugar azufre y hierro. Günter Wächtershäuser, un químico y abogado de patentes, plantea que la vida en la Tierra primero surgió en una fuente hidrotermal en el

suelo oceánico, aprovechándose de las sustancias químicas que son habituales de dichos lugares, en particular sulfuro de hierro.¹¹⁶

Con la ayuda de pequeñas cantidades de catalizadores como el níquel y el cobalto, el agua caliente fluyendo sobre sulfuro de hierro puede formar moléculas orgánicas razonablemente complejas, conocidas como metal-péptidos. Existen algunos apoyos experimentales para estas ideas, pero no está claro lo compleja que puede llegar a ser este tipo de química. Es, sin embargo, una alternativa convincente a la química del carbono, y quizá haya ocasionado formas de vida primitivas.

Menos hipotéticamente, hay un lago en el fondo del Mar Mediterráneo, a 3,5 kilómetros de profundidad al oeste de Creta. Digo «lago» porque una capa densa de agua inusualmente salada se ha juntado ahí, reunida en el fondo del mar. Difícilmente contiene algo de oxígeno disuelto, pero sí mucho ácido sulfídrico, que rezuma sobre una gruesa capa de lodo. La única vida que debería existir en el lago son las bacterias anaeróbicas, que no necesitan oxígeno. Pero lo cierto es que hay pequeños animales complejos, con un metabolismo de hidrógeno-azufre. Bill Martin, un biólogo evolutivo, cree que estos animales cambian nuestra visión del origen de las eucariotas.¹¹⁷

La teoría ortodoxa es que las eucariotas evolucionaron a causa de una masiva acumulación de oxígeno en el océano y en la atmósfera, de desperdicios de bacterias fotosintéticas y algas. El oxígeno es una

¹¹⁶ G. Wächtershäuser, «Groundworks for an evolutionary biochemistry: the iron-sulphur world», *Progress in Biophysics and Molecular Biology* 58 (1992), 85-201.

¹¹⁷ N. Lane, «Genesis revisited», *New Scientist* 2772 (17 de agosto de 2010), 36-39.

fuente potencial de energía, de modo que los organismos podrían evolucionar para explotarla. Las mitocondrias, vitales para las eucariotas, hacen justo eso, y también protegen la célula contra los efectos tóxicos del oxígeno (cosas quemándose en él). Martin alega que el oxígeno es reactivo solo cuando está en la forma de radicales libres, pero las mitocondrias crean radicales libres, por lo tanto empeoran el problema, y extraer la energía del oxígeno es tan complejo que se debe tardar mucho tiempo en desarrollarse. Así que, durante miles de millones de años, los océanos habrían estado repletos de ácido sulfídrico y los anaerobios no habrían sido corrompidos con oxígeno. Por lo tanto, quizá no fuese oxígeno lo que dio lugar a las eucariotas, sino ácido sulfídrico. Los animales en el lago bajo el mar quizá sean reliquias de ese proceso, aunque seguramente han ido cambiando a lo largo de los más de mil millones de años de evolución. Si Martin está en lo correcto, la vida en la Tierra empezó como una vida no terrestre. Ya que el oxígeno no era necesario en este caso, es tonto pensar que debe de ser necesario para los extraterrestres.

Hay otro argumento contra la unicidad del ADN y la química asociada. De acuerdo, hay millones de especies diferentes en el planeta Tierra. Todas usan la misma bioquímica, pero eso no implica que alguna otra no sea posible, porque todas evolucionaron a partir de las mismas formas ancestrales primitivas. La vida se reproduce: tan pronto como algo funciona, se encuentra en todas partes. En cierto sentido, esos millones de especies no proporcionan

más pruebas convincentes para la necesidad de un esquema de bioquímica concreto que las que una única especie proporcionaría. No solo eso: incluso en este planeta, la vida existe en hábitats completamente diferentes, tan diferentes que hasta hace poco los biólogos negaban que la vida pudiera existir en algunos de ellos. Estas formas de vida son primitivas, a un nivel de bacterias. Colectivamente se conocen como extremófilos, organismos que pueden sobrevivir en condiciones extremas. Algunos viven felizmente en agua hirviendo, otros en aguas que han sido sometidas a sobre enfriamiento, es decir, bajo su punto normal de congelación. Algunos han sido encontrados a tres kilómetros bajo tierra, otros en la estratosfera y algunos pueden sobrevivir a niveles de radiación que serían fatales para todas las otras formas de vida. A finales de 2010, un equipo dirigido por Stephen Giovannoni de la Universidad del estado de Oregón perforó cerca de 1.400 metros en el suelo del Océano Atlántico, donde encontraron bacterias que crecían con fuerza a una temperatura de 102 °C.¹¹⁸ Los científicos de la NASA han informado que algunas bacterias en un lago californiano usan arsénico, venenoso para la mayoría de los organismos, en lugar del habitual fósforo, aunque este hallazgo es polémico.

El término «extremófilo» refleja un sesgo humano inconsciente. Para una criatura que vive en agua hirviendo, somos nosotros quienes estamos ocupando un entorno extremo. De algún modo

¹¹⁸ O.U. Mason, T. Nakagawa, M. Rosner, J.D. Van Nostrand, J. Zhou, A. Maruyama, M.R. Fisk y S.J. Giovannoni, «First investigation of the microbiology of the deepest layer of ocean crust», *PlosOne*, 5(11): e15399. doi:10.1371/journal.pone.0015399.

sobrevivimos al frío atroz de un verano británico. La palabra «sobrevivir» sugiere dificultad, pero un extremófilo no está aferrándose desesperadamente al borde de la supervivencia en su piscina hirviente, está cómodo ahí, moriría si lo moviésemos a un agua que simplemente estuviese terriblemente caliente. Lo mismo se aplica para la otra clase de extremófilos, capaces de vivir en un frío helado. Nuestro entorno normalmente sería demasiado caliente para ellos.

Encuentro extraño que tanto calor agobiante como frío helado estén, de algún modo, agrupados juntos en la única categoría «extremo», pero las cosas en el medio son diferentes. Esto tiene un regusto a localismo y me recuerda mucho a Ricitos de Oro y los tres ositos.

Volveré sobre esto.

* * * *

No hace tanto, mucha gente, incluyendo a científicos, tenían lo que pensaban que era una muy buena razón para creer que la Tierra es única, el único planeta que puede albergar vida. Su razonamiento fue mucho más lejos; «sabían» que la Tierra era el único planeta en el Sistema Solar que podía albergar vida, porque el Sistema Solar era el único lugar en el universo que tenía planetas. Apoyando este punto de vista estaba la clara constatación de un hecho: no se habían observado planetas alrededor de otras estrellas, de manera que su existencia era hipotética. Lo hipotético no tiene hueco en una ciencia sólida, la única razón para pensar que otros planetas pudiesen existir era especulación pura, basada en nuestro conocimiento limitado sobre la formación del Sistema Solar.

Sin duda, esto sugiere exactamente lo contrario: que no había nada muy especial en relación con el Sol, por lo tanto procesos parecidos probablemente se hubiesen dado en otros lugares. Eso significa planetas. Era admisible, pero no había pruebas, de modo que no era ciencia.

Esta particular línea de pensamiento ha seguido el mismo camino que el dodo. Cuando escribo, conocemos 518 planetas que dan vueltas alrededor de otras estrellas,¹¹⁹ el término técnico es «exoplanetas». Cada semana se descubren más. Se está haciendo obvio que una proporción importante de las estrellas en el universo tienen planetas, posiblemente la mayoría de ellas. Puede que nunca seamos capaces de observar la gran parte de estos mundos directamente, pero una muestra aleatoria normalmente representa una verdad más amplia. Los planetas ya no son el problema. La única razón por la que no los observamos antes fue que carecíamos de la tecnología para detectarlos. Por lo tanto, los límites del debate se han movido a la existencia de planetas como la Tierra. Casi todos los exoplanetas conocidos son enormes, más grandes que cualquiera del Sistema Solar, haciendo pequeño incluso a Júpiter. Los conservadores acérrimos se han retirado a una posición preparada con anterioridad, ahora insistiendo en que las pruebas simplemente demuestran la existencia de planetas gigantescos que difícilmente podrían ser más diferentes de la Tierra, lo que para ellos significa que no hay posibilidad de vida en dichos mundos. De nuevo, hay una buena razón por la que la mayoría de los

¹¹⁹ Este era el número el 11 de enero de 2011.

exoplanetas conocidos no se parecen a la Tierra: los métodos usados para detectar exoplanetas funcionan mejor si el planeta es muy grande.

Técnicas de observación mejoradas han hecho mover los límites de nuevo: ahora conocemos exoplanetas mucho más pequeños y ya podemos detectar los principales gases de sus atmósferas. En 2008, el equipo de Mark Swain en el Laboratorio de Propulsión a Chorro en California detectó por primera vez una molécula orgánica, metano, en un exoplaneta.¹²⁰ La encontraron en HD 189733b, un «Júpiter caliente» a aproximadamente 63 años luz de la Tierra. También se encontró vapor de agua en GJ 1214b,¹²¹ y el mismo método debería ser capaz de encontrar oxígeno.

Esto sugiere que es poco inteligente descartar las posibilidades razonables en base a que no hay observaciones que las apoyen. Se necesitan pruebas independientes de que estas posibilidades son intrínsecamente improbables. Una carencia de observaciones puede cambiar en cualquier momento con la invención de una técnica nueva. De modo que la ausencia actual de pruebas de formas de vida extraterrestres que difieren de las que hay en la Tierra podría simplemente ser debido a la ausencia de pruebas de formas de vida extraterrestre. Justo como la ausencia de pruebas de planetas como la Tierra era, hasta hace poco, debido a la ausencia de pruebas de

¹²⁰ M.R. Swain, G. Vasisht y Giovanna Tinetti, «The presence of methane in the atmosphere of an extrasolar planet», *Nature* 452 (2008), 329-331.

¹²¹ J.L. Bean, E.M.-R. Kempton y D. Homeier, «A ground-based transmission spectrum of the super-Earth exoplanet GJ 1214b», *Nature* 468 (2010), 669-672.

los planetas, lo que no es una prueba de la ausencia de los planetas, sean como la Tierra o no.

* * * *

Se ha planteado el caso de que la vida compleja en otro lugar en la galaxia, o el universo, sea muy poco común de manera elocuente y comprensiva en *Rare Earth*. Ward y Brownlee listan un gran número de características especiales de nuestro planeta, todas supuestamente necesarias para que la vida exista y luego calculan lo probable que es dicha combinación de características. El resultado es, efectivamente, muy improbable. Ellos no descartan formas de vida simples, tales como las bacterias, pero argumentan de manera persuasiva que cualquier cosa, incluso de la complejidad de, por ejemplo, un pez de colores, deber ser algo muy raro en nuestro universo. No afirman que la Tierra sea única en albergar dichas criaturas, pero otras Tierras, si es que existen, estarán muy diseminadas.

Haré una lista de algunos ejemplos de estas características, están basados en ciencia sólida, muchos de ellos recientes y sorprendentes, y de interés por derecho propio. Restringiré la atención a los tres astronómicos. Los dos primeros son relativamente nuevos, el tercero es mucho más viejo.

1. Júpiter protege a los planetas interiores, la Tierra entre ellos, de ser bombardeados por cometas. Un ejemplo espectacular de este proceso fue la ruptura del cometa Shoemaker-Levy 9 en 1994. Con anterioridad, el cometa había pasado cerca de Júpiter y fue desviado de su órbita, de modo que volvería

después de unos pocos años. A medida que se aproximaba al planeta gigante, se rompió en veinte pedazos, que chocaron contra Júpiter liberando la energía de seis millones de megatones de TNT, aproximadamente seiscientas veces el almacenamiento total de armas nucleares del mundo. Si uno de estos fragmentos hubiese golpeado la Tierra, nada más grande que una bacteria habría sobrevivido y, probablemente, ni ellas. Sin Júpiter los cometas estarían golpeando la Tierra más o menos cada veinte años.

2. La Luna de la Tierra mantiene los ejes de rotación de nuestro planeta estables. Los cálculos matemáticos muestran que un mundo carente de una luna que es grande comparada con el planeta sufrirá cambios erráticos en la dirección de sus ejes en períodos de decenas de millones de años.¹²²¹³ Las lunas grandes son poco comunes, se cree que la nuestra se originó a partir de una colisión descomunal entre la Tierra y un cuerpo del tamaño de Marte durante las primeras etapas de formación del Sistema Solar. Dichas colisiones son raras.
3. La Tierra está situada dentro de la zona habitable del Sol, un hueco en el espacio dentro del cual puede existir agua en estado líquido en la superficie del planeta. Si nos acercamos mucho al Sol, el agua se convertirá en vapor y puede que se evapore totalmente; si estamos demasiado lejos, se congelará. La zona habitable es limitada: Mercurio y Venus, cercanos al

¹²² J. Laskar, F. Joutel y P. Robutel, «Stabilization of the Earth's obliquity by the Moon», *Nature* 361 (1993), 615-617.

Sol, están en la parte interior; Marte, Júpiter, Saturno, Urano y Neptuno, están en la parte exterior. Nosotros tenemos suerte.

Rare Earth hace una lista de una docena de características de este tipo y son regularmente citadas de memoria en programas de ciencia de la televisión como una prueba de que la Tierra está muy próxima a ser única. Sin embargo, el asunto de la rareza de la Tierra, como la noticia prematura de la muerte de Mark Twain,¹²³ ha sido terriblemente exagerado.

De hecho, la importancia de cada elemento de la lista ha sido exagerada. Peor, la trascendencia de cualquiera de esas listas ha sido exagerada. Repasaré los tres elementos anteriores uno por uno y luego daré mi objeción más general.

Júpiter. Como Shoemaker-Levy 9 demuestra, hay ocasiones en las que Júpiter realmente protege a la Tierra de los cometas. Pero eso no implica que siempre tenga un efecto beneficioso. Puede también desviar cometas entrantes, causando que uno que podría haber esquivado la Tierra la golpee.

Los gobiernos del mundo y la NASA están empezando a preocuparse por los objetos cercanos a la Tierra o NEO (del inglés *near Earth objects*). Estos son trozos de roca cósmica cuya órbita alrededor del Sol puede hacer que se acerquen a la Tierra. Muchos son asteroides, cuerpos cuyo tamaño varía de una pelota de tenis a un tercio del diámetro de la Luna, aunque los cuerpos más grandes en

¹²³ Parece ser que se publicó un obituario de Mark Twain por error, y cuando él lo vio escribió al periódico diciendo «la noticia de mi muerte ha sido terriblemente exagerada». (*N. de la t.*)

órbitas cercanas a la Tierra son mucho más pequeños que eso. Los asteroides se encuentran por miles en el cinturón de asteroides entre Marte y Júpiter. De hecho, la mayoría de los asteroides que se cruzan con la Tierra probablemente se originaron en el cinturón de asteroides. Si se hubiesen quedado allí, no supondrían un peligro para nuestro mundo. ¿Qué hizo que sus órbitas cambiaron para hacer que se puedan cruzar con la Tierra?

Júpiter.

Los cálculos matemáticos muestran que Júpiter tiene un gran efecto en la órbita de los asteroides. De hecho, por ser el planeta más grande del Sistema Solar, Júpiter tiene un gran efecto en la órbita de cuerpos pequeños. Una de las cosas que Júpiter puede hacer es alterar asteroides adecuados, provocando que sus órbitas se alarguen hasta que se crucen con la órbita de Marte. Lo que hace que se crucen con Marte, no con la Tierra. Pero ahora, si están cerca de Marte, pueden ser desviados de nuevo y sus órbitas pueden cruzar la órbita de nuestro Planeta Azul. Así que Júpiter centra el balón y Marte marca gol.

Júpiter tiene dos caras. Una es la de protector. La otra nos tira piedras.

Ward y Brownlee discuten esto y argumentan que el impacto ocasional de asteroides pudo haber sido bueno para la evolución, reestructurando radicalmente la bioesfera. Y así podría ser, pero yo me pregunto por qué los asteroides son beneficiosos en este aspecto, mientras los cometas no. Parece como un alegato especial. De hecho, la presencia de Júpiter podría hacer más mal que bien.

La Luna. A diferencia de la mayoría de los astrónomos, no estoy convencido de que la actual teoría del origen de la Luna sea correcta,¹²⁴ pero, cualquiera que fuese el mecanismo, sí que parece probable que satélites cuyo tamaño es comparable al de su planeta primario sean bastante raros. Así que reconoceré eso. Y estoy de acuerdo en que la presencia de dicho cuerpo estabiliza la inclinación del eje. Sin embargo, no está del todo claro que si el eje de un planeta cambia su dirección a lo largo de un período de decenas de millones de años, que es lo que las matemáticas dicen, entonces esto suponga un problema insuperable para la evolución. Las criaturas de la Tierra han podido con edades de hielo que van y vienen cada diez mil o veinte mil años, que es mucho más rápido que un cambio en la inclinación del eje. Las criaturas terrestres puede trasladarse con los cambios de clima, a menos que se queden sin tierra para moverse, lo cual puede pasar. Estamos hablando de unos cuantos cientos de metros por año, y las criaturas terrestres se están moviendo más rápido que eso en la actualidad en respuesta a los cambios climáticos (nuestro viejo gato se mueve más rápido que eso cuando persigue a un ratón, pero yo me estoy refiriendo a cambios en la localización geográfica media). Los

¹²⁴ Las misiones Apolo a la Luna trajeron rocas que muestran que la superficie de la Luna tiene una composición casi igual a la del manto terrestre. La Luna también tiene un momento angular grande. Un modo atractivo de explicar ambos hechos es una colisión entre la Tierra y otro gran cuerpo, que lanzó por los aires un gran pedazo de manto, formando la Luna. Las simulaciones muestran que un cuerpo del tamaño de Marte podría haber hecho esto. Esta «teoría del gran impacto» se asentó y al cuerpo en cuestión se le puso el nombre de Theia. Pero más tarde, simulaciones mejoradas mostraron que un gran pedazo de Theia también terminó en la Luna. De modo que ahora se asume que Theia tenía casi exactamente la misma composición que el manto de la Tierra. Esto nos sitúa de nuevo donde estábamos al principio, pero con un cuerpo extra implicado. Yo llamo a esto «perder los papeles».

pájaros pueden volar cruzando el mar abierto. Y las criaturas del océano no notarán ninguna diferencia. Puesto que está generalmente aceptado que la vida empezó en los océanos terrestres y en ellos se hizo muy compleja, entonces la inclinación de los ejes de la Tierra importa un comino.

Zona habitable. Con frecuencia se hace referencia a la zona habitable de una estrella como la zona Ricitos de Oro porque es «justo a mi medida». El problema con las ideas de la zona habitable no es que el concepto sea completamente tonto, sino que es demasiado simplista. No está claro, por ejemplo, si la Tierra está dentro de la zona habitable del Sol. Una Tierra sin aire quizá tuviese una temperatura en su superficie que quemase, como la Luna cuando el Sol está por encima; por otro lado, una Tierra con demasiado poco dióxido de carbono o una superficie reflectante blanca quizá estaría cubierta por hielo, como algunas zonas del planeta lo están ahora y lo estaban la mayoría durante el período de glaciación global hace alrededor de setecientos millones de años. Tanto Marte como Venus podrían admitir agua líquida en las circunstancias adecuadas, pero en las que actualmente prevalecen, Marte puede bajar a los -15°C y Venus está lo suficientemente caliente para derretir el plomo. La temperatura más alta en superficie registrada en Marte es 27°C , pero solo en días de verano raros.

Merece la pena mirar un poco más de cerca las matemáticas de las zonas habitables, para ver dónde surgen las dificultades. Los cálculos empiezan a partir de una idea central en la física del calor

llamada cuerpo negro. Un objeto verde parece verde al sistema visual humano, pero el objeto refleja la luz del sol en un intervalo de longitud de onda que nuestro cerebro interpreta como «verde». Un objeto negro no refleja ninguna longitud de onda en el intervalo visible; negro es la opción por defecto en el cerebro para tales objetos. Un cuerpo negro de los físicos es una versión extrema e idealizada de esto: no refleja radiación electromagnética en absoluto.

Sin embargo, la reflexión no es el único modo para un objeto de emitir radiación. Un cuerpo negro en una temperatura de cero grados Kelvin, el «cero absoluto», la temperatura más baja posible, no emitirá radiación de ningún tipo. Pero a cualquier otra temperatura, un cuerpo negro sí que emite radiación, es solo que no lo hace por reflexión. En su lugar, resplandece incandescentemente, como una barra de hierro al rojo vivo. La intensidad de la radiación emitida depende de la temperatura y de la longitud de onda de la radiación. La física clásica predice que un cuerpo negro debería emitir una cantidad infinita de energía, pero eso no tiene sentido. En 1901 Max Planck obtuvo una nueva fórmula que estaba en concordancia con las observaciones y esta fue más tarde interpretada como una evidencia para un mundo cuántico.

La ley de Planck puede usarse para derivar una fórmula para la temperatura de un planeta que orbita una estrella, y eso nos permite calcular dónde están los límites internos y externos de la zona habitable. Hay dos versiones de la fórmula. La más simple modela el planeta como un cuerpo negro, sin embargo, un planeta

real reflejará alguna de la radiación que le llega. Y el segundo modelo tiene esto en cuenta incorporando una cantidad extra a la fórmula. Es llamada el albedo del planeta, que es la fracción de la radiación entrante que es reflejada.

Solo en la primera versión puede darse una zona habitable que dependa solo de las características de la estrella. Tan pronto como el albedo entra en juego, la zona habitable también depende de las características del planeta, real o hipotético, que está bajo consideración. La segunda versión es más general que la primera: si fijamos el albedo en cero, el valor para un cuerpo negro, tenemos el primer modelo. La fórmula relaciona la temperatura del planeta con el tamaño de la estrella, su temperatura en la superficie, la distancia de la estrella al planeta y el albedo del planeta.¹²⁵

Primero calculemos a qué temperatura estaría la Tierra si su albedo fuese cero, el valor para un cuerpo negro. La respuesta es 279 K, o 6 °C, colocándonos justo dentro de la zona habitable. Sin embargo, si usamos el albedo observado, que es 0,3, la temperatura es 254 K, que es -19 °C, por debajo del punto de congelación del agua. De modo que considerando el albedo correcto llegamos al resultado

¹²⁵ Estoy simplificando la discusión ligeramente, la fórmula habitual también incluye la emisividad del planeta (su habilidad para emitir radiación). Esta la he fijado con el valor 1, que es lo típico. La fórmula es

$$T_p = T_s \sqrt{\frac{R}{2D}} \left(1 - \frac{\alpha}{\varepsilon}\right)^{1/4}$$

donde T_p es la temperatura del planeta, T_s es la temperatura de la estrella, R es el radio de la estrella, D es la distancia de la estrella al planeta, α es el albedo del planeta y ε es la emisividad del planeta.

Para el sistema Tierra-Sol, $T_s = 5.800$ K, $R = 700.000$ km, $\alpha = 0,3$ y la media de emisividad de la Tierra en la región infrarroja del espectro (que es donde más energía es radiada) viene dado aproximadamente por $\varepsilon = 1$. Sustituyendo estas cifras en la fórmula tenemos: $T_p = 254$ K.

paradójico de que el único planeta conocido habitable en el universo no se encuentra dentro de la zona habitable de su estrella.

Para ubicar el límite exterior de la zona habitable, consideramos un planeta hipotético cuya temperatura en la superficie es el punto de congelación del agua, 273 K. Entonces solucionamos la ecuación para hallar la distancia. Para el límite interno, hacemos lo mismo, pero usando la temperatura de ebullición del agua: 373 K. De nuevo, hay dos versiones. Para un albedo de cero, el valor para un cuerpo negro, la zona habitable del Sol se extiende desde 83 millones a 156 millones de kilómetros. Si fijamos el albedo en 0,3, el valor medido para la Tierra, entonces la zona habitable se extiende desde 69 millones a 130 millones de kilómetros.

Las distancias medias para los cuatro planetas interiores del Sol en kilómetros son 58 millones para Mercurio, 108 millones para Venus, 150 millones para la Tierra y 228 millones para Marte. De modo que para el albedo 0, la Tierra se mete por los pelos en la zona habitable del Sol... pero también lo hace Venus. Para el albedo 0,3, solo Venus se encuentra dentro de la zona habitable. La Tierra y Marte son demasiado fríos y Mercurio demasiado caliente.

¿Por qué, entonces, la Tierra es habitable? Porque su atmósfera contiene gases de efecto invernadero, principalmente dióxido de carbono y vapor de agua, que atrapan las radiaciones entrantes y la hacen más cálida de lo que sería si no tuviese atmósfera. Pero el concepto habitual de una zona habitable no tiene en cuenta la atmósfera del planeta. La idea de que una estrella tiene una zona habitable, independientemente de las propiedades relevantes del

planeta, es una simplificación excesiva. Por supuesto, en un sentido cualitativo amplio es cierto que si un planeta está muy cerca de su estrella entonces cualquier agua presente en la superficie hervirá, y si está muy lejos, el agua se congelará. Pero «zona habitable» le da un aire engañoso de precisión.

El calentamiento por los gases de efecto invernadero es solo uno de una inmensa variedad de efectos que entre ellos más o menos echan por tierra «zona habitable» como un concepto útil. La temperatura de la superficie de un planeta depende de muchos factores, solo uno de los cuales es lo lejos que está de su estrella para un calor producido dado. Por ejemplo, las nubes y el hielo pueden incrementar el albedo enfriando el planeta, así como el dióxido de azufre. El dióxido de carbono, metano y vapor de agua pueden calentarla. Circuitos de retroalimentación entre diferentes factores complican más las posibilidades: el calentamiento de los mares puede crear nubes que reflejen de vuelta calor y luz, la disminución de la capa de hielo puede permitir la entrada de más calor y luz. Incluso teniendo todo esto en cuenta, no es cierto que el único lugar donde el agua líquida puede existir sea la superficie de un planeta en la zona habitable. Por ejemplo, solía pensarse que Mercurio estaba bloqueado en una resonancia de giro-orbital, haciendo una rotación durante el mismo tiempo que tardaba en dar una vuelta al Sol. Si es así, siempre la misma cara miraría al Sol, del mismo modo que la misma cara de la Luna está enfrente de la Tierra (más o menos, con un poco de tambaleo, conocido como libración). En realidad a Mercurio no le pasa esto, pero hay muchas razones para

esperar que algunos mundos en algún lugar de la galaxia pudieran estar muy cerca de su estrella, mucho más cerca que la zona habitable definida antes, y atrapado en una resonancia de este estilo. De hecho, este es el caso para al menos un exoplaneta.¹²⁶ Si es así, una cara del planeta estaría muy caliente y la otra muy fría... y entre medias habría un cinturón con temperaturas más moderadas, adecuado para que el agua en estado líquido exista. «Justo a mi medida», realmente.

Los astrónomos están casi seguros de que agua líquida existe en un número de cuerpos en nuestro Sistema Solar que están bastante fuera de la zona habitable del Sol. Primordial entre ellos es Europa, un satélite de Júpiter. Hay pruebas convincentes de que Europa, un cuarto del diámetro de la Tierra, tiene un océano que contiene tanta agua como todos los océanos de la Tierra juntos. Aunque la superficie de Europa es hielo sólido. De modo que, ¿dónde está el océano?

Bajo el hielo.

Las medidas del campo magnético de Europa revelan cambios que actualmente parecen ser consistentes con solo una cosa: un océano mundial encorsetado sobre cuya superficie flota hielo. El agua se mantiene cálida por el calor generado en el núcleo de Europa, probablemente causado por repetidas contracciones causadas por el inmenso y potente campo gravitacional de Júpiter. Los tres satélites interiores más importantes de Júpiter, Ío, Europa y Ganímedes, están atrapados en una resonancia orbital; mientras Ío rota cuatro

¹²⁶ Un ejemplo es el exoplaneta HD 209458b.

veces, Europa lo hace dos y Ganímedes una. Esto crea mareas inevitables, y los apretones causan fricción, que calienta el núcleo. Esto no es un escenario tan descabellado, los continentes de la Tierra y el fondo del mar de roca sólida flotan en un vasto océano subterráneo de magma.¹²⁷

Europa no es la única que tiene dicho océano. Ganímedes y Calisto podrían tener uno también, Ío probablemente tenga uno pero de azufre, no agua, y la luna de Saturno, Titán, podría tener un océano bajo la superficie de metano líquido medio derretido.

Finalmente, está el punto obvio de que los extremófilos de la propia Tierra viven en condiciones que están fuera de la zona habitable; agua a temperatura sobre el punto normal de ebullición y bajo su punto normal de congelación. No muy lejos de él, pero por debajo de todos modos. ¿Podrían haber evolucionado en dichas condiciones extremas? Esto está menos claro, pero ya hemos visto que en una teoría admisible del origen de la vida los primeros desarrollos fueron como... extremófilos.

* * * *

Gigantes gases protectores, lunas estabilizadoras, órbitas de Ricitos de Oro... *Rare Earth* lista docenas de dichos factores y, como esos tres, la mayoría de ellos están abiertos a serios desafíos. Pero hay un tema más general, un punto matemático: la lógica.

¹²⁷ Los habitantes del magma semimetal de Grumbatula VI solían pensar que Sol III (la Tierra) era demasiado fría para albergar vida, estando bastante fuera de la zona habitable del Sol en la cual la superficie de los planetas era roca fundida. El descubrimiento de un océano de magma subterráneo en la Tierra capaz de contener un millón de veces más el magma de todos los océanos de Grumbatula VI juntos fue al principio recibido con incredulidad porque no era concebible una fuente de calor para mantenerlo fundido, pero ahora ha provocado un replanteamiento entre los astroeruditos más imaginativos.

Está muy bien hacer una lista de docenas de características especiales de la Tierra, todas ellas definitivamente representaron un papel importante en la evolución de la vida. Pero es erróneo concluir a partir de esto (solo de esto) que esas características son necesarias para la vida. La conclusión correcta es que fueron suficientes. «Suficientes» significa que con ellas la vida surgió. «Necesarias» significa que sin ella no habría surgido. Las dos son diferentes, y es a la primera a la que la lista de características apoya. Para mojarte, es suficiente estar de pie bajo la lluvia sin protección. Pero no es necesario. En vez de eso, te puedes caer a un lago o darte un baño. La evolución es un universal, y su principal característica es que las criaturas evolucionan para adaptarse a su hábitat. Si alguna forma de vida puede existir en algún hábitat, incluso si parece hostil a nosotros, entonces la vida puede evolucionar para adaptarse. No importan nuestras opiniones, porque nosotros no vamos a vivir allí. Si nos aproximamos a la pregunta sobre la vida alienígena con la suposición tácita de que la única forma sensata de vida somos nosotros, ignoraremos todas las otras posibilidades. El mundo «extremófilo» es humano-centrado: empieza donde nosotros estamos y declara qué es lo sensato y razonable. Cuanto más lejos vamos en nuestro centro autodefinido, las cosas se vuelven más «extremas». Recuerdo una exhibición en un museo sobre la fauna abisal, que decía algo sobre el efecto que «sus formas extrañas reflejan las condiciones extrañas bajo las que viven». Parece que tiene sentido: condiciones extrañas implican formas extrañas. No como las condiciones normales que implican formas normales. Como

nosotros. Pero todo está al revés. Condiciones normales, en este sentido, son aquellas a las que estamos acostumbrados. Lo mismo que las formas normales. Pero nosotros somos tan diferentes de los peces como ellos lo son de nosotros, tanto en forma como en hábitat. Para ellos, seríamos extraños y ellos serían normales. Para la evolución, los dos seríamos normales, con relación a nuestro hábitat.

* * * *

Una lectura más imaginativa del cuento de Ricitos de Oro plantea lo mismo y formula un conjunto de preguntas mucho más interesantes. La sopa de Mamá Osa estaba muy fría para Ricitos de Oro y la sopa de Papá Oso estaba muy caliente, mientras que la de Bebé Osito estaba justo a su medida. Y así era, para Ricitos de Oro. Para Mamá Osa, sin embargo, la sopa de Bebé Osito estaba bastante caliente. Para Papá Oso, demasiado fría. El punto de vista de Ricitos de Oro no es privilegiado. Aunque pudiera ser relativismo social impreciso, creo que Mamá Osa y Papá Oso tienen también ambos opiniones válidas.

Discusiones de cosas tales como la presunta importancia de Júpiter en la protección de la Tierra de los impactos de cometas con frecuencia sigue una de estas líneas: «Sin Júpiter, la Tierra sería golpeada por un cometa cada veinte años». Hay un sentido en el cual dicha afirmación es cierta, pero una mirada más cercana revela que no lleva a ningún sitio. Es como los comentaristas deportivos diciendo «si no hubiese sido un fuera de juego, ese gol que acaba de marcar habría decidido el partido». Pero si el jugador no estuviese

fueras de juego, habría estado en un lugar diferente. Para marcar el gol, tendría que haber golpeado el balón de un modo diferente. No puedes cambiar un factor, fuera de juego, y mantener el resto exactamente como antes.

Es lo mismo con Júpiter. Sí, si consideras el Sistema Solar como es hoy y mágicamente haces desaparecer Júpiter, los cometas lloverían sobre una Tierra desprotegida. Pero si el Sistema Solar hubiese evolucionado sin Júpiter, no sería el mismo que es, en todos los sentidos. Habría sido bastante diferente. Por ejemplo, más cometas habrían golpeado la Tierra en el pasado, dejando menos que golpear ahora.

Las matemáticas de muchos cuerpos moviéndose por la gravedad, llamadas mecánica celeste, están revelando un aspecto insospechado de los sistemas planetarios. Concretamente, que ellos son sistemas. Durante miles de millones de años, se organizaron a sí mismos de maneras complejas. Los planetas más grandes, los gigantes gaseosos como Júpiter, tienen la mayor influencia. Otros, mundos menores, e incluso aquellos que solo son ligeramente menos grandes, se disponen hasta que el sistema completo se ajusta y actúa como un todo. Esto es la Gaia celestial.

Muy recientemente, se ha descubierto que la influencia de Júpiter en el Sistema Solar ha creado un tipo de metro celeste, una red de túneles gravitacionales que pueden percibirse matemáticamente pero consisten en un espacio vacío.¹²⁸ Estos túneles son rutas a lo

¹²⁸ M. Dellnitz, K. Padberg, M. Post y B. Thiere, «Set oriented approximation of invariant manifolds: review of concepts for astrodynamical problems», en *New Trends in Astrodynamics and Applications III* (ed. E. Belbruno), AIP Conference Proceedings 886 (2007), 90-99.

largo de las cuales la materia puede moverse más eficientemente. La disposición ha ocurrido como resultado de efectos de retroalimentación sutiles causados por la gravedad. Las ecuaciones para la gravedad no son lineales, lo que quiere decir que los efectos no son proporcionales a las causas. Sistemas no lineales tienen una tendencia a comportarse de modos sorprendentemente complicados y tienden a organizarse a sí mismos adaptándose a formas especiales de comportamiento.

Considerar un Sistema Solar sin Júpiter y argumentar que no sería acogedor para la vida equivale a cometer el mismo error que el comentarista deportivo. Olvida que si cambias una cosa, cambias todo. Las pruebas hasta la fecha demuestran que la mayoría de los Sistemas Solares tienen un planeta enorme como Júpiter. Parece probable que la mayoría de ellos tengan también planetas más pequeños, aunque estos son muy difíciles de localizar de momento. Si es así, entonces los Júpiteres organizarán a sus hermanos menores y muy a menudo habrá mundos pequeños más cercanos a la estrella y algunos grandes más alejados. Incluso si es cierto que planetas como Júpiter proporcionan protección general contra los cometas y demás. No es una gran coincidencia si uno de ellos existe en aproximadamente la órbita correcta. La naturaleza no construyó sistemas solares simplemente colocando planetas al azar. Estos tienen una estructura coherente.

Esto no es como decir que los planetas habitables son inevitables. Hay muchos modos de fracasar en ser habitable. Pero hay muchas estrellas en el universo (al menos 4×10^{22}) y probablemente muchos

más planetas. También hay muchos modos de ser habitable, y no todos los planetas habitables serán fotocopias de la Tierra. Re ejecuta el Sistema Solar, a partir de comienzos diferentes, y hay una posibilidad aceptable de que al menos un mundo podría todavía ser adecuado para la vida.

En algún momento de su historia, Marte pudo haber sido adecuado para una vida como la de la Tierra, hace mil millones de años o más. De hecho, se ha sugerido que la vida terrestre fue originalmente sembrada por Marte. El consenso actual es que esto es probablemente erróneo, pero no es totalmente impensable. Bastará mirar más de cerca a Marte para decidir el asunto.

* * * *

En contraste con la historia de *Rare Earth*, describiré algunas simulaciones matemáticas y modelos concebidos por los astrofísicos de Harvard, Dimitar Sasselov, Diana Valencia y Richard J. O'Connell, que sugieren que los planetas capaces de albergar vida como la de la Tierra podrían ser más comunes de lo que se ha creído hasta ahora.¹²⁹ Sus resultados también ponen en duda la visión común de que la Tierra es el tipo de mundo ideal para el tipo de vida que encontramos en ella.

El punto de partida para su trabajo es la comprensión de que las condiciones que hacen nuestro tipo de vida posible, no necesariamente requieren que los planetas afectados sean de un tamaño similar al nuestro. Lo que importa es que deberían recordar

¹²⁹ D. Sasselov y D. Valencia, «Planets we could call home», *Scientific American* 303(2) (agosto de 2010), 38-45.

a nuestro mundo en un aspecto clave: la existencia de placas tectónicas. Hay una sospecha creciente de que el movimiento dinámico de los continentes ayuda a estabilizar el clima de la Tierra. En particular, el dióxido de carbono se recicla desde la atmósfera al fondo del océano, donde es absorbido por los microorganismos marinos y convertido en carbonato; luego el carbonato subducido vuelve de nuevo a ser dióxido de carbono debido a los volcanes. Un clima estable ayuda al agua líquida a existir durante largos períodos de tiempo y el agua es necesaria para nuestro tipo de vida, incluso si otros tipos de vida pudiesen existir sin ella. El agua, a su vez, permite la evolución para generar formas de vida complejas dependientes del agua.

Se ha asumido que las placas tectónicas son raras. Y que necesitan un mundo de tamaño comparable al nuestro. La corteza de un mundo mucho más pequeño no podría romperse en las placas apropiadas, mientras que en un mundo mucho más grande sería un gigante gaseoso y no tendría una superficie como tal. Sasselov y sus compañeros han demostrado que ambas suposiciones son falsas. Las placas tectónicas podrían ser realmente muy comunes y podrían darse en planetas más grandes que la Tierra. La razón es la posibilidad de «súper-Tierras»: mundos rocosos con una composición geológica parecida a la nuestra, pero teniendo mucha más masa. Nadie ha investigado previamente los procesos geológicos internos de dichos mundos, probablemente porque no se conocía ninguno de dichos exoplanetas. De hecho, prácticamente todos los exoplanetas conocidos eran tan grandes que tenían que

ser gigantes gaseosos, y este era todavía el caso cuando el equipo empezó su modelo y publicó su primer artículo.

Sin embargo, en 2005, la imagen ya había comenzado a cambiar con el descubrimiento del exoplaneta GJ 876d, que orbita alrededor de la estrella Gliese876. Este era más pequeño que los típicos exoplanetas gigantes gaseosos entonces conocidos, aunque todavía mucho más grande que la Tierra. Había indicios de que podría ser en su mayoría roca, más que un gas. Sin embargo, no había un buen modo de medir la densidad del planeta, lo que inclinaría la balanza, porque el único método conocido requería que el planeta pasase por delante de su estrella padre cuando lo viésemos desde la Tierra. En 2009 se encontró un nuevo exoplaneta, CoRoT-7b, que pasó por delante de su estrella. Ahora una densidad estimada era factible y el resultado fue definitivo: CoRoT-7b estaba hecho de roca. Tenía alrededor de 4,8 veces la masa de la Tierra y 1,7 veces su radio. En 2010 un segundo planeta del tipo súper-Tierra que transitaba su estrella había sido localizado, conocido como GJ 1214b, con una densidad más cercana a la del agua que a la de la roca, y al parecer con una atmósfera gaseosa densa. Este planeta tiene 6,5 veces la masa de la Tierra y 2,7 veces su radio.

Ahora, había planetas reales para completar el análisis teórico hecho por Sasselov y sus colegas, añadiendo interés a sus cálculos. Primero demostraron que había dos tipos de súper-Tierras: las que tenían mucha agua y las que tenían mucha menos. El primer tipo se habría formado a bastante distancia de la estrella padre, donde podría haber recogido grandes cantidades de hielo. El segundo tipo

se habría formado más lejos todavía y sería relativamente seco. Ambos tipos se harían con un gran núcleo de hierro a medida que las partes más densas de su material fundido se fuesen hundiendo hacia el centro, y con un manto de silicato a medida que materiales más ligeros surgían. Las súper-Tierras ricas en agua tendrían océanos muy profundos sobre el manto, las más secas tendrían océanos poco profundos o no tendrían ninguno.

Debido a que la presión en el centro de una gran súper-Tierra es mayor que la presión de nuestro mundo, el núcleo de hierro se solidificaría más rápido. Esto probablemente implicaría que dicho planeta tendría poco o ningún campo magnético, y eso podría ser malo para la existencia de vida, porque el campo magnético protege a la superficie de las radiaciones. Sin embargo, también lo hacen los océanos profundos y en cualquier caso no sabemos cómo es de necesario realmente un campo magnético. Por ejemplo, algunas bacterias terrestres son resistentes a las radiaciones.

El interior de una gran súper-Tierra debería contener los elementos radiactivos uranio y torio, que generan la mayoría del calor que mantiene el núcleo de nuestro planeta fundido. Como estos elementos se dan en más o menos las mismas proporciones a lo largo de la galaxia, las súper-Tierras grandes tendrían una mayor cantidad de ellos de la que tiene nuestro mundo, y su núcleo sería considerablemente más caliente. El calor extra causaría convección en el manto para que fuera más vigoroso, y este, a su vez, dirigiría el movimiento de grandes placas en los límites de la roca, parecido a lo que pasa en la Tierra. Resulta que estas placas serían más finas que

las que hay en la Tierra porque se moverían más rápidamente y por lo tanto tendrían menos tiempo para engrosarse a causa del enfriamiento. Serían más fáciles de deformar, salvo que la gravedad más grande del planeta ejercería una mayor presión en las líneas de fallas, de modo que las placas no se deslizaran tan fácilmente como lo hacen aquí. Estos dos efectos tienden a anularse, por lo general, la resistencia a la fricción cuando las placas se deslizan una sobre otra es más o menos la misma, sin importar el tamaño.

En resumen: la tectónica de placas es probable que sea más común en súper-Tierras grandes de lo que lo es en planetas terrestres como la Tierra que son parecidos en tamaño a nuestro mundo. También sucede más rápido, lo que significa que el ciclo de subducción y actividad volcánica que tiende a mantener la concentración de dióxido de carbono bastante estable funcionaría, en todo caso, mejor. De modo que una súper-Tierra que fuese considerablemente más grande que nuestro mundo probablemente tendría un clima más estable que el nuestro, en escalas de tiempo geológicas, haciendo más fácil la evolución de vida compleja.

Este análisis cambia completamente la imagen de «Tierra rara». Los planetas terrestres, aproximadamente del mismo tamaño que el nuestro, deberían darse con bastante frecuencia, pero, comparativamente hablando, son probablemente bastante raros. Sin embargo, el número probable de súper-Tierras en la galaxia es mucho mayor que el número de planetas terrestres, de modo que las posibilidades de vida son mucho mejores de lo que podría parecer si solo nos centrásemos en los planetas terrestres. También

arroja serias dudas sobre los argumentos de Ricitos de Oro, pero resulta que la Tierra, lejos de ser «justo a mi medida» para la tectónica de placas que presenta, está muy cerca del extremo más bajo de los tamaños para los que dicho efecto puede suceder. Si la Tierra fuese ligeramente más pequeña, no tendría placas tectónicas y podría provocar que no se desarrollase vida compleja.

El planeta ideal como la Tierra parece, bajo este análisis, que es considerablemente mayor que la Tierra. Nosotros tan solo caímos en el rango aceptable.

Hay un mensaje general en este trabajo y necesita ser apreciado más ampliamente. El modo de entender las probabilidades que habría de vida extraterrestre si no nos centramos en las condiciones que son prácticamente parecidas a las que encontramos en este mundo, y luego argumentamos, confundiendo suficiencia con necesidad, como es típico, que solo estas condiciones son adecuadas para la vida. Lo que realmente importa es lo diferente que puede ser un planeta del nuestro y todavía albergar su propia forma de vida, adaptada a las condiciones imperantes por la evolución.

¿Cuán diversos pueden ser los seres vivos y sus mundos? No resolverás esto si empiezas asumiendo que todos tienen que ser justo como nosotros.

* * * *

Quizá la vida alienígena ya ha sido descubierta.

En 1997, la NASA envió la nave espacial Cassini-Huygens, en misión a Saturno. Siete años más tarde la nave alcanzó su destino.

La Huygens aterrizó en una de las lunas de Saturno, Titán. La nave espacial Cassini estuvo en órbita alrededor del planeta. Uno de los primeros descubrimientos, espectacular, aunque en cierta medida se esperaba, era que Titán tenía lagos. Debido al frío intenso a esa distancia del Sol, los lagos no tienen agua, sino un líquido compuesto de metano y etano.

Ahora algunos científicos se preguntan si Cassini ha encontrado signos de un tipo de vida exótico. Esta es una posible explicación para el extraño comportamiento de dos gases en Titán: hidrógeno y acetileno. Debería haber una barbaridad de hidrógeno, extendido bastante uniformemente en la atmósfera de la luna. Darrell Strobel, de la Universidad Johns Hopkins, ha descubierto que las corrientes de hidrógeno descienden a través de la atmósfera y desaparecen cerca de la superficie. Los astrónomos habían esperado que el acetileno fuese bastante común también, producido por reacciones químicas simples en la atmósfera de Titán y depositado en la superficie.

Pero no lo es.

En 2005 Chris MacKay, un científico planetario de la NASA, se dio cuenta de que una hipotética vida microbiana basada en el metano posiblemente necesitaría que reaccionase el hidrógeno con el acetileno para obtener su energía, del mismo modo que la mayoría de la vida en la Tierra hace reaccionar el oxígeno con moléculas que contienen carbono. Las nuevas observaciones son coherentes con este tipo de vida habitando la superficie de Titán y el consumo del hidrógeno y acetileno perdidos. Por supuesto, esto no se acerca a la

prueba de que Titán alberga dichas formas de vida exóticas, y Mark Allen, también en la NASA, ha propuesto que procesos no vivos son una explicación más probable. Por ejemplo, los rayos cósmicos podrían convertir el acetileno en sustancias más complejas cuando colisionan con sus moléculas. Pero ilustra el valor de no asumir que la vida en cualquier lugar debe ser muy parecida a la vida aquí. Si lo hiciéramos, podríamos habernos posicionado de parte de una oportunidad pequeña pero importante de perdernos una forma de vida extraterrestre en nuestro propio patio trasero.

Observa este espacio.

Capítulo 19

La sexta revolución

Las matemáticas han desempeñado un papel central en las ciencias físicas durante cientos de años. En 1623, en *El ensayador*, Galileo escribió:

La filosofía está escrita en este gran libro, el universo, que se muestra continuamente abierto a nuestra mirada. Pero el libro no puede entenderse a menos que uno primero aprenda a comprender el lenguaje y leer los caracteres en los que está escrito. Está escrito en el lenguaje de las matemáticas y estos caracteres son triángulos, círculos y otras figuras geométricas, sin las cuales es humanamente imposible entender una sola palabra de él, sin estos uno está vagando por un laberinto oscuro.

Sus palabras fueron proféticas. En el siglo XVII, las matemáticas se habían convertido en una fuerza importante impulsora tras los espectaculares avances en las ciencias físicas y, en la actualidad, matemáticas y física, junto con astronomía, química, ingeniería y áreas relacionadas, se han convertido en inseparables.

Sin embargo, hasta hace bastante poco, las matemáticas desempeñaban un papel mucho más pequeño en el desarrollo de las ciencias biológicas. Una razón es la vieja broma sobre un granjero que contrata a algunos matemáticos para ayudarle a mejorar su producción de leche. Cuando se presentan con su informe, el granjero lo abre y solo lee la frase inicial «consideremos una vaca

esférica». El lenguaje de Galileo de triángulos y círculos parece realmente eliminado de las formas orgánicas del mundo vivo. Tú no encuentras una vaca de Euclides.

La historia es entretenida y tiene una lección para los aspirantes a biomatemáticos. Pero también revela un malentendido sobre los modelos matemáticos. No tienen que ser una representación exacta de la realidad para ser útiles. De hecho, haciéndolos menos realistas, generalmente son más útiles, siempre y cuando todavía proporcionen percepciones útiles. Un modelo que es tan complejo como el proceso o cosa que representa probablemente será demasiado complejo para ser útil. Es más fácil trabajar con un modelo más simple. De manera que una vaca esférica es inútil si quieres dar a luz un ternerito, pero podría ser una aproximación útil si te preguntas acerca de la difusión de alguna enfermedad de la piel bovina.

Un buen modelo debe, por supuesto, ser suficientemente realista para no dejar fuera algo de vital importancia. Si tu modelo de la población de conejos usa conejos inmortales, observarás una explosión de población que tiene poco que ver con la realidad. Pero incluso entonces, tu modelo quizá capte cómo una pequeña población crece antes de alcanzar su límite ambiental, de modo que no lo descartes demasiado fácilmente. Lo que cuenta es lo que el modelo predice, no lo que deja fuera.

Parte del arte de las biomatemáticas es la selección de modelos útiles. Otra parte es tomarse la biología en serio y no excluir nada que sea crucial. Una tercera parte es prestar atención a los

problemas que los biólogos quieren resolver. Pero a veces también es necesario dar un paso hacia atrás, experimentar con una nueva idea matemática en un escenario simple aunque no realista y ver adónde nos lleva. Hay otro viejo chiste sobre un borracho buscando bajo una farola sus llaves. « ¿Se te cayeron aquí?» «No, pero es el único lugar donde hay la suficiente luz para ver.» En general no se aprecia que el contexto original de la broma, en *Computer power and human reason (Potencia informática y razón humana)* de Joseph Weizenbaum, era una analogía con la ciencia. El asunto es que en ciencia tienes que buscar bajo la farola o nunca encontrarás nada. Quizá, solo quizá, encontrarás una linterna, incluso si las llaves están en otro lugar de la calle en una alcantarilla. Varios de los temas en *Las matemáticas de la vida* empezaron como salvajes simplificaciones en exceso, lo mejor que podíamos hacerlo en ese momento, pero finalmente resultaron estar realmente llenas de información sobre biología. Es importante no coartar una buena idea cuando nace. Mirando atrás en la historia de cómo la biología empezó a abrazar las matemáticas, una cosa destaca: se estaba haciendo mucho antes de que nadie lo notase. Los descubrimientos de Mendel dependen de patrones matemáticos simples, en el número de plantas con caracteres particulares. Aunque el temprano descubrimiento del microscopio era empírico, las matemáticas de la óptica pronto entraron en juego, porque no puedes elaborar microscopios realmente buenos sin ellas. Una de las pistas para la estructura del ADN fue la regla de Chargall, una sorprendente pero inexplicable relación numérica que no podía ser coincidencia. La ley

de Bragg para difracciones de rayos X fue también crucial y mucho de lo que sabemos sobre la estructura de moléculas biológicamente importantes depende de ella. Y aunque la evolución no adquiriese ninguna expresión matemática hasta épocas recientes, Darwin estuvo en el *Beagle* porque, entre otras actividades, el barco estaba llevando a cabo una medición cronométrica, una técnica matemática para encontrar longitudes.

Mi sexta revolución, entonces, no es revolucionaria por el hecho de que nadie antes hubiese usado las matemáticas para resolver un problema de biología. Lo que es revolucionario es la amplitud de los métodos usados y la medida en que están empezando a fijar la agenda en algunas áreas de la biología. Dudo que las matemáticas alguna vez dominen el pensamiento biológico en el sentido de lo que ocurre con la física, pero su papel se está convirtiendo en esencial. En el siglo XXI, la biología hace uso de las matemáticas de maneras que nadie habría soñado al comienzo del siglo XX. Para cuando lleguemos al siglo XXII, las matemáticas y la biología se habrán cambiado la una a la otra y no las reconoceremos, justo como las matemáticas y la física hicieron en el siglo XIX y en el XX.

En la época de Darwin, la geología, no las matemáticas, fue vital para la teoría de la evolución naciente. En la década de los sesenta del siglo XX, la química se convirtió en un pilar esencial para la biología celular. Luego la informática se unió con la llegada de la bioinformática. Ahora la física y las matemáticas están saltando a la palestra. Y no es solo la biología la que está cambiando en este sentido, también lo hacen todas las otras ramas de la ciencia. Los

límites convencionales de ciencia se resquebrajan. Ya no puedes estudiar biología como si el resto de las ciencias no existiesen.

En vez de grupos aislados de científicos, obsesionados con su propia y restringida especialidad, las fronteras científicas actuales requieren cada vez más equipos de gente con intereses diversos y complementarios. La ciencia está cambiando de una colección de aldeas a comunidad mundial. Y si la historia de la biología matemática muestra algo, es que comunidades interconectadas pueden lograr cosas que son imposibles para sus miembros individuales.

Bienvenido al ecosistema global de la ciencia del mañana.

Agradecimientos y créditos

Las siguientes figuras se han reproducido con el permiso de los titulares de los derechos de autor nombrados:

- Figuras 4, 5, 15, 16, 20, 25 (derecha), 27, 31, 34, 51, 70, 73, 75: Wikimedia Commons. Reproducidos bajo los términos de la licencia de documentación libre GNU.
- Figura 10 (derecha): James Murray.
- Figura 25 (izquierda): Kenneth J. M. MacLean. *A Geometric Analysis of the Platonic Solids and other Semi-regular Polyhedra*. LHP Press (2008).
- Figura 25 (medio): Christian Schroeder.
- Figura 26: Rochester Institute of Technology.
- Figura 39: Ronald Calabrese.
- Figuras 41, 43, 44: Paul Bressloff. From P.C. Bressloff, J.D. Cowan, M. Golubitsky y P.J. Thomas, «Scalar and pseudoscalar bifurcations motivated by pattern formation on the visual cortex», *Nonlinearity* 14 (2001) 739775.
- Figura 47: De S.A. Wasserman, J.M. Dungan y N.R. Cozzarelli, «Discovery of a predicted DNA knot substantiates a model for sitespecific recombination», *Science* 229 (1985) 171174. Reimpreso con el permiso de AAAS.
- Figura 52: Christopher Dobson, «Protein folding and misfolding», *Nature* 426 (2003) 884890.
- Figura 53 (izquierda): Teresa Zuberbühler.
- Figura 54 (encima): Harry Swinney.

- Figura 54 (debajo): Erik Rauch.
- Figura 56: Shigeaki Kondo y Rihito Asai.
- Figura 57 (izquierda): ASTER.
- Figuras 57 (derecha), 74: NASA.
- Figura 62: Michael Doebeli.
- Figura 64: A.L. Barabasi y E. Bonabeau, «Scalefree networks», *Scientific American* 288 (mayo 2003) 60.
- Figura 65: Seiji Takagi.