

2ej
18



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTONOMA DE MEXICO

FACULTAD DE QUIMICA

**"EVOLUCION Y ORGANIZACION
CELULAR"**



EXAMENES PROFESIONALES
FAC. DE QUIMICA

TRABAJO MONOGRAFICO DE ACTUALIZACION
QUE PARA OBTENER EL TITULO DE
QUIMICO FARMACEUTICO BIOLOGO
P R E S E N T A :
JUAN MANUEL CASTAÑEDA PAREDES

1986



Universidad Nacional
Autónoma de México



UNAM – Dirección General de Bibliotecas Tesis Digitales Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS © PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis está protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

INDICE

INTRODUCCION GENERAL

CAPITULO I

1. Teorías Predominantes
 - 1.1.1 Teoría de Darwin
 - 1.1.2 Selección Natural
 - 1.1.3 Variaciones
 - 1.1.4 Dos Obstáculos
- 1.2 Teoría Preclásica
- 1.3 Leyes Mendelianas
- 1.4 Trabajos realizados por Thomas H. Morgan
- 1.5 Surgimiento de la Biología Molecular
- 1.6 Paradigmas y "Revoluciones Científicas" según T.S. Kuhn.
- 1.7 El Grupo del Fago y su organización progresiva
- 1.8 El Descubrimiento del ADN
- 1.9 Neodarwinismo

CAPITULO II

2. Problemática General
 - 2.2 Estudios de Wilson y Colaboradores
 - 2.2.1 La importancia del reordenamiento genético en evolución: Evidencia de estudios en valores de evolución cromosomal, proteínica y anatómica.
 - 2.2.2 Estructuración social de poblaciones mamíferas y valor de evolución cromosomal.
 - 2.2.3 Valores de evolución en plantas: Incremento neto - en diversidad de números cromosomales y números de especies a través del tiempo.
 - 2.2.4 Especiación rápida y evolución cromosomal en mamíferos.
 - 2.2.5 Análisis de los trabajos de Wilson y Colaboradores

- 2.3 El Campo Cromosómico
- 2.4 Un acercamiento directo a la estructura de cromosomas eucarióticos.
- 2.5 Experimentos de Durrant sobre el lino

CAPITULO III

- 3 Conclusión
 - 3.1 Planteamiento del Problema
 - 3.2 El Proceso de la Vida
 - 3.3 Problemas de Biogeoquímica
 - 3.4 La vida como una geometría
 - 3.5 El problema central (La causa de la negatropía)
 - 3.6 Las paradojas de la vida y la termodinámica
 - 3.7 La vida como proceso antientrópico autocatalítico
 - 3.8 La geometría de la vida
 - 3.9 La asimetría, el futuro de la bioquímica y sus aplicaciones industriales

INTRODUCCION GENERAL

En este trabajo pasaremos revista a varios de los diferentes paradigmas teóricos predominantes en la biología, también estudiaremos algunos resultados que los contradicen.

Así, por ejemplo, es común concebir a la vida como un mero sistema en equilibrio, cuya evolución está regida por cambios moleculares que originan mutaciones puntuales, las cuales son seleccionadas por el entorno; por este mecanismo se pretende explicar el proceso evolutivo. Sin embargo, modernamente Wilson y Bush demuestran la importancia de la reorganización cromosómica en la evolución tal y como lo expondré más adelante.

También es común que se considere a la vida como un mero agregado estocástico de elementos, resultado de una feliz confluencia de circunstancias, con este enfoque simplista se dejan de lado los procesos autocatalíticos capaces de generar un comportamiento direccional y antientrópico tal y como ha sido planteado por los trabajos de Prigogine y Lefever, ó antes por Laborit y Erwin Shroedinger, la carencia de este enfoque conduce a paradojas como la de la E. coli que de acuerdo con Harold Morowitz, que calculó la probabilidad de que se produzcan las uniones de sus moléculas para que lleguen a organizarse repentinamente en una fluctuación del estado de equilibrio para formar la bacteria, encontró, que la probabilidad para formar la E. coli, es tan pequeña que aunque sus síntesis se iniciara

desde el origen del universo aún no se produciría la primera E. coli tal y como hoy la conocemos.

También analizaremos los trabajos de Vernadsky acerca de la geometría de la vida, considerando a la vida como un estado altamente ordenado del espacio, en donde las moléculas sólo tienen valor en cuanto ordenan ese espacio. Se ha ce necesario estudiar la vida desde un enfoque geométrico relativista ó riemanniano, , donde todos los seres vivos ordenan un espacio mayor, que es la biósfera, usando para -- ello sus intercambios biogeoquímicos.

Pese a todo, reconocemos que las teorías predominantes en la biología han permitido muchos avances importantes. - No obstante, es preciso encontrar sus límites y superarlos con un enfoque teórico cada vez más integrativo.

En las páginas que siguen . discutiremos estos y otros temas pretendiendo con ello mostrar la necesidad de generar nuevos conceptos científicos buscando así el desa- rrollo de una actitud inquisitiva en torno de los asuntos que cobrarán, sin duda, gran importancia futura y que in- cluso pueden tener aplicaciones industriales tal y como lo exponemos en el capítulo tercero.

CAPITULO I

"Las Teorías Predominantes"

INTRODUCCION

En este capítulo se hará una breve recapitulación de las teorías y leyes predominantes en la Biología.

Iniciando con la teoría de Darwin: Selección Natural y variación, se verán posteriormente también la Teoría Preclásica, las Leyes Mendelianas, los trabajos de Thomas H. Morgan; continuando con el surgimiento de la Biología Molecular, las "Revoluciones Científicas" conforme t.s. Kuhn. Así como también el grupo del Fago y su organización progresiva, para llegar al descubrimiento del ADN, y concluir con el Neodarwinismo.

1.1.1. LA SELECCION ARTIFICIAL, LA POLEMICA SELECCION NATURAL, EL ORIGEN DE LA TEORIA DARWINISTA.¹

Lo primero que hizo Darwin fué fijar su atención en los animales domésticos y en las plantas cultivadas. ¿Cómo era posible que existieran formas tan diferentes de los individuos silvestres? Acaso la clave del problema estuviera en que el hombre selecciona a los individuos que han variado en un sentido que a él le conviene y los utiliza como reproductores.

1.1.2. SELECCION NATURAL.

De ahí pasó Darwin a reflexionar y buscar datos que apoyaran un procedimiento de selección semejante, fuente de inspiración para la hipótesis de la selección natural, fue el célebre ensayo de Malthus, un ensayo en el Principio de la Población, que con el tiempo y cierta dosis de sentido del humor ha dado en llamarse "la maldición de Malthus". Para tan controvertido economista inglés la población humana tiende a crecer en progresión geométrica, en tanto que normalmente, los medios de subsistencia se incrementan en progresión aritmética. En palabras del propio Malthus: "... la especie humana aumentaría como la progresión de los números 1, 2, 3, 4, 8, 16, 32, 64, 128, 256; y las subsistencias como la de los números 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8 y 9. Al cabo de dos siglos, la proporción entre la población y los medios de subsistencia sería como la de los números 256 y 9; después de tres siglos, como los números 4 096 y 13; y al cabo de dos mil años la diferencia sería

casi incalculable. Aplicando la tesis maltusiana al mundo de la naturaleza, Darwin pudo redondear la idea central - de su teoría; que las variaciones casuales en los individuos de una especie determinan el triunfo de los mejor dotados para la lucha por los recursos escasos.. El hecho de que éstos resulten seleccionados, garantiza la acumulación de las pequeñas variaciones favorables para la evolución.

1.1.3. VARIACIONES.

En cuanto al origen de las variaciones, no obstante que Darwin no se mantuvo muy firme en esa posición, hay - que señalar que la idea de las variaciones al azar le fué sugerida por el hecho de que, a pesar de ser tan semejantes entre sí, las Islas Galápagos tienen organismos que - dentro de su similitud son distintos; de suerte que la tesis lamarquiana de la necesidad biológica y la influencia del medio embonaría con lo observado sólo en el caso de - que se hubieran originado organismos más o menos iguales.

La idea lamarquiana de que las variaciones que ocurren en los seres vivos son graduales y directamente imperceptibles, fué mantenida por Darwin durante toda su vida, lo cual significó una fuente de desacuerdo con biólogos como Huxley (quien se inclinaba por los cambios bruscos o mutaciones de las especies) y por filósofos como - Marx (que tenía los ojos puestos en los cambios bruscos - de las sociedades humanas y consideraba que el punto de - vista darwiniano era producto de su mentalidad burguesa).

En relación a este problema, resulta muy importante

la objeción que Wallace hizo a Darwin en el sentido de que, si efectivamente la naturaleza no obra a saltos, el hecho indudable de que el cerebro humano había alcanzado una complejidad y capacidad asombrosas mucho antes de que su dueño pudiera usarlo plenamente, carece de explicación.

1.1.4. DOS OBSTACULOS.

Dentro del espinosísimo camino que Darwin habría de recorrer, dos de los obstáculos más prominentes fueron debidos a Jorge Cuvier (a quien Lamarck no pudo derrotar en vida) y a Guillermo Paley.

Ya se ha dicho que Cuvier propuso la teoría de las - catástrofes, según la cual en la historia de la Tierra habían ocurrido varias catástrofes que siempre fueron seguidas por una nueva creación divina. Para rebatirla, Darwin contó con sus hallazgos de fósiles (que le permitían establecer una relación entre los animales actuales y los de épocas pasadas) y con la obra del notable paleontólogo - Carlos Lyell.

Autor de Principios de Geología, Lyell sostuvo que - el estado actual de nuestro planeta es resultado de un - largo proceso evolutivo. Además, clasificó las rocas según la antigüedad de los restos fósiles que encierran. - Las pruebas eran contundentes: el catastrofismo de Cuvier había perdido la última batalla. ¡Si Lamarck hubiera vivido para verlo!

Guillermo Paley era un teólogo que se ocupó en buscar "pruebas de la existencia y atributos de la Divinidad pro

venientes de los fenómenos de la naturaleza". El argumento fundamental de Paley, llamado argumento de fin, estaba ejemplificado por un reloj. El hecho de que un reloj cuente con una "cuerda" que almacena energía para ir librando la poco a poco y transmitirla a un complejo sistema de ruedas que proporcionará un movimiento lentísimo a un par de manecillas independientes, protegidas por un vidrio transparente y destinadas a dar la hora, todo esto y miles de detalles más indican la existencia de un relojero, de un individuo inteligente que no sólo ha armado el artefacto sino que -y esto es más importante- ha realizado un proyecto con un fin determinado. Lo mismo ocurriría, según Paley, con los seres vivos. Y como ejemplo propone el maravilloso órgano de la vista y dice: "Las Leyes más secretas de la óptica deben haber sido conocidas por el autor de semejante estructura".

Ya se ha dicho que durante el viaje del Beagle, Darwin abandonó el dogma de la Iglesia, pero a través de su existencia continuó creyendo que la vida responde a un finalismo. Su crítica a Paley resultó, pues, relativa, lo cual nos sugiere que Darwin no quiso llegar demasiado lejos con sus planteamientos mecanicistas y que a la postre resultó ambiguo. La faceta no finalista del autor de "El Origen de las Especies" quedaría avalada por una carta escrita a Carlos Marx por Federico Engels en diciembre de 1859 que dice: "... mientras tanto, sigo leyendo a este Darwin, que es algo verdaderamente sensacional. Quedaba todavía un aspecto en que la teología no había sido demolida: ahora es cosa hecha. Además, nunca hasta el momento

se había emprendido un intento de tamaña envergadura para demostrar que en la naturaleza hay un desarrollo histórico; al menos nunca con tanta fortuna. Claro está que hay que reprocharle una cierta pesadez inglesa en el método".

Tormenta cultural: El hecho de que un filósofo revolucionario como Engels se expresara en tales términos sobre la teoría de Darwin era un buen indicio para darse -- cuenta de que se avecinaba una importante tormenta cultural. Así, un viejo maestro de Darwin decía que su teoría era "esencialmente perniciosa" y no faltaron las críticas que rayaban en el insulto.

Darwin pudo prever la profunda perturbación que ocasionarían sus ideas entre quienes tenían una concepción -- judeo-cristiana del mundo y, en consecuencia, procedió a pronunciarse con mucha cautela sobre el peliagudo asunto del origen del hombre. Al principio, en "El Origen de las Especies", sentenció que las ideas allí expuestas arrojarían luz sobre el origen de la especie humana. Doce años después apareció "El Origen del Hombre", obra que desataría verdaderas oleadas de intolerancia. Mientras tanto, -- Darwin tuvo buen cuidado de no exhibirse demasiado y de no responder a las múltiples burlas y ataques de que fue -- blanco. Afortunadamente nuestro afamado naturalista contaba con amigos fieles como Enrique Huxley y Ernesto Haeckel, destacados hombres de ciencia dispuestos siempre a polemizar y defender a capa y espada la causa evolucionista.

Con el tiempo algunos miembros del clero demostrarían su adhesión al darwinismo, al escribir palabras por el estilo de: "Darwin hace conquistas por doquier y lo invade - todo como una inundación por la sola fuerza de la verdad y de los hechos." Tres años después de la muerte del gran na turista, el arzobispo primado de Inglaterra declaró que en tre la Biblia y la teoría de Darwin no hay contradicción.

Pero esto no significó el fin de la batalla. En 1925 un profesor norteamericano de apellido Scopes fue enjuiciado por el "delito" de enseñar la teoría de Darwin, y en el año 1950, por medio de la encíclica "Humani Generis" el papa Pío XII condenó al evolucionismo y en general todas las -- ideas y corrientes filosóficas que provocan el divorcio en tre la razón y la fe.

Valdría la pena señalar cuatro puntos esenciales del Evolucionismo Darwiniano²

1.- La capacidad reproductiva de plantas y animales - es muy superior a las poblaciones que de unas y otras forman la naturaleza.

2.- Lejos de ser idénticos, los distintos individuos de una especie presentan variaciones anatómicas, fisiológicas y de comportamiento.

3.- Al entablarse una lucha por la existencia, sobreviven los más aptos. Y, dado que la mayor o menor aptitud para triunfar depende de las variaciones favorables sufridas por ciertos individuos, son éstos los que llegan a reproducirse, es decir, que tales variaciones permanecen por que se heredan a las nuevas generaciones.

4.- La suma de las innumerables variaciones graduales a lo largo del tiempo determina la evolución de la vida.

Posteriormente el enfoque de Darwin fue mejorado con los conocimientos provenientes de la genética y la biología molecular.

1.2. TEORIA PRECLASICA³

Se inicia formalmente con los experimentos realizados por Mendel en la década de 1860. Cuando se descubrieron -- las ideas básicas de Mendel en 1900, ocasionaron una revolución en el pensamiento biológico comparable al impacto -- que causó la teoría de selección natural de Darwin, ó en -- nuestro tiempo, los conceptos de la biología molecular. El descubrimiento de los principios de Mendel condujo a un ex plosivo crecimiento del campo genético y estableció la base para revelar el secreto de la reproducción y herencia -- biológica.

1.3. LEYES MENDELIANAS

Los experimentos de Mendel⁴ rastrearon los resultados de la hibridación (cruzamientos genéticos) entre cepas de guisantes que diferían en características bien definidas como: forma de la vaina (lisa o rugosa), forma de la semilla (redonda o rugosa), color de la misma (amarilla o verde), y longitud del tallo (largo o corto). Su interés -- por diferencias bien definidas fue de gran importancia; -- después de asegurarse de que cada variedad progenitora se reproducía pura (es decir, que tuvieron progenie con cua-

lidades particulares idénticas a las de los progenitores), Mendel realizó muchos cruzamientos entre progenitores que diferían en una sola característica (tal como la forma o el color de la semilla). Toda la progenie tenía la apariencia de uno de los progenitores. Por ejemplo, en un cruzamiento de guisantes de semillas amarillas con otros de semillas verdes, toda la progenie tenía semillas amarillas. El carácter que aparece en la progenie se llama dominante, en tanto que el que no aparece se llama recesivo.

A.- Principio de la segregación independiente o primera Ley de Mendel.

Los diferentes caracteres son controlados por pares de factores (que hoy llamamos genes), derivado uno del progenitor macho y el otro del progenitor hembra.

A la apariencia (configuración física) de un individuo la denominamos fenotipo, y a su constitución genética genotipo. Individuos con idénticos fenotipos pueden poseer diferentes genotipos, por tanto para determinar el genotipo de un organismo es necesario con frecuencia efectuar cruzamientos genéticos por varias generaciones.

La reaparición del carácter recesivo en la siguiente generación indica que los genes recesivos no se han modificado ni perdido en la generación híbrida y que los genes dominantes y recesivos se transmiten independientemente y así, son capaces de segregarse independientemente durante la formación de las células sexuales.

B.- Principio de la distribución independiente o segunda -
Ley de Mendel.

De nuevo encontró Mendel que podía interpretar sus resultados con el postulado de los genes, se suponía que durante la formación de las células sexuales, cada par de genes se transmitía independientemente a la célula sexual (gameto).

Que no hay ninguna tendencia de los genes procedentes de un progenitor a permanecer juntos.

1.4. TRABAJOS REALIZADOS POR THOMAS HUNT MORGAN.⁵

Una figura de primera fila en relación de nuestro actual conocimiento de los patrones y mecanismos de la herencia biológica fué Thomas Hunt Morgan (1866-1945), quien con varios colaboradores, trabajó primero en la Universidad de Columbia y después en el Instituto Tecnológico de California. Para los primeros años de la década de 1940, - estos investigadores y otros grupos de geneticistas habían establecido una base lógica. Entre estos conceptos se incluía la segregación independiente, el arreglo al azar, el factor genético (gen, , la teoría cromosómica de la herencia, la regulación cromosómica de la determinación del sexo, el encadenamiento, el entrecruzamiento, el centro del desarrollo por múltiples genes y la mutación.

Trabajos de Morgan con la pequeña mosca *Drosophila*.⁶

Se encontró que esta mosca, que normalmente se alimenta de frutas, puede mantenerse fácilmente bajo condiciones

de laboratorio donde puede producirse una nueva generación cada 14 días. Así, usando *Drosophila* en lugar de organismos de multiplicación mas lenta, como los guisantes, fué posible trabajar con una rapidez por lo menos 25 veces mayor y, además, mucho más economicamente. El primer mutante obtenido fué un macho con ojos blancos en lugar de los ojos rojos normales, que apareció espontáneamente en un frasco de cultivo de moscas con ojos rojos. Puesto que esencialmente todas las *Drosophilas* que se encuentran en la naturaleza tienen ojos rojos, al gen que produce ojos rojos se le llamo gen de tipo silvestre y al gen que produce ojos blancos gen mutante.

El gen mutante de ojo blanco se uso inmediatamente en los experimentos de hibridación, con el sorprendente resultado de que -- la conducta del alelo fué completamente semejante a la distribución de un cromosoma X es decir, esta ligado al sexo. Esta hipótesis fué prontamente confirmada por cruzamientos genéticos adicionales, empleando genes mutantes recientemente aislados. Muchos de estos genes mutantes adicionales estaban también sexualmente ligados.

Ligamientos y entrecruzamiento homólogo.

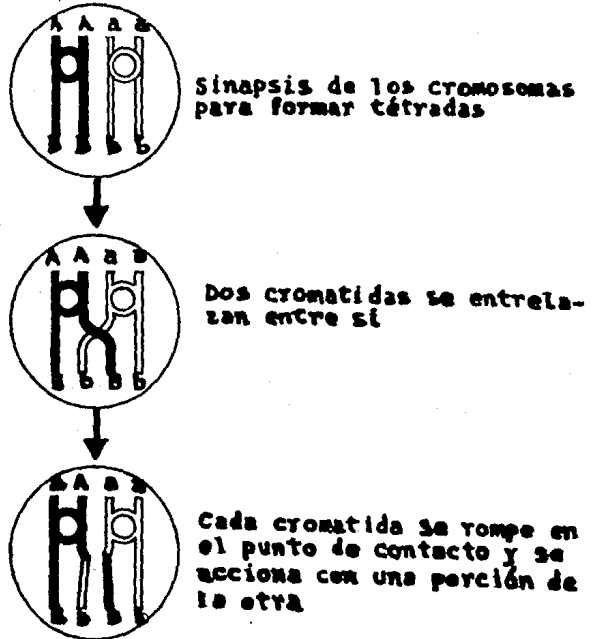
El principio de la distribución independiente de Mendel se explica por el hecho de que los genes localizados en diferentes cromosomas se comportan independientemente durante la meiosis. - A menudo, sin embargo, dos genes no se transmiten independientemente porque se hallan localizados en el mismo cromosoma (genes ligados). Tan pronto como se --

obtuvo un gran número de genes mutantes para los análisis de hibridación se hallaron numerosos ejemplos de distribución no casual. En todos los casos, debidamente estudiados, el número de grupos de ligamiento era idéntico al número haploide de cromosomas. Por ejemplo, en la *Drosophila* hay cuatro grupos de genes ligados y cuatro cromosomas morfológicamente distintos en una célula haploide.

El ligamento, no obstante, nunca es completo. La probabilidad de que dos genes del mismo cromosoma permanezcan juntos durante la meiosis fluctúa desde un poco menos del 100 por ciento hasta cerca del 50 por ciento.

Esto significa que debe existir un mecanismo para el intercambio de genes en cromosomas homólogos. Este mecanismo se denomina entrecruzamiento y su fundamento citológico fué descrito por primera vez por el citólogo belga Janssens. Al iniciarse la meiosis, los cromosomas homólogos se aparean (sinapsis) con sus ejes longitudinales paralelos. En esta etapa cada cromosoma ya se ha duplicado para formar dos cromátidas. Así, la sinapsis agrupa cuatro cromátidas (una tétrada) que se entrelazan entre sí, Janssens postuló que, posiblemente debido a la tensión resultante de este entrelazamiento, algunas veces dos de las cromátides podrían romperse en puntos correspondientes. Esto podría originar cuatro extremos rotos que se podrían recombinar entrecruzados, de tal manera que una sección de cada una de las dos cromátidas se uniría a una sección de la otra.

Fig. 1



De esta manera se podrían producir cromátides recombinantes que tendrían un segmento proveniente de cada uno de los cromosomas homólogos originales.

Morgan y sus alumnos se apresuraron a aprovechar las implicaciones de la entonces no demostrada teoría de Janssens: los genes más próximos entre sí en un cromosoma se combinan mucho más regularmente (ligamiento estrecho) que los genes más apartados del mismo. Esto sugirió inmediatamente una manera de localizar (hacer el mapa) las posiciones relativas de los genes en los diferentes cromosomas.

1.5 SURGIMIENTO DE LA BIOLOGIA MOLECULAR⁷

Mullins ha intentado volver a trazar las diversas etapas que separan la creación del "grupo de fago" (por Max -

Delbruck a finales del año 1930) de la institucionalización oficial de la biología molecular (hacia 1962). Se refiere - con ésto a los trabajos de Stent, que había distinguido tres grandes periodos.

Un período romántico, que comienza hacia 1935 con las primeras reflexiones de Delbruck sobre las nuevas tareas - de la genética. (Las razones del adjetivo "romántico" se - justifican más tarde).

Un período dogmático, que va desde 1953 a 1963 aproximadamente, dominado por James Watson, Francis Crick y por la enunciación del "dogma central" sobre las funciones del ADN y del ARN. En este período es en el que Francois Jacob y Jacques Monod amplían la teoría con sus trabajos sobre - el ARN mensajero y el operón (lo que según Stent constituye la única gran extensión del "dogma" durante este decenio)

Finalmente, un período académico a partir de 1963, -- que corresponde a la estabilización del cuadro de investigación. Evidentemente, no están resueltos todos los problemas; por ejemplo, no se sabe cómo se desarrolla la morfogénesis que lleva del huevo fertilizado a la formación de un organismo complejo y en sumo grado diferenciado. Pero los conocimientos sobre los mecanismos moleculares fundamentales son considerados como suficientes para que se pueda -- imaginar cómo los problemas pendientes (morfogénesis, origen de la vida...) deben ser estudiados.

1.6 "PARADIGMAS" Y "REVOLUCIONES CIENTIFICAS"

Este esquema ha sido tomado y modificado un poco por

Mullins, que lo ha interpretado a la luz de las ideas expuestas por Kuhn en su libro "La Estructura de las Revoluciones Científicas". Para esto último, la vida de las ciencias consiste en una sucesión de "paradigmas", es decir, - de cuadros generales en el interior de los cuales se desenvuelven las actividades de investigación en una época y por una disciplina dadas. En primer lugar el paradigma no corresponde más que a una nueva idea, a una nueva orientación de las "miras" científicas. Es el momento de innovación teórica: se plantean nuevas cuestiones (es un punto - especial) y se proponen nuevos tipos de soluciones. A continuación viene un período de éxito: el paradigma nuevo -- (por ejemplo el paradigma newtoniano) manifiesta su valor al aportar respuestas efectivas a algunos problemas no resueltos hasta el presente. Entonces aparece la tercera fase, la que Kuhn designa por la expresión de "puzzle solving"; la colectividad científica interesada reconoce el - paradigma, es decir, admite que la solución de problemas - de cierto tipo debe buscarse refiriéndose a las ideas teóricas enunciadas por el paradigma. Presupone, de alguna manera, que la solución existe y que el trabajo consiste en encontrarla buscando en una dirección bien definida. Esto es lo que Kuhn llama "ciencia normal", por oposición a las "revoluciones científicas" que corresponden a la primera - fase.

Mullins aplica esta triple distinción en los diversos períodos, dicho de otra manera, se sirve del análisis epistemológico de Kuhn para ordenar "la historia vivida" de la

biología molecular. Al hacer ésto, reconoce que el esquema de Kuhn debe ser manejado con precaución: es una especie de desarrollo ideal, válido sobre el plan lógico, pero que hay que aplicar a la realidad histórica con cierta flexibilidad. Las fechas no proporcionan más que indicaciones -- aproximadas; naturalmente sería ingenuo creer que toda una colectividad científica entra de la noche al día en una -- "fase" completamente diferente a la precedente.

El interés del trabajo de Mullins estriba en que pone las etapas del pensamiento teórico en relación con la organización social de los investigadores. Al principio, por definición, la especialidad nueva no existe; y, sin embargo, es necesario prácticamente que se instituya una cierta cooperación para hacer madurar las ideas nuevas. Bajo este punto, es comprensible que Mullins haya partido del grupo fago para analizar la historia de la biología molecular.

Esta no era, ni mucho menos, la única manera de proceder. Tanto Avery, como Chargaff, por ejemplo, no han formado parte del grupo fago. Pero admitamos aquí, bajo reserva de un inventario ulterior, la perspectiva adoptada por Mullins.

1.7 EL "GRUPO DEL FAGO" Y SU ORGANIZACION PROGRESIVA.

Con el fin de clarificar con un mínimo de precisión las principales fases del desarrollo, Mullins admite que hay cuatro fases correspondientes cada una a las características intelectuales y sociales particulares. Sería demasiado largo enumerar todos los rasgos que distinguen las fases, especialmente desde el punto de vista sociológico, pe-

ro en resumen el resultado es el siguiente:

Primera fase: el "grupo del paradigma" (paradigm group) corresponde al período 1935-1945; es el "primer período romántico". La figura central es la de Delbrück, un físico - para quien la biología ofrecía a los investigadores problemas nuevos particularmente interesantes.

En los años 30, en Alemania, Delbrück se había interesado en los trabajos de dos biólogos Timoféeff-Ressovsky y Zimmer, que estudiaban la acción de las radiaciones sobre *Drosophila*. No sólo había tenido con ellos largas discusiones, sino que había decidido, finalmente, consagrarse a la biología cuantitativa y en particular a la genética. En -- 1935, los tres investigadores publicaron juntos un artículo sobre la mutación y la estructura del gen. Se puede considerar este trabajo interdisciplinario como un símbolo, - ya que los trabajos de este tipo eran raros en la Alemania de esta época, según testimonio del mismo Zimmer, y por -- otra parte, este encuentro de dos disciplinas debía tener importantes consecuencias. Sobre ello Pontecorvo decía en 1958: "En los años que precedieron inmediatamente a la Segunda Guerra Mundial, se produjo una cosa absolutamente - nueva: la introducción de ideas (no de técnicas) provenientes de la física en el dominio de la genética. (...) Aunque la primera aplicación de las ideas de la física a problemas biológicos particulares no se haya conseguido muy bien; todas las concepciones de la genética teórica han - estado después impregnadas de un aroma de física".

Max Delbrück emigra a los Estados Unidos en 1937 y -

ahí, junto con Salvador Luria, un bacteriólogo de origen - italiano emigrado en 1940, da origen al grupo del fago, así llamado porque su objetivo inicial era comprender cómo el bacteriófago se reproduce en varias centenas ejemplares en la célula huésped bacteriana, aproximadamente en media hora. Los investigadores eran pocos (puede ser que una quincena) y dispersos; el grupo no tenfa ninguna existencia - oficial. Citemos otros nombres además del de Delbruck: Luria, Anderson, Hershey, Adams, Doermann, Lwoff, Monod, etc. En esta época, no todos los miembros del grupo tenían la - misma concepción de las relaciones existentes entre la física y la química por una parte y la biología por otra. El grupo del fago no engloba ni mucho menos a todos los inves tigadores se ponen de acuerdo en 1944 para estudiar una - sola bacteria (*Escherichia coli*) y una sólo categoría de - fagos (la serie T).

Segunda fase: la "red de comunicaciones" (network). - Durante el período 1945-1953 ("segundo período romántico"), el problema clave, según una fórmula de Delbruck, es saber cómo "la materia viva hace para registrar y perpetuar su - experiencia". Los procesos experimentales se ponen a punto progresivamente (Adams). Algunos piensan que la materia ge nética del virus está constituida por proteínas; pero, en 1952, Hershey y Chase señalan que no es la cobertura proté ica sino el ADN el que tiene una función genética.

Tercera fase: Mullins, para definir la naturaleza del grupo durante esta fase "dogmática" (1954-1962), habla de un "cluster", es decir, de un enjambre, de un racimo. Una

conciencia común se define, los miembros de un grupo se dan cuenta claramente de su situación y la especificidad de sus investigaciones. Después del trabajo fundamental de Watson y Crick sobre la doble hélice, aparecido en Nature en 1953, se formula el "dogma central" (Crick, 1958): la información genética es transmitida de los ácidos nucleicos a las proteínas, y nunca en el sentido inverso. Hasta 1962, los trabajos del grupo sirvieron para precisar y confirmar este dogma.

Cuarta fase: la especialidad (es decir, el período "académico"). A partir de 1962, la biología molecular se institucionaliza en una especialidad reconocida, con una organización formal; los procedimientos oficiales de reclutamiento, las revistas, los centros, disponen de créditos propios, etc. Después de 1966 es difícil seguir el destino del grupo del fago, pues desde ahora está englobado en la biología molecular, cuyo dominio es mucho más vasto. Por la misma razón del éxito conseguido, la empresa pierde sus caracteres distintivos. Como escribía Stent hace ya algunos años, es probable que "la biología molecular se haya convertido ahora en un campo de trabajo prosaico". (Nada impide creer, desde luego, que otros "paradigmas" y otras "redes" están formándose en las fronteras de la disciplina ahora consagrada: "Ahora que la genética molecular se ha convertido en una disciplina académica, puede esperarse encontrar en la vanguardia de la investigación biológica a los que estudian el sistema nervioso más que a los genetistas".

1.8. EL DESCUBRIMIENTO DEL ADN⁸

La época del descubrimiento de la estructura del ADN era difícil no por sí misma, sino porque su importancia y singularidad no estaban todavía bien reconocidas. El descubrimiento fue también arduo porque los datos estaban -- dispersos, confusos, en algunos aspectos escasos y en otros muy abundantes. Para comenzar, no estaba claro qué era lo más relevante de todo lo que se sabía sobre la -- composición química de los ácidos nucleicos. Ni Watson -- ni Crick eran bioquímicos. Eran ignorantes de la larga y erudita tradición científica, pero cuando menos no se habían cegado por ello. A mediados del siglo pasado, el enfoque de la investigación biológica comenzaba a cambiar (a la zaga, y luego por delante, de la cada vez mayor capacidad resolutive del microscopio), desde el nivel de -- estudio del órgano y el tejido hasta la célula. Por cien años o más, la célula y su contenido fueron el dominio de lo bioquímico, desde el principio, separaron las principa -- les sustancias que se encontraron en los seres vivos en -- cuatro grandes categorías; grasas (lípidos), azúcares y -- almidones (glúcidos), proteínas y ácidos nucleicos. Los ácidos nucleicos fueron los últimos en ser aislados. En 1868, Johan Friedrich Miescher, un suizo de 24 años se fue a Tubingen, Alemania, para estudiar con Ernst Felix -- Hoppe-Seyler, investigador que dio el nombre a la hemoglobina, y quien fundó y editó la primera revista de bioquímica.

Miescher estaba particularmente interesado en el nú-

cleo celular. Aún con los métodos de hoy en día, los núcleos de las células son difíciles de separar del citoplasma circundante y de las membranas externas para que queden intactos. Miescher trabajó en un principio con las células del pus, ya que tienen núcleos grandes sin mucho citoplasma (obtenía el material de las vendas quirúrgicas utilizadas en las heridas). En 1869 encontró un nuevo compuesto inesperado, de naturaleza ácida, abundante en fósforo y formado por moléculas aparentemente muy grandes, al que llamó "nucleína". Este material no se parecía a ninguna sustancia celular conocida, así que Hoppe-Seyler repitió este trabajo antes de permitir que Miescher publicara su descubrimiento en su revista. Lo que había descubierto Miescher en aquel entonces era un complejo de ADN y proteína, que normalmente se halla presente en los organismos superiores.

En 1870, Miescher regresó a su ~~Suiza~~ natal, y --- allí, en los manantiales del Rin, encontró una excelente y más agradable fuente de núcleos celulares, es decir, el esperma del salmón, tan célebremente conocido en ese río. De allí extrajo el primer ADN puro. El y sus colaboradores caracterizaron estos descubrimientos con mayor precisión, de tal modo que en 1889, uno de sus alumnos, Richard Altmann, introdujo el término de "ácido nucleico".

El trabajo de Miescher se había realizado técnicamente, pero iluminado por la intuición. Erwin Chargaff, bioquímico de ácidos nucleicos, escribió hace unos años que "Miescher, más que sus sucesores, se dio cuenta de la na-

turalidad y gran tamaño molecular del ADN" (aunque, en realidad, in vivo las moléculas de ADN son mucho más grandes de lo que Miescher pudo deducir con sus experimentos). - "Miescher era del tipo de científico distraído", dijo -- Chargaff, "nunca podía dar una explicación de por qué hacía las cosas". No había antecedentes para que Miescher adivinara correctamente la función física de estas relativamente grandes moléculas, y aún más el hecho de que las proteínas y los ácidos nucleicos se presentasen en largas cadenas, no fueron bien apreciados. La química para manejarlas, no había sido inventada y los requisitos para una ciencia de la herencia aún no existían.

Tres años antes de que Miescher llegara a Tubingen, Gregorio Mendel había presentado un trabajo intitulado -- "Experimentos de Hibridización en plantas" en la Sociedad de Ciencias Naturales de Brunn Moravia, que en aquel entonces era un rincón tranquilo del imperio austriaco. En este trabajo propuso, como ahora todo mundo sabe, la idea sencilla de un álgebra común para la herencia en la cual ciertas unidades mínimas o elementos, como él las llamaba; (la palabra "gen" vino después) se combinan y recombinan, de generación en generación. Pero el concepto estuvo latente hasta su redescubrimiento, al igual que el trabajo de Mendel, hasta el año de 1900. Sin embargo, a fines de 1892, Miescher aclaraba, en una carta a su tío, que algunas de las grandes moléculas presentes en biología, formadas por una repetición de unos cuantos componentes pequeños de naturaleza química parecida pero no idéntica, po-

drían expresar toda la rica variedad del mensaje hereditario, "de la misma manera como todas las palabras y conceptos del lenguaje pueden encontrar expresión en las 24 a - 30 letras del alfabeto".

La historia de la ciencia está llena de especulaciones y se les debe dar su debido crédito; sin embargo, la idea de Miescher era desafortunadamente imprecisa, puesto que las moléculas que dio como ejemplo eran la albúmina y la hemoglobina, ambas proteínas.

Miescher murió de tuberculosis en 1895, a los 51 años. "Hay personas que nacen sin la suerte de ver reconocido su trabajo, y Mendel fue uno de ellos, los mismo que Miwaxhwe", escribió Chargaff; y en la portada de la colección de sus trabajos no fuera suficiente para revelarnos. esto, sus cartas nos muestran al hombre reticente e intenso".

LAS BASES: MISTERIO DEL ACIDO NUCLEICO

Mucha de la química elemental de los ácidos nucleicos fue establecida por Miescher y sus alumnos, así como por otros científicos en otros laboratorios. Su presencia en todas las células se demostró de inmediato, pero su función continuó siendo desconocida. Al principio de ese siglo sus tres constituyentes ya habían sido descritos. Uno de estos es un azúcar, la ribosa, que como todos los azúcares está formado por un anillo de 5 átomos de carbono y uno de oxígeno anillo que en este caso es un pentágono. - El segundo constituyente es simplemente el átomo de fósfo

foro rodeado por cuatro átomos de oxígeno, que se llama -
fosfato. Los fosfatos son responsables de la acidez del -
compuesto y de la sorprendente riqueza en fósforo encon--
trada cuando el ácido nucleico fue observado. Por medio -
de una serie de pruebas químicas que tomaron años para lle
varse a cabo, al fin se demostró que lo que hacen los fos
fatos es encadenar y espaciar los azúcares en alternancia
repetida. El tercer tipo de componentes son las bases,--
que consisten principalmente en átomos de nitrógeno y car
bono, mientras que la ribosa y el fosfato son simples, re
petitivos y totalmente predecibles, las bases vienen en -
varios tipos diferentes. Estos son los principales mister
rios del ácido nucleico. El ensamble de tres piezas, o --
sea de una base encadenada al azúcar, y ésta al fosfato,
se llama nucleótido, una palabra sencilla, precisa, in--
dispensable y ubicua en esta ciencia, desde luego, muy pa
recida a la palabra "yambo" en poética, ya que expresa no
solamente un tipo particular de construcción, sino una --
unidad de longitud o aún una categoría de significado.

Hay cinco bases que tienen importancia, y que a ---
principios de siglo ya habían sido identificadas: guanina,
adenina, timina, citosina y uracilo. Algunas variantes, -
restringidas en sus funciones, fueron halladas después. -
Los biólogos, hoy en día, usan con frecuencia solamente -
las iniciales GACTU.

Durante un momento de excitación después del descu--
brimiento de la estructura del ADN, Crick escribió que la
relación entre las bases "es probablemente tan fundamental

para la biología, que no puedo dejar de pensar si algún día un científico entusiasta bautizará a sus gemelas recién nacidas como Adenina y Timina" (una fantasía sobre la que Chargaff no perdió la oportunidad de burlarse).

La guanina fue encontrada en el excremento de las aves, cuarenta años antes de ser reconocida como constituyente del ácido nucleico. La guanina cristalizada imparte el brillo a las escamas de los peces y los reptiles.

La adenina fue aislada en 1885 del ácido nucleico. La guanina y la adenina son muy parecidas; cada una tiene dos anillos planos, uno hexagonal y otro pentagonal, de suerte que comparten dos átomos de carbono; el hexágono se completa con dos nitrógenos y un átomo de carbono.

La guanina y la adenina difieren solamente en pequeños grupos secundarios, adheridos a las puntas del hexágono. Estas dos bases son de naturaleza púrica, y tienen por lo tanto relación química con el ácido úrico y la urea; se dice que la bioquímica empezó con la síntesis de la urea, por Friedrich Wohler, en 1828.

Las otras tres bases, timina, citosina y uracilo fueron aisladas en 1893, 1894 y 1900, respectivamente, y se llaman pirimídicas (un nombre más largo, de origen oscuro para una estructura más simple y más chica: un solo anillo, el mismo hexágono con dos nitrógenos y cuatro átomos de carbono, con grupos secundarios de nuevo haciéndolas diferentes.

Genes: ¿ADN ó proteínas?

Hacia la década de 1920, los investigadores se dieron cuenta de que existen dos tipos de ácido nucleico: uno llamado ahora ácido ribonucleico -ARN-, cuyas bases son la adenina y la guanina, la citosina y el uracilo; y otro ácido nucleico -ADN- en el que el azúcar le falta un átomo de oxígeno (de aquí el término de ácido desoxirribonucleico); en este caso al uracilo lo reemplaza la timina. En un principio el uracilo fue encontrado en la levadura, y se le conocía además en una especie de trigo. La timina fue descubierta en la glandula del timo de ternera, de donde derivó su nombre, y ahora se sabe que existe en cada célula animal. El uracilo y la timina son muy parecidos. Durante un tiempo, se pensó que el ácido ribonucleico con bases GACU era propio de las plantas, y que el ácido desoxirribonucleico con GACT lo era de los animales. Esta idea se abandonó en la década de los 30, cuando se acumularon pruebas de que tanto el ARN como el ADN son universales. En aquel entonces, se sabía también que los cromosomas estaban formados en gran parte por ADN. Sin embargo, se pensó que el ADN estaba hecho en la forma más simple imaginable, con los nucleótidos siguiéndose uno al otro en juegos repetidos de cuatro. Esta imagen muy elemental se conoció como la hipótesis del tetranucleótido, por lo cual se sostuvo con tenacidad la creencia de que el ADN podría ser algún tipo de armazón estructural (como el cartón que se pone en las camisas en las lavanderías), ya que el material genético debería ser la proteína.

La prueba rigurosa de que el gen era el ADN y no la proteína apareció en 1944, cuando Oswald Avery y sus colegas, en el Instituto Rockefeller en Nueva York, publicaron un trabajo sobre la transformación genética que ocurre en una cepa de bacteria que produce la neumonía al mezclarla con ADN extraído de otra cepa. Hoy en día el trabajo de Avery es citado universalmente como fundamental, y siempre con la advertencia de que la prueba tomó años para ser acreditada. En febrero de 1944, cuando el trabajo apareció, Crick estaba trabajando como físico en el diseño de minas navales, para el Almirantazgo Británico, y Watson era un estudiante presuntuoso en Chicago. Al conocerse -- unos siete años después, los dos sabían del trabajo de Avery, aunque entonces y varios años más tarde se creía en general que los genes eran proteínas.

El Modelo Hélice alfa

Ese invierno, Pauling dio una conferencia en el Instituto Tecnológico de California sobre la estructura de las proteínas. El auditorio estaba repleto. Pauling dibujó en el pizarrón la fórmula química para una cadena polipeptídica. Entonces levantó un juguete, compuesto de pequeñas esferas de plástico suave, de varios colores y formas que se unían unas con otras para formar un collar, y comenzó a demostrar cómo se combinan entre sí los aminoácidos. Dirigió su mirada hacia los modelos moleculares que estaban sobre la mesa que tenía ante él y dijo: "Se ajustan a los fundamentos estereoquímicos" (señalandolos en -

detalle, y refiriéndose con énfasis al trabajo de Bragg, Perutz, Kendrew y al enlace peptídico plano). Las formas en espiral se mantienen unidas por puentes de hidrógeno, como líneas rectas de longitud conocida. El primer modelo era el resultado del papel plegado por Pauling dos años - antes: "como un sacacorchos compacto en el que cada giro completo tiene un desplazamiento de 5.44 unidades A y no $\frac{1}{2}$ A", dijo refiriéndose enfáticamente a Asthury. En algún momento durante el invierno había bautizado al modelo como hélice alfa. Más específicamente lo llamó la espiral - de tres residuos, aunque eran casi cuatro; cada vuelta -- completa del sacacorchos comprendía alrededor de 3.6 resi duos de aminoácidos. Con esto les proporcionó otra lección de fisicoquímica a sus rivales. De acuerdo con la sabiduría convencional en cristalografía, Bragg, Perutz y Kendrew habían calculado, a partir de la regularidad en los patrones de rayos X, que el número de aminoácidos tenía - que ser exactamente para en cada vuelta completa. Pauling había visto que esto no se requería explícitamente. "En - este modelo -dijo Pauling- cada nitrógeno estaba unido -- por puentes de hidrógeno a un par de átomos de carbono-oxi geno que el giro había puesto en posición, aún cuando a - lo largo de la espiral se desplazaban tres residuos de -- aminoácidos." Aseguraba que esta hélice se encontraría en la queratina no estirada, en las fibras musculares y en - la hemoglobina.

El segundo modelo era una espiral de cinco residuos de aminoácidos, parecidos por vuelta el cual Pauling pre-

sentó también de manera convincente.

Cuando se le preguntó a Pauling qué había sucedido con este modelo, contestó: "Bueno, el segundo modelo era una estructura muy aceptable en todos los aspectos, dijo con el tono de un profesor experimentado que ha visto a un estudiante que promete, pero que en el último momento falla en sus exámenes-; excepto que tenía un agujero en su interior. Se le mencionó, no en el primer trabajo sino posteriormente, que la inestabilidad de la fuerza de Van der Waals, asociada con el hecho de tener un espacio vacío, que no es lo suficientemente grande como para permitir la entrada de una molécula de agua o cualquier otra cosa, haría que esta estructura fuese menos estable, que habría pocas probabilidades de que existiera. Yo creo que nunca ha existido -movió la cabeza con una actitud de lamento ante su destino-, la otra, la hélice alfa, fue un triunfo poco común."

Aportaciones de Wilkins

Cuando Francis Crick se unió al grupo de Perutz en el laboratorio Cavendish, en junio de 1949, aún no sabía suficiente química estructural como para comprender el disparate que sus colegas habían cometido. Poco después de la publicación de Pauling, Crick comenzó a preocuparse por los conocimientos matemáticos necesarios para poder producir los patrones de difracción de rayos X de cualquier modelo dado que fuese helicoidal. También aprendió de Pauling, más tarde lo dijo, la virtud de la audacia para

teorías; la audacia como un aspecto de rigor. Quizás lo más importante de estas enseñanzas fue el gran valor que tenía el construir modelos, ya que se percató de que, jugando con varillas y esferas de modelos moleculares precisos, podía darse cuenta de lo que sería la teoría cuando todas las limitaciones físicas intervinieran a la vez.

Según el relato de Watson la búsqueda de la estructura del ADN apenas había comenzado, éste imaginaba a Pauling compitiendo con él, y empleaba la imagen anterior para sacudirse las letargias neurasténicas convirtiéndolas en trabajo frenético. Dos años más tarde, Pauling y Corey -- publicaron una estructura para el ADN, algunas semanas antes de que Watson y Crick lo hicieran; y en esta ocasión -- también el grupo que hizo la primera publicación estaba -- equivocado. Esta vez, Pauling "estropeó algo importante".

Se le preguntó a Pauling acerca del ADN, su respuesta fue calmada "No trabajamos muy duro sobre ello --dijo--, tenemos realmente muy pocos datos experimentales, más bien unas cuantas fotografías defectuosas de rayos X del ADN, no muy bien preparadas. Yo no dedicaba gran parte de mi tiempo para poder establecer la estructura. Pensé que la resolvería con el tiempo. No sabía que existía competencia, es decir, no formaba parte de ella. Corey y yo publicamos nuestro trabajo sobre una estructura propuesta, pero habíamos malinterpretado algo de la información de rayos X. Había dos cosas implicadas en él; el valor de la densidad del ADN que habíamos obtenido de la literatura -- sobre el tema estaba equivocado y las fotografías de rayos

X que estábamos interpretando eran, en realidad, sobreexposiciones de dos formas de ADN. Realmente fue el trabajo experimental de Maurice Wilkins el que puso a Watson y a Crick sobre la pista correcta. Wilkins hizo mejores preparaciones de ADN, en las cuales aislaba una y otra estructura obteniendo, por lo tanto, fotografías de rayos X que preparaban sus características."

Pauling no comparó las contribuciones de Wilkins y Rosalind Franklin; de hecho, fue Franklin quien distinguió las dos formas.

"También es una buena norma no confiar demasiado en los resultados de la observación hasta que éstos se confirman por la teoría", escribió Sir Arthur Eddington, en 1934. Su paradójica inversión del sistema inductivo como se predicó, desde Bacon hasta Russell, se convirtió en un epígrafe para la reseña del método científico como se practica actualmente. La bioquímica de los ácidos nucleicos, en los cuales Watson confió tan poco durante aquel invierno en Copenhague, estaba produciendo hechos en París, Nueva York y otras partes, que afectaron profundamente la investigación sobre la naturaleza del gen. No había teoría alguna que resolviera y confirmara los hechos. Falta todavía ese paso. De cualquier manera varios de los hechos parecían suficientemente enigmáticos como para ser importantes. Aún más, algunas de las más inflexibles barreras para llegar a la teoría habían sido traspasadas. El ADN como molécula se hacía más inteligible. Una gran cantidad de este novel trabajo se inspiró directamente en

un gran artículo que Oswald Avery escribió en 1944, en el cual identificaba el principio transformante, que inducía cambios hereditarios en los neumococos, como ADN.

Franklin hizo un descubrimiento esencial sobre el -- ADN: que sus fibras dan dos distintos tipos de diagramas de rayos X. El coloquio se llevó a cabo 18 meses después de que Wilkins descubrió, y por lo mismo dejó de perseguir, el hecho de que las fibras buenas de ADN que se conservaban húmedas producían un cambio completo en las fotografías que había tomado, es decir, que eran mucho más -- sencillas. Ella no estaba satisfecha con la calidad de -- las fotografías, tanto las del estado cristalino como las del "estado húmedo", y sus notas subrayaban la necesidad de obtener mejores fibras y un mejor trabajo con la cámara. Watson había oído que ella insistía en que los resultados eran preliminares.

La atención de Rosalind Franklin se centró en el estado cristalino del ADN, ya que no consiguió resultados - apreciables cuando lo estudió en el estado húmedo, con excepción de que parecía alterar el estado tridimensional - cristalino, así que solamente obtuvo unas cuantas manchas y manchones. Sin embargo, iba adelantando sobre la hipótesis de que la estructura era helicoidal en ambos estados. Ella anotó en su libreta: "pruebas para la estructura en espiral". Primero, una cadena recta sin torcer sería inestable, sin equilibrio, o sea, "altamente improbable". Segundo, la ausencia de manchas y manchones sobre el eje vertical, por arriba y por abajo en el blanco del patrón

de rayos X, sugería una estructura en espiral. Este punto era, por intuición, muy claro para los buenos cristalógrafos, fue exactamente lo primero que había conducido a Stokes y a Wilkins a pensar que el ADN era una hélice. Franklin no sabía que Crick acababa de terminar el trabajo sobre la explicación matemática. Y tercero, el punto que -- tanto ella como Astbury habían encontrado en más o menos 27 Å, estaba "muy marcado como para nada más resultar de la diferencia entre los diferentes nucleótidos, y significaba que éstos se presentan solamente en posiciones equivalentes a intervalos de 27 Å, según escribió Franklin. "Esto sugiere que 27 Å es la dimensión para una vuelta de una espiral". Ella argumentó, con base en las medidas de densidad (las de Astbury y las de ella), que probablemente había 24 nucleótidos en la cantidad de ADN presente a lo largo de una unidad de la estructura. En la transición del estado cristalino al "húmedo", el "gran cambio en longitud" significaba, según ella, que era allí en donde la hélice no tiene la misma estructura, como en la forma --- cristalina que implica algún tipo de hélice, y agregó: -- "ver Pauling". Pero a pesar de los ejemplos de la hélice alfa, ella no tomó en consideración cuáles eran los enlaces que mantenían juntas a las diversas cadenas dentro de cada unidad helicoidal.

Franklin se preguntó cómo estaban enlazadas las unidades, una con otra, para formar el total de la estructura cristalina, y pensó que los puentes de hidrógeno entre las bases estaban "totalmente descartados". En cambio,

los enlaces entre los grupos con carga de fosfato ácido - eran "altamente probables" Estos serían alterados por el agua, lo cual explicaría el por qué de la pérdida del orden tridimensional en el estado húmedo. Los fosfatos entonces estarían en la parte exterior de la unidad en espiral, y las bases en el interior. Calculó que en estado -- cristalino contenían unas ocho moléculas de agua por nucleótido. Watson escuchó esto también, pero no correctamente, y se retiró pensando que ella había dicho "ocho moléculas de agua en cada unidad estructural de cristal en sí", lo cual era mucho menos. Entonces, al final de las notas que Franklin había preparado para el coloquio, se podía leer:

Conclusión:

Hélice grande o varias cadenas, fosfatos en el exterior, enlaces interhélice de fosfato-fosfato, rotos por agua. Enlace de fosfato disponibles para las proteínas.

En la última línea, ella se desvió por un momento de la cristalografía a la función biológica. El tipo de estructura que Franklin se empezaba a imaginar era evidente, aunque no estaba libre de ambigüedades. Durante el siguiente mes de febrero, la describió con coherencia dentro de su informe como becaria: la estructura, pensó probablemente "está formada de unidades casi cilíndricas". Y continuó:

Los resultados sugieren una estructura espiral (que debe estar muy bien empaçada) y que contiene probablemente dos, tres o cuatro cadenas coaxiales de ácido nucleico

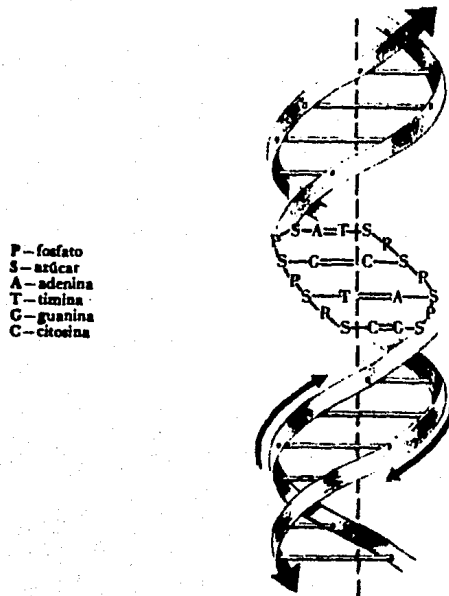
por unidad helicoidal y teniendo los grupos de fosfato -- cerca del exterior. Los grupos fosfatos son los capaces - de absorber agua en grandes cantidades y también de for-- mar fuertes enlaces interhélice, es decir, entre unidades, no dentro de una unidad, en presencia de considerables -- cantidades de agua, dándole por lo tanto a la sustancia - una estructura tridimensional cristalina. Estos enlaces - serían rotos en presencia de excesivas cantidades de agua (girando primero la estructura húmeda de hélices indepen- dientes con ejes paralelos...).

Ese mes de noviembre, Franklin obtuvo un poco más de información, que era tan importante como saber que el ADN da dos diferentes patrones de difracción de rayos X. Si - ella hubiese entendido lo que sabía, habría tenido una vi sión definitiva sobre la naturaleza del ADN. En su parti- cular tipo de lenguaje, escribió en sus notas para el co- loquio que la unidad celular del estado cristalino podía clasificarse como monoclinico y centrado en la cara. Ar- gumentó mediciones para respaldar la descripción (tres me didas y un ángulo), pero la consecuencia necesaria inme- diata de esa descripción era que las cadenas coaxiales de ácido nucléico, que ella había percibido y que formaban - la estructura helicoidal, solamente podían orientarse en dirección opuesta. Tenían que ser opuestas, una de otra. Y eso indicaba, con los datos que ella ya sabía sobre la densidad del ADN, que era casi seguro que hubiese dos y - no tres, y casi imposible cuatro, cadenas asociadas. Fran- klín le dijo a Klug, años después, que debido a que ella

nunca había hecho estudios sobre difracción de rayos X con cristales sencillos ni con sustancias biológicas, había tardado casi 18 meses para darse cuenta de la consecuencia de lo que había anotado simplemente como un detalle de rutina en la descripción cristalográfica.

Fue en 1944, cuando O.T. Avey, C.M. Macleod y M. McCarty⁹ demostraron que el material genético era el ácido desoxirribonucleico (DNA), que desde hacia tiempo se había localizado en los cromosomas. Subsecuentemente, en 1953, James D. Watson, F.H.C. Crick, y M.H.F. Wilkins descubrieron la estructura de la molécula del DNA.

Fig. 2



Actualmente, está ya bien establecido que la producción de proteínas en la célula está por último, aunque de modo indirecto, controlada por el ácido desoxirribonucleico (ADN), en algunos organismos primitivos (bacterias) sólo se presenta una cadena de ADN; en grupos más evolucionados (mamíferos, plantas superiores), cadenas extremadamente largas de ADN forman el eje de grandes estructuras nucleares, una molécula simple de ADN, consiste de una serie apareada, muy larga, de grupos fosfato y azúcar que se repiten, conectados a intervalos regulares por bases nitrogenadas, las unidades azúcar-fosfato, forman una doble hélice, mientras que las bases nitrogenadas cada una unidad a una cadena de la hélice, y unida a la base nitrogenada complementaria por un enlace químico débil forman una serie de escalones entre las hélices, las bases nitrogenadas son los elementos clave de esta exposición, en las moléculas de ADN, se encuentran cuatro tipos: adenina(A), citosina(C), guanina(G) y timina(T), una simple cadena de ADN, puede contener hasta unas 200 000 bases, dispuestas a lo largo de su eje, las bases pueden estar en cualquier orden; hay otra propiedad de las bases que es crítica, se forman enlaces químicos entre (A) y (T) ó entre (C) y (G), pero en ninguna otra combinación así, los pares de bases que se localizan a lo largo de la hélice son siempre complementarios a los de la otra hélice.

Formación de Tripletas¹⁰

La teoría de Crick sobre la síntesis de proteínas di

rigida-ADN puede ser resumida de la siguiente manera:

1.- El ADN en el núcleo, dirige la síntesis de un filamento de ARN. La secuencia nucleotídica de este filamento de ARN es complementaria para el ADN. Watson se refirió a este ARN como "ARN templado". En años posteriores se le llamo ARN mensajero (ARNm).

2.- El ARN "templado" entra al citoplasma como un ribosoma ó partícula de ribosoma.

3.- Las moléculas de "adaptador" en el citoplasma -- llevan aminoácidos al ARN "templado". Crick continuaba sugiriendo que habiados tipos de ARN en el núcleo. Uno era ARN ribosómico y el otro era el adaptador, al cual Crick inicialmente se refirió como "ARN metabólico".

4.- A medida que las moléculas del adaptador traen aminoácidos se unen para formar polipéptidos y eventualmente proteínas (es decir, enzimas).

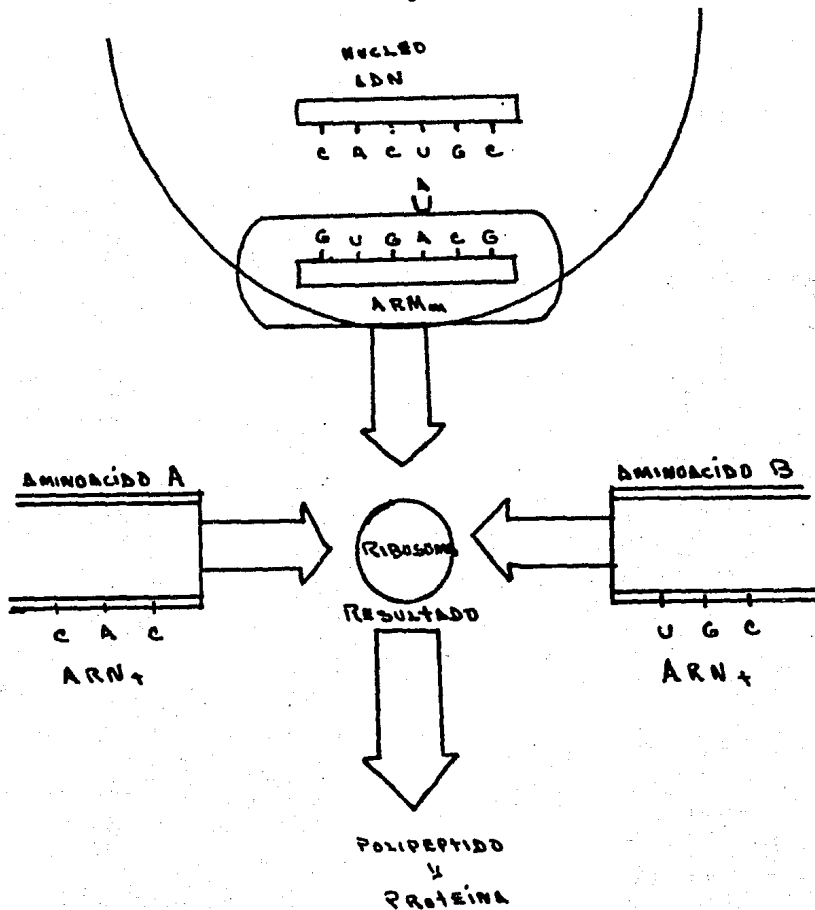
Las investigaciones posteriores no confirmaron algunos detalles de la hipótesis de Crick. Pero lo asombroso es que la mayor parte de sus síntesis de proteínas fue -- comprobada por la investigación siguiente.

Los estudios que comprenden la centrifugación de las células homogeneizadas revelaron que la molécula adaptadora de Crick existía. Se aislo un tipo de ARN más pequeño y por lo tanto más liviano que los otros ARN conocidos. - Se supo que era más liviano que otros porque se separaba con menos centrifugación que el ARN ribosómico. Se le llamó ARN de transferencia.

Con los estudios posteriores de la célula no se pudo

mantener la idea de Crick de que el ARN sale hacia el citoplasma desde el núcleo bajo la forma de ribosomas. Más bien se pensó que el ARN mensajero dejaba el núcleo y se envolvía alrededor de un ribosoma. Pero se modificó este punto de vista de años posteriores y se creyó que el ribosoma "rodeaba" a través del ARN mensajero. El modelo de síntesis de proteína y, generalmente aceptado en la actualidad es básicamente el mismo propuesto por Crick en 1958.

Fig. 3



El ARN soluble ó ARN de transferencia (ARN) recoge - el aminoácido y lo lleva al ribosoma. Se obtuvieron pruebas de que existe, por lo menos, un ARNt para cada uno de los veinte aminoácidos.

La cuestión planteada a continuación era realmente importante. Existen veinte aminoácidos y solo cuatro nucleótidos. ¿Cómo podían las cuatro "letras" de los nucleótidos en el ADN determinar la secuencia de las veinte letras que representaban los veinte aminoácidos que forman las proteínas?

Era evidente que no bastaba un nucleótido para cada aminoácido. La combinación de dos nucleótidos por vez era también insuficiente. Hay solamente dieciseis formas de combinar cuatro cosas distintas, dos a la vez. La siguiente posibilidad, la de tres nucleótidos a la vez, alcanzaba para sesenta y cuatro aminoácidos, cifra muy por encima de los veinte cuya existencia se conoce.

Muchos científicos se dedicaron a investigar este problema, al cual se referían como a la actividad de descifrar el (Código Genético). Hombres de ciencia de todas las especialidades empezaron a trabajar en el código genético, y esto indicó la importancia atribuida. Si la ciencia tuvo alguna característica en la década de 1960, fué su unidad, pues la había en el esfuerzo científico aplicado a revelar un principio uniforme en los distintos seres vivos del planeta. Jorge Gamow, un astrónomo, ofreció un código genético antes que se produjera el modelo de síntesis de proteínas. El enfoque de Gamow al código gené

tico no dio resultado, pero fué significativo que un astró nomo se interesara por un problema genético.

La carrera por decifrar el código genético fué todaí bía más precipitada que la que se hizo por encontrar la - estructura del ADN. Fué, por cierto, objeto de mayor publici dad que la batalla intelectual entre Pauling, Wilkins y Watson Crick. Todos sabían que la solución del código gen ético era cuestión de tiempo, pero no mucho. En 1962 el código había sido efectivamente decifrado.

Este trabajo lo hicieron Marshall Nirenberg y J.H. - Matthei. Resolvieron el problema con la técnica relativame nte simple de poner los componentes necesarios en un - tubo de ensayo y analizar lo que sucedía. Otros investigado res se habían atascado en estudios de recombinación compl icados y lentos.

En primer lugar, Nirenberg y Matthei consiguieron forma r un ARNm sintético que consistía enteramente en nucleó tidos de uracilo. Agregaron el ARN sintético a una mezcla de ARNt, enzimas, los veinte aminoácidos y algunos ribosoma s que se obtuvieron rompiendo células y extrayendo los materi ales por centrifugación.

Después de cierto tiempo, se analizó el contenido del tubo de ensayo. Se descubrió que se había formado un gran polipéptido, el cual estaba totalmente cubierto por el aminoácido fenilalanina. Basándose en la precisión de que el código genético era un triplete (tres nucleótidos) parecía que el mensaje del ARN para la fenilalanina era UUU.

Otros investigadores, especialmente Severo Ochoa, --

quien habfa sido uno de los contendientes principales en la carrera para descifrar el código, revelaron otros mensajes del ARN. Se descubrió que habfa por lo menos dos -- tripletes portadores de mensajes para la mayoría de los - veinte aminoácidos.

TRIPLETES MENSAJEROS DEL CODIGO GENETICO

AMINOACIDO	TRIPLETES	AMINOACIDO	TRIPLETES
	GCU		AUU
ALANINA	GCC	ISOLUCINA	AUC
	GCA		
	CGU		UUA
ARGININA	CGC	LEUCINA	UGU
	CGA		AAA
ASPARGINA	AAU	LISINA	AAG
	AAC		
ACIDO	GAU	METIONINA	AUG
ASPARTICO	ACG		
	UGU		UUU
CISTEINA	UGC	FENILALANINA	UUC
			CCU
ACIDO	GAA	PROLINA	CCC
GLUTAMICO	GAG		CCA
	CAA		UCG
GLUTAMINA	CAG	SERINA	UCU
	GUG		ACU
GLICINA	GGC	TREONINA	ACC
	GGA		ACG
	CAU	TIROSINA	UAU
HISTIDINA	CAC	VALINA	GUU

Se realizaron experimentos, similares a los de Nirenberg, Matthei y Ochoa, con ácidos nucleicos de muchos organismos diferentes. Un experimento tras otro revelaba que los tripletes eran iguales para todos los organismos, --- bacterias ó elefantes. El Código era universal. Era el -- principio que más abarcaba, la unidad de toda vida, jamás descubierto. Era más universal todavía que la teoría celular.

Con el modelo de síntesis de proteína y el del código genético resultaba, entonces, evidente el mecanismo -- real de la mutación. Un "error" donde estuviera implicado sólo un nucleótido en la replicación del ADN, en la síntesis de ARN, ó en la síntesis de proteína, bastaba para -- constituir una mutación. Este error es copiado en la replicación del ADN y pasa a las generaciones futuras.

La estructura molecular de la herencia

Sobre esto no vamos a extendernos más, ya que es de to dos conocida y escapa a la intención de este trabajo.

1.9. EL NEODARWINISMO¹¹

Surge éste de la conjunción de la biología molecular con la teoría darwinista y se apoya sobre el dogma básico de que los cambios a nivel genético, producidos por mutaciones puntuales al azar, lentamente producen variaciones, que, bajo la presión de la selección natural, dan lugar a la evolución.

Ya se ha dicho que los trabajos de Weismann y de Vries

entre otros, dieron origen a algo que ya no podía llamarse darwinismo porque muchas de las ideas del gran sabio - inglés resultarían opuestas a las que postulaba la doctrina naciente; de ahí que se le bautizara con el nombre de neodarwinismo. Los seguidores de esta doctrina afirman que las mutaciones son cambios bruscos que ocurren al azar y se transmiten a la descendencia porque afectan al germen y a las células reproductoras. Por otra parte estarían las somaciones, es decir, los cambios no heredables que ocurren en el soma (en todas las células del cuerpo por que no son reproductoras) por la acción de ciertos factores ambientales ó por la variación que se produce incluso a partir de progenitores con un genotipo idéntico.

La biología molecular ha proporcionado un apoyo considerable al neodarwinismo por haberse demostrado que al cambiar los nucleótidos de una molécula de DNA se produce una mutación, es decir, un cambio genético irreversible y heredable. Hay otro tipo de mutaciones provocadas por cromosomas que se duplican, se pierden o invierten el orden de sus partes.

Los agentes que producen mutaciones se denominan mutágenos y pueden ser físicos o químicos. Entre los primeros se encuentran los rayos X, los ultravioleta, ciertas radiaciones electromagnéticas, la ingravidez, los neutrones electromagnéticos, y otras partículas atómicas y la

temperatura.

Entre los mutágenos químicos se cuentan diversos ácidos (ácido bórico, ácido nitroso, etc...), el formaldehído, el peróxido de hidrógeno, las acridinas, la nicotina y el LSD. Respecto al LSD, es importante señalar que produce fracturas en los cromosomas, lo cual puede tener efectos terribles en la descendencia.

Los agentes físicos actúan sobre los enlaces químicos del DNA, en tanto que los mutágenos químicos sustituyen un nucleótido por otro y, en consecuencia, alteran la molécula de DNA.

Lo que resulta muy interesante, es el hecho de que - en condiciones aparentemente normales, las poblaciones de organismos presentan sutiles mutaciones.

Pero no ha podido averiguarse si tales mutaciones son inherentes a los seres vivos (por variaciones en la duplicación de los genes) ó si ocurren por la presencia de algún mutágeno que aún no ha sido detectado pero que acaso tenga relación con los rayos cósmicos ó con diversas radiaciones.

Para el célebre genetista francés Jaques Monod, las mutaciones no representan una manifestación elevadísima de la materia viva, sino simplemente las imperfecciones del mecanismo hereditario. Es indudable, sin embargo - y esta es la principal objeción que se esgrime contra la teoría que nos ocupa - que las mutaciones suelen producir efectos inconvenientes y aún letales. Los críticos del neodarwinismo no conciben cómo es posible que alguien pue

de ver en las monstruosidades que se han producido artificialmente, la posibilidad de progreso. Los neodarwinistas, mientras tanto, se defienden alegando que "de cuando en cuando" deben aparecer mutaciones benéficas.

Pero además de las mutaciones al azar, los neodarwinistas consideran que la evolución obedece a la selección natural, al aislamiento y al trueque ó intercambio genético. Este último es ocasionado por el entrecruzamiento en la meiosis y por la fusión de los gametos que es obligatoria para la reproducción sexual. Ya veremos que todos estos factores inciden en los que ha dado en llamarse la p_oza genética ó el patrimonio genético de una población.

Ley de Hardy-Weinberg

Esta ley establece que cuando no ocurren mutaciones ó inmigraciones en una gran población cuyos miembros se reproducen entre sí al azar, las frecuencias génicas se mantienen estables de generación en generación y en consecuencia no hay evolución.

Especiación o formación de especies nuevas

Se ha calculado que cuatro millones de especies viven actualmente en la tierra. En tanto que las que han existido y desaparecido suman una cifra que oscila entre mil seiscientos y dieciséis mil millones de especies, ¿Cómo es posible tanta diversidad? La respuesta está, de luego, en la evolución.

Los biólogos neodarwinistas dan por sentado que la -

evolución entre en acción cuando se producen variaciones en algunos individuos que posteriormente estarán sometidos a la selección natural.

En virtud de tal mecanismo, las nuevas variedades dejarían en promedio más descendencia que el resto de los individuos y, al cabo de varias generaciones, predominarían dentro del patrimonio genético de la población.

Estas "rupturas" del equilibrio de Hardy-Winberg serían más frecuentes tratándose de poblaciones pequeñas que quedan aisladas porque, al formarse nuevos tipos genéticos, aumenta considerablemente la probabilidad de que una mera casualidad los haga permanecer y se produzca un cambio evolutivo.

La ley de Hardy-Winberg postula que uno de los factores decisivos para que una población no evolucione es la reproducción continua entre sus miembros.

Pero si surgen barreras que geográfica o biológicamente impiden la reproducción entre dos poblaciones de una misma especie, a la larga surgirán especies nuevas. Ejemplos de barreras geográficas serían la formación de desiertos en medio de una vasta zona boscosa ó la súbita aparición de un río en un valle. Por otra parte, cuando dos poblaciones afines cambian sus hábitos reproductores respecto a la época del año en que se realizan ó en cuanto al lugar en donde ocurren, se produce una barrera biológica.

La especiación sería, pues, el fenómeno mediante el cual una población se desestabiliza y de ella surgen es-

pecies nuevas. Ya habrá espacio para explicar que, si --- bien los puntos de vista neodarwinistas son los más generalizados entre los biólogos, hay una importante corriente neolamarquiana, así como muchos partidarios de una solución eclética, e incluso algunos que se declaran finalistas ó que simplemente consideran que nuestra ignorancia en cuestiones evolutivas es absoluta.

LAS OBJECIONES

Es indudable que lo más chocante del neodarwinismo ortodoxo está en la sobre valoración del azar. Los lamarquianos, vitalistas y finalistas suelen utilizar ejemplos como el de Waddington, quien decía que tan absurdo es concebir la formación de un ser vivo al azar como imaginar que el mero hecho de lanzar ladrillos sin ton ni son pueden originar una casa (con una distribución racional y funcional, cabría añadir).

Resulta difícil aceptar que la asombrosa coordinación existente entre las variaciones simultáneas que ocurren en varios órganos y que determinan diversas funciones ó comportamientos en un sólo ser sean meras casualidades. ----- Tal es el caso de las variaciones que tuvieron que concurrir para que un insecto áptero originara a un insecto volador. Aún más difícil es creer en el azar cuando las maravillosas modificaciones coordinadas de un organismo corresponden como una maquinaria perfecta con la forma, las funciones y la conducta de otros organismo

CAPITULO II

"Algunos Resultados Experimentales que Contradicen la Teoría Clásica"

INTRODUCCION

Aquí se verán los resultados de algunos trabajos experimentales, iniciando con una problemática general, posteriormente los estudios de Wilson y colaboradores sobre Valores de Evolución Cromosomal, Proteínica y Anatómica. Estructuración social de poblaciones mamíferas, valores de evolución en plantas y evolución cromosomal en mamíferos.

Después se analizarán estos trabajos, para -- continuar con el campo cromosómico, así como la estructura de cromosomas eucarióticos y finalizar con los experimentos de Durrant sobre el lino.

PROBLEMATICA GENERAL¹²

Los proponentes de la teoría darwinista de la evolución mantienen que las variaciones genéticas casuales de los organismos, plantas y animales, gradualmente dan origen a la variación dentro de las poblaciones, y, debido a la escasez de los recursos disponibles, solamente sobrevivirán y se reproducirán prolíficamente para dar origen a nuevas especies los individuos que a consecuencia de dicha variación hayan adquirido mayor aptitud.

A eso se le conoce como la supervivencia del más apto. Después de aceptado el punto de vista de Darwin, quedaba por dilucidar ¿Cómo se transmiten a la descendencia las variaciones por mediación de los genes? En otras palabras: ¿Cómo se puede explicar de esta manera la gran diversidad de productos metabólicos que se observan en el organismo?, después de varios estudios se llegó a la conclusión de que las diferencias heredadas que determinan la evolución ocurren a nivel del gene. A raíz de estos descubrimientos se definió éste en términos tomados de la lingüística y la informática de la siguiente: un gene es la cantidad precisa de material genético que "codifica" una molécula proteínica determinada. Así, pues, el matrimonio de la biología molecular con la teoría neodarwinista se sustentó sobre el concepto básico de que los cambios a nivel genético, producidos por mutaciones puntuales al azar, lentamente producen variaciones que bajo la presión de la selección natural, dan lugar a la evolución.

Varios estudios bioquímicos comparativos parecían --

confirmar la opinión general de que las mutaciones puntuales al azar a nivel del gene dan lugar muy lentamente a la variación.

Es más, ¿no constituye el eohippus, un ejemplo clásico de ello, dada la evolución gradual de este desde un animal de dimensiones caninas hasta el caballo doméstico de nuestros días?

A comienzos de la década pasada, el bioquímico Allan C. Wilson, de la Universidad de California en Berkeley, y un grupo de zoólogos de la Universidad de Texas, se propusieron confirmar esta hipótesis mediante un extenso estudio estadístico de la evidencia paleontológica y bioquímica. El grupo de Wilson comenzó por medir la razón de cambio de una proteína muy común en los anfibios. Lo mismo se hizo con mamíferos placentarios, como el caballo, que por ejemplo, evolucionan con mayor rapidez. Se esperaba, por supuesto, que la razón de cambio proteínico sería mucho mayor en los últimos que en los primeros como se verá más adelante, la velocidad de evolución de los mamíferos es alrededor de 20 veces más rápida que la evolución de las ranas.

2.2 LOS ESTUDIOS DE WILSON Y COLABORADORES.

2.2.1 El bioquímico Wilson (1974)¹³ trató de encontrar una correlación entre la velocidad de evolución de las proteínas de los mamíferos y las ranas. El método utilizado consistió en preparar albuminas purificadas de 28 especies de ranas y 36 especies de mamíferos cuyo número de cromosomas fuese conocido.

Se procedió a producir antisueros contra dichas albuminas y luego cada antisuero fué probado con el suero ó plasma en el número de especies del número cromosómico conocido.

Esto se realizó a través del método cuantitativo de fijación de microcomplemento, de esta manera se midió la distancia inmunológica entre dichas especies, distancia que es aproximadamente igual a las diferencias en la secuencia de aminoácidos entre las dos albuminas.

Previamente Wilson había demostrado que la distancia inmunológica entre las proteínas se correlaciona muy bien con la distancia genética existente entre los ácidos desoxirribonucleicos de tal manera que la distancia inmunológica es confiable como indicador de la distancia existente entre los gametos.

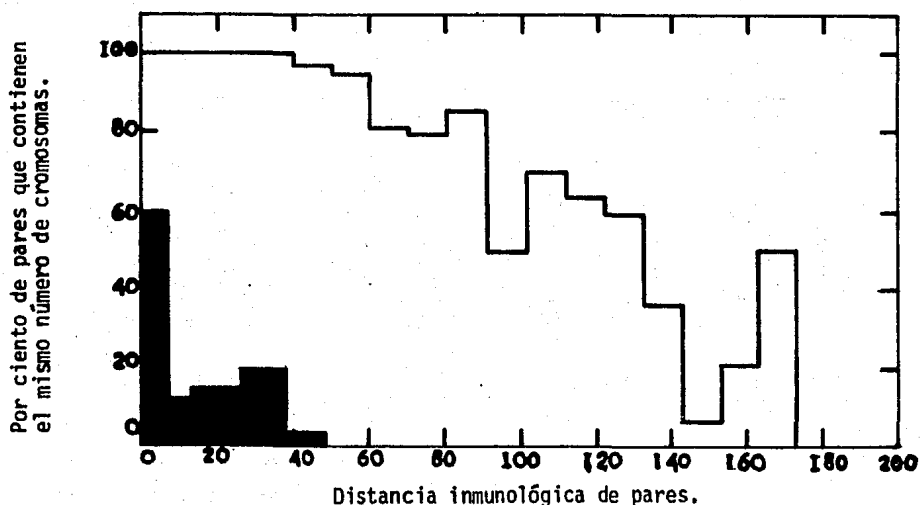
Por este procedimiento Wilson relacionó las diferencias cromosómicas con la distancia inmunológica encontrando que los mamíferos cuyas albuminas difieren por más de seis unidades usualmente tienen diferente número cromosómico y aquellos mamíferos que difieren tan sólo en seis unidades tienen un 50% de probabilidad de diferir en su número

mero cromosómico, estos resultados contrastan notablemente con los obtenidos al estudiar las ranas pues cuando la albumina de estas - difiere en seis unidades siempre tienen el mismo número de cromosomas y sólo cuando la diferencia es de aproximadamente 120 unidades existe un 50% de probabilidades de que las dos ranas difieran en su número de cromosomas.

Una imagen similar surge si se considera el número de brazos cromosómicos pues cuando la distancia inmunológica es de 50% en - dos especies la diferencia cromosómica (número fundamental) es de 4 unidades para los mamíferos y 120 unidades para las ranas.

Estos resultados indican que los cambios del número cromosómico ocurren 20 veces más rápido en los mamíferos que en las ranas, esta diferencia se obtiene de la estimación de la distancia inmunológica de las albúminas que se relacionan con un 50% de probabilidad de que un par de especies tenga idéntico número cromosómico.

Fig. 4



Donde se nota que este es de 120 unidades para las ranas y 6 unidades para los mamíferos placentarios simultáneamente existe evidencia de que la evolución de la albumina se produce con una considerable regularidad y que su evolución en las ranas parece ser igual a la de los mamíferos placentarios. Esta tasa es de 1.7 unidades por cada millón de años; a partir de este dato es posible calcular con que velocidad evoluciona el número cromosómico de estas dos especies.

Para los mamíferos el promedio de tiempo requerido es $6/1.7$ lo que equivale a 3.5 millones de años, en tanto que para las ranas el tiempo promedio requerido para que se presente una diferencia en el número cromosómico es 20 veces mayor.

Los cambios evolutivos del número cromosómico pueden resultar por el reordenamiento ó, por la pérdida ó ganancia del material genético, muchos mamíferos a pesar de su número cromosómico tienen 6 pg. de DNA por célula y muchas de las ranas examinadas tienen 10 pg. de DNA por célula, de tal manera que el reordenamiento genético es probablemente el responsable de muchos de los cambios evolutivos del número cromosómico, entonces se hace aparente que los cambios evolutivos en el arreglo genético ocurren más rápido en los mamíferos que en las ranas.

La rápida evolución cromosómica en los mamíferos es paralela a su rápida evolución anatómica sin embargo, no existe indicación de que la evolución de las proteínas este acelerada en los mamíferos, es decir, existe un marca-

do contraste entre la evolución de las proteínas y la evolución cromosómica.

Los biólogos evolucionistas usualmente piensan que -- una revolución genética acompaña al proceso de especiación, sin embargo existe una creciente evidencia que especies relacionadas pero cariotípicamente distintas pueden ser extremadamente parecidas en el nivel de las proteínas, esto nos lleva a dudar que la revolución genética acompañe la especiación.

La rápida evolución cromosómica experimentada por -- los mamíferos es paralela no sólo con su rápida evolución anatómica, sino también con la pérdida del potencial para la hibridación interespecifica, Wilson sugiere que la pérdida evolutiva de la capacidad de dos especies para hibridarse probablemente resulta de la acumulación de incompatibilidad entre los dos sistemas a regular.

La expresión de los genes durante el desarrollo embrionario parece ser que el mamífero está sometido a una rápida evolución de la regulación de la expresión de los genes y simultáneamente a un rápido rearrreglo genético, a eso se debe que la biología molecular preste ahora mucha atención a la organización de los genes de los cromosomas. La idea de que el rearrreglo genético puede contribuir significativamente a la evolución no es nueva y sería conveniente considerar a la evolución como el resultado primario de cambios en la expresión de los genes considerados unos en relación a otros. Más que como cambios que sustituyen aminoácidos en los productos de estos genes, en con

clusión el reordenamiento genético puede ser un importante mecanismo a través del cual nuevas interacciones pueden ocurrir.

Paradójicamente, sin embargo, las ranas y los mamíferos placentarios resultaron tener el mismo ritmo de evolución proteínica, pese a que conforme a los criterios biológicos más sencillos era evidente que los mamíferos placentarios evolucionaban a gran velocidad, en tanto que las ranas, evolutivamente hablando, permanecían estancadas. ¿Qué podría significar eso?

El siguiente paso del grupo de Wilson fué buscar un tipo de transformación genética cuya razón de cambio se pudiera asociar a la evolución del organismo de los vertebrados. Hallaron que los índices biológicos de evolución parecían corresponder a los cambios genéticos a nivel de los cromomas. Los cromosomas, a diferencia de los genes, son una forma de organización geométrica natural del material genético, y se pueden ver sin dificultad en un microscopio común.

Pero quizás había algo fuera de lo ordinario en la manera en que evolucionan los anfibios ó los mamíferos placentarios en particular.

EVOLUCION CROMOSOMAL EN ANIMALES

2.2.2 Más adelante Wilson y colaboradores empezaron a -- buscar una relación entre cromosomas y evolución,¹⁴ ya -- que postularon que debería existir algún tipo de cambio -- genético evolutivo correlacionado con el rango de evolu-- ción somática.

Esta hipótesis surgió de dilucidar las bases genéti-- cas del cambio evolutivo en el nivel somático midiendo los rangos evolutivos, puesto que algún tipo de cambio genéti-- co como rango evolucionario correlacionado con el rango -- de evolución somática podrá estar en las bases de la evo-- lución de los organismos. Los vertebrados proporcionan -- oportunidades para estudiarlos debido a correlaciones se-- mejantes ya que algunos linajes presentan los mismos ran-- gos de cambio evolutivo en anatomía y evolución de vida -- que otros.

Los estudios clásicos de anatomistas comparativos y paleontólogos establecen que el linaje sobresaliente para mamíferos pasa sucesivamente a través de los siguientes -- estados organísmales.

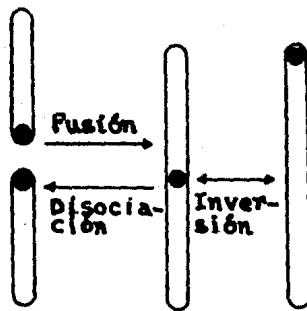
Pescado → Anfibio → Reptil → Mamífero

Pero también es conocido que el tiempo de evolución anatómica es mayor en algunos mamíferos placentarios que en los linajes principales de algunos pescados ancestrales ó pescados modernos.

Por lo que algún tipo de reordenamiento que ocurre -- rápidamente en mamíferos placentarios pero lentamente en

otros vertebrados podrían ser las bases de la evolución somática. El reordenamiento genético podrá ser un proceso semejante y esta posibilidad será dilucidada en el número de cromosomas y en el número de brazos cromosomales por Genoma.

Ya que los cambios en el número cromosomal usualmente resultan de eventos de fisión o fusión. Los cambios en el número de brazos serán atribuibles a inversiones o por pérdida o ganancia de heterocromatina. Ver Fig. 5



Aunque los cambios cariotípicos semejantes serán observados como manifestaciones imperfectas del fenómeno de reordenamiento genético.

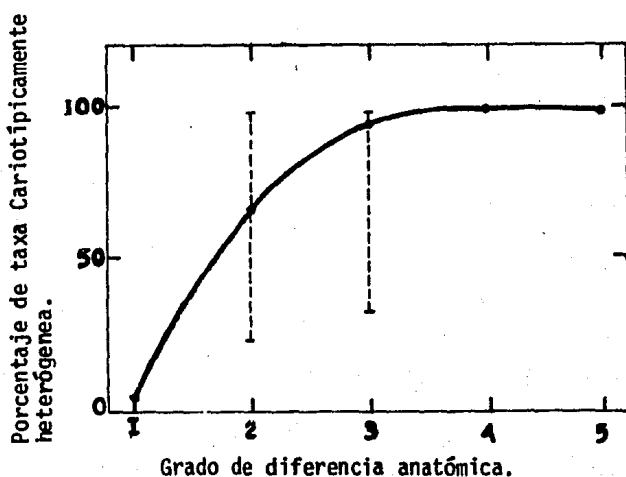
Para probar lo anterior el primer paso en este análisis fue probar la hipótesis que el cambio morfológico está correlacionado con el cambio de cariotipo, como la medición de diferencia morfológica entre organismos.

Para lo cual ellos usaron este grado de diferencia taxonómica, ya que las diferencias taxonómicas de especies, géneros, familias, órdenes y clases están basadas muchas veces en estudios de semejanza anatómica. Por lo tanto organismos clasificados en diferentes familias serán más diferentes en anatomía que estos en la

misma familia, género ó especie.

Pero también se puede tener la posibilidad de que dos organismos que difieren en cariotipo estén relacionados en este grado de diferencia taxonómica.

La muestra usada para este estudio incluyó 1230 especies, perteneciendo a 201 generos 45 familias, 19 órdenes y 4 clases. Para cada categoría taxonómica, ellos estimaron la porción de las categorías taxonomicas que fué heterogenea con respecto a números de cromosomas ó números de brazos cromosómicos. Como se ve en la Fig. 6



Analizando la variación intragenérica se puede estimar el número de cambios en número de brazos con número cromosomal que ocurre a lo largo de un linaje típico principal o a una especie dentro del género. Esta cantidad m es obtenida por la ecuación. $m = (k-1) / n$

Donde n es el número de especies examinadas por género y k es el número de cariotipos diferentes por género. Esta ecuación está basada en la consideración de que el número de cambios evolucionarios en cariotipo como el origen de los géneros es $k-1$. Esta es una consideración razonable sólo cuando k es mucho menor que m ; como k es aproximado n , m se podrá determinar el número de cambios cariotípicos por linaje.

Considerando a t , como el tiempo que ocurre en el primer dato de cada género en el registro fósil. Para cada grupo mayor de vertebrados (placentarios, marsupiales, reptiles, anfibios y pescados) graficando t' contra k en géneros, se observa una correlación significativa en el coeficiente observado. El coeficiente de correlación promedio será -0.006 donde la pendiente es de -0.001 . En otras palabras, un género viejo no es más variable cariotípicamente que uno joven. La implicación es que aquí, en estos linajes viejos cuando sufren cambios morfológicos pequeños, la evolución cariotípica tiene que ser también lenta.

Los resultados contrastan con los resultados de estudios en evolución estructural del gen.

VALORES DE EVOLUCION CROMOSOMAL.

El siguiente paso será estimar el valor promedio de evolución cariotípica para varios grupos de vertebrados.

Este valor (r) representa el número de cambios cariotípicos por linaje por cien millones de años.

$$r = (100) \frac{\sum_{i=1}^N \frac{(k-1)}{n}}{\sum_{i=1}^N t_i}$$

En efecto computando el número promedio de cambios cariotípicos o linajes por cada grupo (conteniendo n géneros) y dividiendo éste por la edad promedio del género en el grupo, los resultados están en la tabla.

Valor de evolución cariotípica en generos
politípicos de vertebrados y moluscos

Grupo	No. de generos Examinados	Edad promedio de generos en millones de - años.	Cambios cariotípicos por linaje, por 10 ⁸ años	
			No. de Brazos	No. Cromosomal
Mamíferos placentarios				
Roedores	42	4.6	9.6	8.2
Primates	12	4.4	7.1	7.1
Conejos	3	9.0	7.6	5.2
Ungulados	14	4.3	4.3	7.2
Insectívoros	8	11.0	4.4	2.1
Murciélagos	11	11.6	3.1	1.4
Ballenas	17	10.7	2.1	1.2
Promedio	3	6.3	1.7	0
Otros vertebrados				
Marsupiales	8	1.9	1.3	0
Vívoras	12	12.4	2.1	0.5
Lagartos	15	23.0	1.3	1.1
Tortugas y Cocodrilos	13	51.0	0.15	0.06
Ranas	12	16.7	0.8	1.0
Salamandras	9	21.5	0.3	0.3
Pescados	23	18.8	1.5	1.1
Promedio	—	20.6	1.1	0.6
Moluscos				
Caracoles	16	64.7	—	0.3
Otros caracoles	15	49.0	—	0.4
Betunes	3	77.0	—	0.1
Promedio	—	64.0	—	0.3

La evolución cariotípica está precedida más rápidamente en placentarios que en otros vertebrados por un -- factor mínimo de 5.

Esto es evidencia de los dos, el número de cromosomas y el número de brazos estimados en la tabla, el valor promedio de cambios en número de brazos (calculado -- como cambios por linaje por cien millones de años) tienen también cinco para placentarios y aproximadamente -- uno para otros vertebrados. También, para números cromosomales, el valor es 4 para placentarios y 0.6 para otros vertebrados. Cada una de estas diferencias es significativa estadísticamente con un nivel de 0.01. El valor (r) para 8 grupos de placentarios será comparado por el "procedimiento de suma de cuadrados simultáneos" a el valor (r) para los siete grupos de otros vertebrados.

Un cálculo similar fue hecho para los números de -- cromosomas de moluscos como se indica en la tabla adjunta.

En relación con estos valores muy bajos de evolución organismal. Los moluscos presentan valores muy bajos de cambio evolucionario en número de cromosomas.

El valor de evolución cariotípica no es uniformemente alto entre placentarios.

Como se ve en la tabla anterior, primates y roedores experimentan una evolución cariotípica. Esto es una guía de que la movilidad es un factor importante en la evolución cariotípica, tal que movilidad está correlacionada con el tamaño de cuerpo de mamíferos no voladores, ellos

analizaron este dato estadísticamente para ver si la variabilidad cariotípica depende del tamaño.

Dividieron placentarios no voladores en géneros --- grandes, medianos y pequeños y también envuelven géneros lentos, medianos y rápidos en las bases de variabilidad cariotípica.

Así también observaron que el valor de evolución cariotípica no es alto uniformemente entre placentarios, - como se ven en la tabla anterior, ya que primates y roedores presentan una evolución cariotípica elevada con -- respecto a murciélagos y ballenas, lo que indica que la movilidad es un factor importante en evolución cariotípi ca. Tal vez la movilidad esta correlacionada con el tama ño del cuerpo en mamíferos no voladores.

Para continuar con su estudio ellos dividieron los placentarios no voladores en géneros grandes, medianos y pequeños así como también por su evolución en géneros -- lentos, medianos y rápidos de acuerdo a las bases de su variabilidad cariotípica.

Posteriormente para explicar el extraordinariamente alto valor de evolución cromosomal, consideraron dos posibilidades: a) Que el valor de mutación cromosomal es - usualmente alto en estos animales. Esta posibilidad pare ce inverosímil, puesto que la estructura cromosomal y -- composición es similar en todos los vertebrados examinados. La segunda posibilidad evolutiva es la estructura - poblacional. Los placentarios están mejor estructurados socialmente, así las mutaciones cromosomales tienen una

mayor posibilidad de sobrevivir, ya que son fijadas apropiadamente y pueden propagarse como en el caso de otros vertebrados.

También se presentó el problema de fijar nuevos reordenamientos de genes en donde en el estado heterocigoto en un diploide individual inicialmente está presente una nueva elevación cromosomal y se presenta durante la meiosis individual de este.

Debido a que frecuentemente se presentan problemas de apareamiento cromosomal, por esta razón el heterocigoto tiene frecuentemente fecundidad reducida.

Por lo cual la condición sobre la cual una mutación cromosomal puede venir fijada será muy limitada, debido a esto es extremadamente difícil que una mutación cromosomal pueda venir fijada en una población exogámica "mezcla de parejas", ya que el reordenamiento de genes puede ocurrir pero no necesariamente elevado en una población pequeña de 10 ó menos crías individuales cuando quedan aisladas.

Se pueden presentar reproducciones de otros miembros de las especies suficientemente grandes para el reordenamiento si vienen fijados en la condición homocigota a través de endogamia "consanguinidad" y para esto se requieren un número de 2 generaciones, además el reordenamiento de genes debe ser de un tipo tal que éste no se reduzca la viabilidad del heterocigoto y, si se prorroga, debe conceder alguna ventaja al homocigoto.

El grupo de Wilson, siguiendo la sugerencia de Bush,

proponen que los placentarios tienen logrado el requisito en endogamia así como poblaciones pequeñas por la estructura social de las mismas.

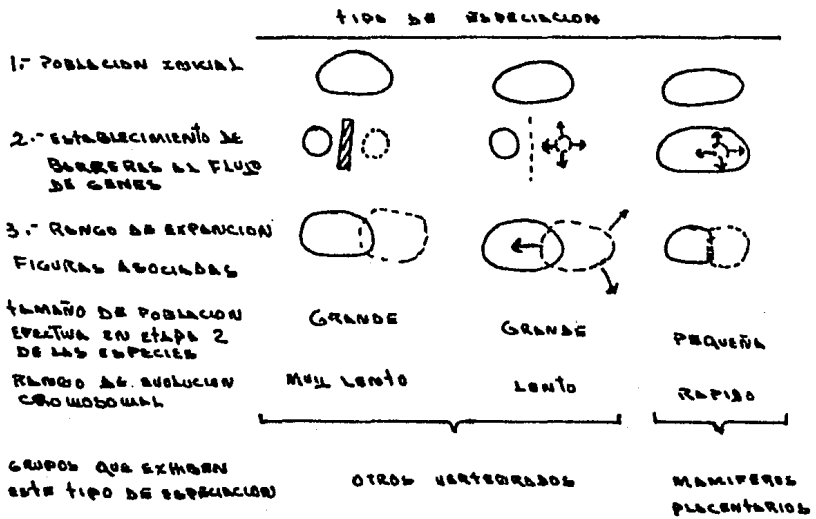
Ya que también el medio ambiente social y otros factores dividen a especies típicas.

Así también observaron que la fijación de un nuevo reordenamiento de genes en una unidad social muchas veces produce una población la cual es reproducida aislada mente de las especies paternas.

Y esto es debido a que algunos híbridos formados entre las especies paternas y la unidad social mutante - con heterocigotos para el reordenamiento también frecuentemente exhiben capacidad reproductiva reducida. Como la unidad social mutante es una especie nueva, provisto el reordenamiento producirá un modelo ventajoso de expresión genética en las nuevas especies las cuales tendrán el poder para desplazar las especies paternas en partes o - todas de estos rangos ó también expandir una nueva zona adaptativa. Ya que la fijación de un nuevo reordenamiento es frecuentemente un evento de especiación.

Debido a lo cual proponen dos tipos mayores de especiación (I y II) en vertebrados como se ve en la Fig.7

Fig. 7



De los estudios anteriores concluyen:

- Que los mamíferos placentarios presentan una evolución rápida no usual a ambos niveles cromosomal y orgánico, aunque no al nivel de genes estructurales, de ahí que el reordenamiento de genes tenga un mayor papel en la evolución orgánica.
- El factor que hace capaces a los placentarios para desarrollarse rápidamente en el nivel cromosomal será la estructuración social de esas poblaciones.

EVOLUCION CROMOSOMAL EN PLANTAS

2.2.3 Después del estudio en animales consideraron la posibilidad de estudiar los rangos de evolución cromosomal en plantas,¹⁵ y así poder considerar la variabilidad en el número de cromosomas en géneros donde la edad es aproximadamente conocida y también conocer los incrementos relativos en diversidad de números de cromosomas por linaje y por unidad de tiempo.

Para ello Wilson y colaboradores realizaron este estudio por el problema de estimar los rangos de evolución cromosomal en plantas.

El estudio fué hecho para considerar la variabilidad en el número de cromosomas dentro de géneros donde la edad es aproximadamente conocida a partir de fósiles y evidencias biogeográficas. Y los incrementos relativos en diversidad de números de cromosomas por linaje por unidad de tiempo, fueron los siguientes: Angiospermas herbáceas 100; Angiospermas selváticas 14; coníferas 2; y cícadas 0. Los rangos de incremento en diversidad de especies fueron estimados en un camino análogo, estos rangos fueron correlacionados fuertemente con los rangos cariotípicos.

Se ha visto que las diferencias en el rango evolutivo entre grupos mayores de plantas podrán ser explicados debido a la estructura de la población ya que las yerbas tienen pequeños tamaños de población efectiva y relativamente alta dispersabilidad. En contraste las angiospermas selváticas y ginospermas tendrán poblaciones grandes

y baja dispersabilidad, debido a lo cual la posibilidad de fijar y dispersar nuevos cariotipos es mayor en las herbáceas que en otras semillas de plantas.

Ya que los rangos de divergencia cromosomal y especiación aparecen ó varían en plantas con diferentes formas de crecimiento y se presentan altos rangos de existencia en yerbas y bajos en arbustos y árboles especialmente en coníferas y cícadas.

Vieron que los rangos de evolución cromosomal y especiación por generos no pueden ser estimados dentro del conocimiento de pérdida o ganancia de diversidad en períodos geológicos pasados.

Aunque conociendo la diversidad presente y la edad aproximada de los géneros se tienen bases para obtener los rangos netos de incremento en diversidad cromosomal y número de especies por generos. Para ello en este estudio ellos probaron por métodos analíticos la hipótesis que estos serán rangos evolutivos diferenciales entre formas de crecimiento de plantas.

En el método utilizado ellos consideraron los géneros que representan los nueve super órdenes de angiospermas reconocido por Cronquis, y las coníferas y cícadas en las gimnospermas, las edades de angiospermas y gimnospermas fueron estudiadas de megafósiles y datos de polen y de distribuciones biogeográficas como se interpreta en publicaciones recientes.

Revisaron números de cromosomas para 8378 angiospermas y 590 especies de ginospermas fueron obtenidas de in

·

dicés de números cromosomales y revisión de artículos. -
Para lo cual ellos solo consideraron los géneros que con-
tienen más de cinco especies de número cromosómico cono-
cido, la mayor parte de los géneros examinados tienen co-
mo mínimo 20 especies de cariotipos conocidos.

Vieron que de la heterogeneidad del número de cromosomas que contiene cada género, se estima el incremento medio en la diversidad del número cromosomal a lo largo de un linaje típico que contiene el género.

TABLA I

Valores de Evolución Cromosomal en géneros de vertebrados vivientes.

Grupo	No. de géneros examinados (G)	Edad promedio de géneros en millones d'años	Cambios cariotípicos por linaje por millones de años	
			No. de cromosomas	No. de brazos
Mamíferos				
Caballos	1	3.5	0.609	0.786
Primates	13	3.8	0.333	0.413
Roedores	50	6.0	0.178	0.253
Insectívoros	7	8.1	0.074	0.113
Carnívoros	10	12.9	0.042	0.036
Promedio		6.5	0.129	0.166
Otros vertebrados				
Lagartos	16	20.1	0.027	0.031
Víboras	14	12.1	0.007	0.041
Ranas	15	26.4	0.011	0.012
Salamandras	11	23.4	0.006	0.008
Promedio		22.1	0.009	0.020

TABLA 2

Valores de Especiación en géneros de vertebrados vivientes.

Grupo	Valor de especiación neta (R)	Tiempo de duración media de especies (D)	Valor de extinción (E)	Valor de especiación corregido (S)
Mamíferos				
Caballos	0.80	0.5	2.0	2.8
Primates	0.60	0.5	2.0	2.6
Roedores	0.56	1.0	1.0	1.6
Insectívoros	0.42	1.0	1.0	1.4
Carnívoros	0.25	1.2	0.8	1.1
Promedio	0.50	1.5	1.0	1.5
Otros Vertebrados				
Lagartos	0.23	26.0	0.04	0.3
Víboras	0.33	16.0	0.06	0.4
Ranas	0.18	16.0	0.06	0.2
Salamandras	0.12	5.0	0.2	0.3
Promedio	0.24	14.0	0.1	0.3

MATERIALES Y METODOS.

El género considerado representa los 9 super órdenes de angiospermas reconocido por Cronquist. Y las coníferas y cícadas en las ginospermas, las edades de angiospermas y gimnospermas fueron estimadas de datos fósiles y polen y de distribuciones biogeográficas. Sólo géneros con datos fósiles están considerados. La fecha asignada a un género es la fecha asignada para el comienzo de la época.

Números de cromosomas para 8,378 angiospermas y 590 especies de gimnospermas fueron obtenidos del conteo de cromosomas de índices y artículos revisados. Estos géneros contienen una de cinco especies de números de cromosomas conocidos.

La mayor parte del género examinado tiene como mínimo 20 especies de cariotipos conocidos.

De la heterogeneidad del número de cromosomas que contiene cada género se considera que el incremento medio en número cromosomal difiere en todo un linaje típico que contiene el género. Esta cantidad (m) es dada por $m=(k-1)/n$ donde n es el número de especies muestreadas por género y k es el número de cromosomas contados por género. Pero dividiendo m por la edad del género putativo t , el valor medio de incremento en diversidad cromosomal por linaje es obtenido, o estimado el valor promedio de incremento en diversidad cromosomal por linaje (rc) para un grupo de n géneros se usa la siguiente ecuación.

$$r_c = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^N \frac{(k-1)}{m t}$$

Por esto es notable que rc es un estimado mínimo, donde - todas las especies con el mismo número derivado serán conside- radas ó están envueltas en un ancestro simple común ó número - de conexión para estimar los valores netos de especiación (es- peciación mínima de extinción), en géneros de plantas es usada la siguiente ecuación:

$$S = 2^P, \text{ donde } P = 3.3 \log S$$

Donde S es el número de especies vivientes en un género - y P es un estimado del número promedio de eventos de especia- ción que están ocurriendo en todo un linaje típico en el gé- nero. Esta ecuación es similar a la usada para estimación de - valores de especiación en animales. El número de especies por género será tomado de Willes para 201 géneros de angiospermas y 37 géneros de gimnospermas. Para estimar el número promedio neto de especiaciones por linaje, por un millón de años para - un grupo de n géneros, se usa la siguiente ecuación:

$$Y_s = \frac{3.3}{N} \sum_{i=1}^N \left(\frac{\log S}{t} \right)$$

Este método usado para calcular " rs " asume un incremento exponencial en el número de linajes por género a través del - tiempo.

Para ilustrar alguno de los siguientes métodos para cal- cular valores netos de evolución cromosomal y especiación, los resultados de muestras calculadas para géneros representativos están indicados en la tabla:

Valores Netos de Evolución Cromosomal y Especiación
 en Género Representativo

Generos	Forma	Edad (Myr) (t)	No. de especies existentes por género (s)	Incremento medio en No. de especie por Myr (p/t)	Diversidad Cromosomal (m)	Incremento ó medio en No. de cromosoma, diver sidad por Myr (M/t)
Bromus	Yerbas	65	50	0.09	0.07	0.001
Viola	Yerbas	13	500	0.89	0.12	0.009
Filox	Yerbas	2.5	67	2.41	0.14	0.057
Mimulus	Yerbas	38	38	0.14	0.40	0.011
Artoslafilos	Arbusto	27	71	0.23	0.01	0.001
Vacinean	Arbustos	65	350	0.13	0.05	0.001
Ilex	Arbustos	110	400	0.08	0.07	0.001
Dispiros	Arboles	110	500	0.09	0.17	0.001

(Myr) Millones de años

Conforme a sus estudios realizados, ellos encontraron los siguientes resultados:

Que la diversidad cromosomal y números de especies será independiente de la edad de los géneros, donde proponen a (M) para cada género y (t) para los géneros que están dentro de yerbas, arbustos y árboles. En este caso fué observado un coeficiente de correlación significativa, donde el promedio del coeficiente de correlación fué 0.06, así también proponen el número de especies -- por género comparado con la edad del género dentro de cada superorden, no fueron observadas correlaciones significantes, el promedio de coeficiente de correlación r fué 0.09 conforme, un género viejo no es más variable - en número de cromosomas ó rico en más especies que uno joven.

También vieron que la evolución cromosomal esta precedida mucho más rápidamente en yerbas que en arbustos ó árboles angiospermas, las cícadas y angiospermas tienen los rangos más lentos. Vieron que el incremento promedio en diversidad cromosomal por millón de años es: 0.0736 - para yerbas, 0.0102 para arbustos, 0.0014 para maderas - duras y 0.00012 para coníferas como se ve en la tabla.

Valores Netos de Evolución Cromosomal y Especiación

como una función de formas de Crecimiento.

Formas de Crecimiento	No. de géneros examinados	Incremento Medio en No. de especies por linaje por Myr	Incremento medio en Número cromosomal diversidad por linaje por Myr		
			Total	Poliploides	Aneuploide
Yerbas	99	1.05±1.19	0.073±0.116	0.05±0.09	0.020± 0.04
Arbustos	63	0.24±0.45	0.010±0.038	0.01±0.03	0.0005±0.001
Maderas Duras	39	0.09±0.03	0.0014±0.0019	0.001±0.001	0.0003±0.00
Coníferas	26	0.02±0.01	0.0001±0.0002	0.00001	0.0001
Cicadas	10	0.01±0.01	0.0000	0.0000	0.0000

Se vé que la diferencia entre arbustos y maderas duras no es significativa estáticamente; que también maderas duras y coníferas es significativa en el nivel 5% --- ($t_s=2.25$) todas las otras diferencias serán significantes en el nivel 1%.

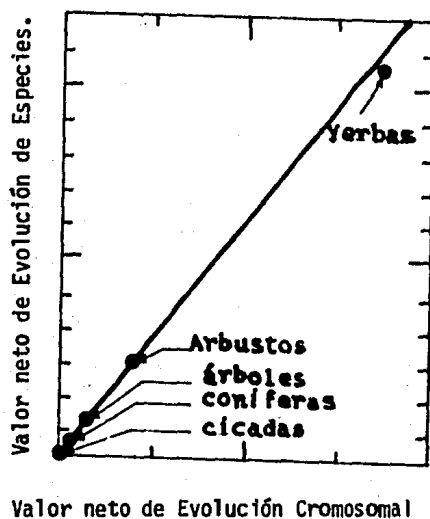
Por lo tanto la evolución cariotípica en angiospermas envuelve ambos aneuploidia y poliploidia. Donde la aneuploidia se refiere a la adición ó pérdida de cromosomas a través de traslocaciones dentro de una alteración en el tamaño del genoma por balanceo. Y la poliploidia se refiere a los cambios en el tamaño del genoma, basada en la adición de uno o más juegos de cromosomas.

Por lo cual los cambios en aneuploidia y poliploidia son acumulados rápidamente en yerbas (tabla 2) y en arbustos, el rango de cambio por poliploidia es aproximadamente 7 veces que en árboles angiospermas, por lo que el cambio por aneuploidia presenta dos diferencias enlazadas. - Las diferencias entre yerbas y otros arbustos ó maderas duras serán significantes ($P 0.01-t_s 3.6$) y las diferencias entre arbustos y árboles no serán significantes estáticamente.

Encontraron también que los rangos netos de incremento en yerbas son superior en promedio que en otras plantas. Y que el rango promedio de incremento por linaje en yerbas es 1.05 por millón de años, 0.24 en arbustos, 0.09 en árboles angiospermas, 0.02 en coníferas, y 0.01 en cícadas. Todas estas diferencias son significantes estadísticamente.

Observaron que los valores de diversificación cromosomal fueron comparados para números de especies por --- cada género de angiospermas, por lo tanto una correlación significativa será fijada por ($r=0.64$; $p. 0.01$) así como también serán evidentes y algunos géneros serán agrupados en las bases de formas de crecimiento: $r=0.71$ para yerbas, 0.89 para arbustos, 0.15 para árboles.

Vieron, que si se toman rangos medios para cada forma de crecimiento, incluyendo coníferas y cícadas, una correlación extendida es obtenida; $r=.99$, como se ve en la Fig. 8



Ellos no lo tienen ensayado para rangos cuantificados de evolución morfológica por formas de crecimiento, además esto es aparente ya que coníferas y cícadas son - mucho más conservativas que angiospermas. Después de sus estudios vieron que los factores que afectan los rangos

evolutivos son: que los rangos de evolución en ambos niveles cariotípicos y orgánicos son relacionados por la crianza, estructura de especies y el medio ambiente prevaliente.

Así como los rangos medios de incremento en diversidad cromosomal y números de especies en géneros de plantas y formas de crecimiento de plantas están altamente correlacionados. Y que ésta relación es más bien debido al hecho que, el tiempo en ambos procesos, está influenciado por el mismo factor ó factores similares. Así como también las diferencias en tiempo de generación pueden contribuir a tener diferencias en rangos de evolución representa una oportunidad para selección ó impulsada al azar.

También las diferencias en la difusión de las semillas afectan los rangos de incremento en diversidad cromosomal y número de especies por género y finalmente las diferencias en la manera en donde las plantas experimentan el medio ambiente en tiempo y espacio afectan ostensiblemente este rango de incremento en número de especies vía divergencia ecogeográfica. De lo anterior ellos concluyen que la especiación envuelve el establecimiento de estrategias adaptativas distintivas, y en algunas instalaciones la fijación de variantes cromosomales que con-fieren barreras completas ó parciales al flujo de genes de linajes relacionados, así como el ensamble del carácter novel es difícil ó le falta bastante para ser registrado por los clasificadores, a menos que esto sea distri

buido más lejos de la población en donde esto fué ensamblado. Y - que la probabilidad de establecimiento y dispersión así como el - valor de especiación y evolución cromosomal, primeramente es una función de estructura reproductiva y dispersabilidad de poblaciones, las cuales serán altamente endogámicas por virtud del flujo de polen restringido ó media fertilidad parcial, y también tienen adaptaciones para semillas dispersas en grandes distancias, así - como rangos evolutivos altos.

Ellos consideran que es una combinación de varios caracteres que dan algún carácter simple de promotores de rápida diferenciación interpoblacional, ya que con poblaciones endogámicas, pero - con alta y baja dispersabilidad cuando relativamente se tienen pocas oportunidades por unidad de tiempo para colonizar un nuevo ha bitat, ya que será la reorganización del gene semilla, un requisi to para proceder con divergencia rápida.

También las poblaciones que son creadas por mezcla de razas y experimentan una gran llegada de polen recibido de poblaciones vecinas, pueden retardar el rango de diferenciación interpoblacional debido a la selección divergente de presiones y aumento genético, también si la dispersabilidad de la semilla es baja, ya que la alta dispersabilidad de la semilla retarda fuertemente el valor de diferenciación en mezcla de razas.

Ellos proponen que la relativamente alta tasa de diversificación en el género herbáceo es debido a su forma cerrada de repro ducción y a su alta dispersión en relación con otras formas de vi da; así mismo, proponen que la baja velocidad de evolución en gimnospermas es debido a su sistema de reproducción abierta.

Las unidades de reproducción pequeñas y dispersas probablemente expliquen la alta velocidad evolutiva del mamífero, especialmente - de aquellos que tienen una estructura social más desarrollada (por ejemplo: los caballos).

También es posible que grupos de invertebrados con estas características tengan altas tasas de evolución.

2.2.4 ESPECIACION RAPIDA Y ESPECIACION CROMOSOMAL¹⁶

Ellos, al probar la hipótesis de que subdivisión poblacional en grupos promueven la especiación rápida así como los cambios evolutivos en el reordenamiento de genes por endogamia, estimaron tasa de especiación y rangos de evolución orgánica de vertebrados. Por lo que nos señalan lo siguiente: para probar la hipótesis que subdivisión poblacional en grupos promueven ambos la especiación rápida y los cambios evolutivos en el reordenamiento de genes por endogamia y deriva, estimaron valores de especiación y valores de evolución cromosomal en 225 géneros de vertebrados.

Los rangos de especiación fueron estimados para considerar el número de especies vivientes en cada género y el registro fósil de cada género es también una información aproximada de los rangos de extinción.

El rango de especiación se correlacionó fuertemente con el rango de evolución cromosómica y con los rangos promedio de especiación en vertebrados inferiores y fueron la mitad en el género mamífero, donde el género con diversidad cariotípica alta y rangos de especiación rápida generalmente tienen tamaños de población pequeña (N_e), por cuanto mayores valores de (N_c), más bien asociados con géneros uniformes cariotípicamente y rangos bajos de especiación.

La especiación y evolución cromosómica también asegurada en estos géneros con especies organizadas: clanes ó harems (Ejemplo algunos primates y caballos) ó con ba-

jilidad adulta, limitada y dispersión juvenil y territorialidad individual fuerte, (Ejemplo algunos roedores).

Algunos biólogos evolucionistas aceptan la hipótesis que poblaciones pequeñas son esenciales para especiación rápida.

De acuerdo a éstas hipótesis muchas nuevas especies surgen de poblaciones fundadas inicialmente por un número pequeño de individuos aislados en la periferia de el rango de especies progenitoras. Y en este principio está fundado que la herencia se mantiene por estructuración social y ecología.

Consideran que las poblaciones pequeñas son esenciales para la evolución cromosomal. También algunos autores sugieren que los dos procesos, especiación y evolución cromosomal, están relacionados casualmente. Pero ahora es posible probar estas ideas cuantitativamente por que los métodos fueron desarrollados recientemente para estimar ambos rangos de especiación y rangos de cambio evolutivo en reordenamiento de genes. Pero vieron que no es fácil hacer un examen directo de las relaciones entre tamaño de población y rangos de evolución cromosomal. Y vieron que si ambos procesos son dependientes en la ocurrencia de pequeñas herencias, los dos rangos podrán ser correlacionados.

Una correlación semejante fué fundada en plantas superiores. Para comprobar lo anterior usaron los siguientes métodos: tasa de evolución cromosomal. Usaron una fórmula modificada para estimar los valores de cambios -

cariotípico, por este método se puede determinar el número de cambios cariotípicos además, porque esto solo se distingue con el número de cariotipos observados, y no se podrá estimar el número mínimo de mutaciones cromosomales las cuales deben de haber ocurrido ó producido el rango observado de cariotipos.

Ellos tienen ahora recalculados los valores de cambio en cariotipos con una ecuación revisada:

$$Y' = \sum_{i=1}^G (a_i + b_i) / \sum_{i=1}^G t_i$$

En donde G es el número de género examinado cariotípicamente dentro de un grupo taxonómico mayor y T es el tiempo de la primera parición de un género en un registro fósil. (En millones de años)

La letra "a" es definida como (c-d) /n, en donde c es el número mayor de cromosomas y d es el número menor de cromosomas por genoma haploide dentro de un genero; n es el número de especies examinadas cariotípicamente dentro de un género. También, b es definida como (e-f)/n en donde e es el número mayor de brazos cromosomales (número fundamental) y f es el número menor de brazos cromosomales por genoma haploide dentro de un género.

Este método está basado en el supuesto que una mutación puede cambiar cualquiera de los números cromosomales haploide por ± 1 , ó el número de brazos haploides por ± 1 . Porque ambos casos de especies poliploides será conocido en pescados, anfibios y reptiles, por este método se podrán cambiar el nivel poliploidia. Y por esta razón, -

un cambio en nivel póliploidia fué contado: como un solo evento.

Pero este nuevo método es fijo y algunas veces inadecuado porque sólo detecta una fracción de todos los --- reordenamientos cromosomales fijados. Y que fusiones, fisiones, inversiones de todos los brazos serán detectadas, considerando todas las inversiones paracéntricas, más -- traslaciones recíprocas, y muchas inversiones pericéntricas no lo serán.

Ya que este método no está compensado para la ocu-- rrencia diferencial de tipos de reordenamiento específico en linajes dados, fué expresado por White como ortoselección cariotípica. Ya que grupos que son extremadamente conservativos en evolución cromosomal serán también - conservativos con respecto a cambios en modelos congregados.

Ellos consideran que la fracción de reordenamiento cromosomal detectada por su método será proporcional aproximadamente a el total, y restringieron su atención a -- esos géneros politépicos en donde el número cromosomal, número de brazos y edad de la primera aparición en el registro fósil son conocidos.

Un total de 1511 especies, representando 225 gñe-- ros, que fueron examinados. Y reconocieron que la mues-- tra del género vertebrado inferior es menos adecuado que en mamíferos.

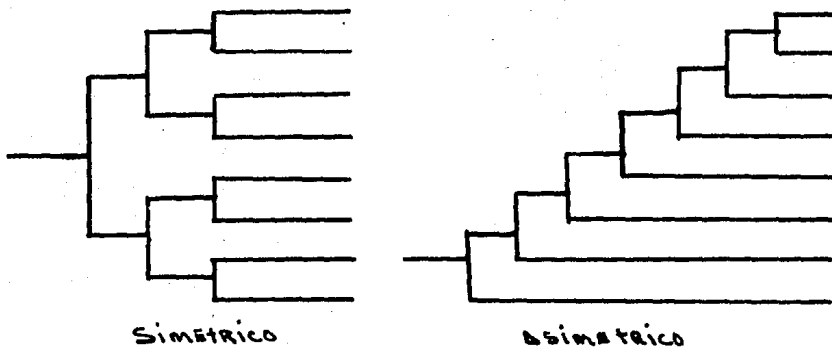
Muchos datos fueron obtenidos de Denton, Chiarelli y Campanina, Pattón y Macarello.

No consideraron en su estudio a los pájaros por el problema que representan para cuantificar los números de cromosomas y brazos. Consideraron que las edades de cada género están basados en el tiempo de la primera aparición en el registro geológico de taxa asignado para los géneros

Estas determinaciones fueron hechas examinando numerosos reportes en la literatura paleontológica y consultando paleontologistas en California y Texas.

Para calcular los valores de especiación dieron seguimiento a lo propuesto por Stanley, el valor en donde nuevas especies aparecen, S fué calculado por $S=R+E$, donde, dentro de un género nuevo R es el valor neto en donde nuevas especies pueden aparecer y E es el valor promedio en donde las especies pueden perder su estimación sobre un período de tiempo en el pasado. Ya que para calcular, R depende del modelo de ramificación de linajes dentro de un género dado. Para muchos géneros, además, el modelo actual de ramificación no está establecido.

Ellos consideraron los dos modelos contrastantes de ramificación presentados en la Fig. 9



En el modelo simétrico (A) el número de eventos de especiación, es el mismo a lo largo de todo el linaje, en este caso, h , y puede ser descrito por: $g=2^h$ ó $h=3.3 \text{ Log } g$. (2)

En donde g es el número de especies existentes por género y h es el número de eventos de especiación. En el modelo asimétrico (B), el número de eventos de especiación por linaje no es constante, varía de 1 a $g-1$. El número promedio de eventos de especiación por linaje para un árbol filogenético semejante es dado por:

$$h = \frac{g+1}{2} - \frac{1}{g} \quad (3) \quad \begin{array}{l} \text{Este estimado de } h \text{ excede} \\ \text{el estimado en la ecuación} \\ (2) \end{array}$$

Para decidir cual modelo es el más realista, estimaron h directamente de varios árboles filogenéticos conocidos. Y los resultados sugieren que la ecuación 2 es más realista que la ecuación 3.

Y para muchos grupos semejantes como ranas y pinipodos, donde tienen valores bajos de evolución cromosomal, usaron la ecuación 2 para estimar los valores netos de especiación en todos los géneros examinados.

Para los valores promedio del valor neto de especiación R , calcularon cada grupo mayor de vertebrados -- por:

$$R = \frac{\sum_{i=1}^G h_i}{\sum_{i=1}^G t_i}$$

En donde g es el número de géneros examinados cariotípicamente dentro del grupo; los valores calculados para cada género serán sumados y divididos por el rango de tiempo sumado (t) para estos géneros.

Después de sus estudios obtuvieron los siguientes resultados donde los nuevos valores estimados de evolución cromosomal dentro de géneros vivientes aparecen en la tabla 1, la cual está dividida en dos partes principales: primero comparando el promedio en géneros de mamíferos y géneros de vertebrados inferiores que también tienen desarrollo muy lento en cariotipo y segundo, la velocidad evolutiva de murcielagos que presentan un desarrollo más lento que los primates. De lo cual concluyen que muchos mamíferos, especialmente primates y caballos tienen desarrollo extraordinariamente rápido en el nivel cromosomal, debido a su organización reproductiva en pequeños grupos socialmente organizados.

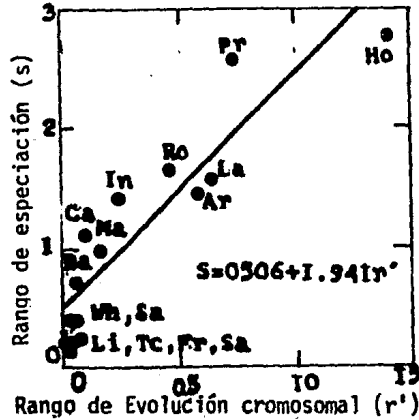
Sus valores estimados de especiación dentro de géneros vivientes aparecen en la tabla 2 donde indican que los valores netos de especiación disminuidos (R) ocurren en vertebrados inferiores y valores aumentados en mamíferos, y los valores de extinción (E) son también superiores en promedio en mamíferos que en otros vertebrados.

En consecuencia, los valores corregidos de especiación (S) serán substancialmente superiores para muchos grupos mamíferos que para vertebrados inferiores.

También graficaron el valor promedio de especiación (S) contra el rango promedio de evolución cariotípica.

Fig. 10

Fig. 10



vieron que una correlación altamente significativa entre los dos valores existentes ($r^2=0.831$) no es simple. Por la mayor rapidez de los grupos desarrollados, ya que los valores absolutos del valor cariotípico (0.4-1.4) -- eventos/líraje por millón de años) el valor de especiación experimentado (1.6-2.8) especies nuevas linaje por millón de años.

Por contraste, para los grupos desarrollados lentamente, el valor cariotípico medio (0.03 eventos/líraje -- por millón de años) es 1/10, el valor medio de especiación (0.3 especies nuevas/líraje por millón de años).

Afortunadamente, porque los valores de extinción -- dentro de cada género examinado no será conocido. Ya que ellos no pueden analizar esta relación en un género por genes bases.

De sus estudios anteriores concluyen que sus estudios cuantitativos de valores de especiación y valores -- de evolución cromosomal contribuyen para una mejor compa

ración del mecanismo para el cambio evolutivo.

Así como sus resultados reportados para vertebrados y para semillas de plantas proveen una prueba cuantitativa para la bien probada teoría de Wright. (La cual dice que la evolución adaptativa y especiación tiene un lugar seguro (firme) en esas especies con una propensión marcada para subdivisión de especies ó formación de herencia).

Concluyen también que la propensión para formar herencias pequeñas es atribuible a varios factores, uno de los cuales es especialmente importante para comprender - que ahora los mamíferos tienen logrados valores altos de evolución adaptativa.

Este factor es la estructuración social, ya que si no fuera por este factor, los mamíferos no tendrían el - alto poder de dispersión y tendrían talvez el mismo valor de desarrollo ó más lento que otros vertebrados inferiores.

Así también que la tendencia a formar pequeños dominios, no asegura que muchas especies puedan desarrollarse rápidamente, ya que nuevas oportunidades ecológicas - surgen como fuente, dado que un nuevo nicho estará disponible.

Sin embargo, parece probable que especies compuestas de pequeños dominios podrán adaptarse al nicho de estas especies con grandes poblaciones panmíticas.

También concluyen que los resultados anotados de -- sus estudios concernientes a los contrastes que existen entre evolución molecular y evolución en otros niveles -

de organización biológica se verán mamíferos mucho más desarrollados que muchos vertebrados inferiores en cariotipo y fenotipo y con observar una especiación está es una evidencia incrementada de que el valor en donde mutaciones puntuales tienen también acumulación de genes estructurales y la secuencia única de DNA, no es mayor en mamíferos que en vertebrados inferiores. Ya que aquí aparecen dos tipos de procesos evolutivos cada uno cumpliendo diferentes juegos de reglas.

Luego entonces, estos está sugiriendo que estructuras poblacionales y dinámicas tienen pequeña influencia en valores de sustitución evolucionaria en genes estructurales y secuencias únicas de DNA, aunque tienen una influencia profunda en evolución a otros niveles.

2.2.5 ANALISIS DE LOS TRABAJOS DE WILSON¹⁷

Los métodos estadísticos holistas de Wilson y sus colaboradores excluyen algo muy importante en cuanto a las circunstancias en las que ha ocurrido la evolución rápida de los mamíferos placentarios. Estos evolucionaron al mismo tiempo que evolucionaban rápidamente las angiospermas herbáceas -como las gramíneas-, que tenían la capacidad de ocupar y transformar grandes extensiones ambientales que eran antes áridas e improductivas. Todas estas especies dominantes, animales y vegetales, de evolución rápida, juntas crearon lo que podríamos llamar una singularidad biológica. Se trataba de un conjunto coherente de especies que transformaron y expandieron colectivamente la geometría y los límites previos de la biosfera.

Debido a los cambios cualitativos y cuantitativos generados por dicha singularidad, aumenta el flujo neto de energía biológica de la biosfera en su conjunto. Las especies que conforman la singularidad transforman la biosfera para crear sus propias oportunidades ecológicas favorables. Aquí parecen fallar las teorías neodarwinistas pues las especies, en lugar de adaptarse al ambiente, lo transforman y lo adaptan según sus propias necesidades. En lugar de provocar batallas encarnizadas por la supervivencia del más apto con motivo de la escasez de recursos naturales (entre los cuales pueden contarse las hembras reproductoras), la singularidad tiende a transformar el ambiente ecológico para generar los nuevos re-

cursos naturales que necesita para seguir evolucionando.

Dentro de la singularidad, las características pecu-
 liares de la organización social asociadas exclusivamen-
 te con las especies que la conforman transmiten a su des-
 cendencia ese mayor flujo de energía biológica adquirido
 colectivamente, amplificándolo de manera no lineal. La -
 especiación rápida de tipo positivo -a diferencia de la
 variación endógama, que presupone un equilibrio estático-,
 con sus formaciones cromosómicas correspondientes, es, -
 por consiguiente, un efecto natural que autoperpetúa la
 capacidad de la singularidad para seguir transformando -
 la biosfera. Por ello, Wilson decidió estudiar también -
 la estructuración social.

En las angiospermas herbáceas ocurre algo similar -
 en forma de grupos que dan flores ó frutos, lo cual, en
 relación simbiótica con los mamíferos, garantiza a la se-
 milla un punto de partida muy fértil y les abre muchas -
 más posibilidades de colonización ecológica que a las --
 plantas que no florecen ni dan fruto. La interrelación
 entre los mamíferos placentarios y las angiospermas her-
 báceas determina una situación en la que la singularidad
 se perpetúa a sí misma. La importancia de la estructu-
 ración social está entonces en que da forma permanente a -
 la manera en que se asimilan los adelantos logrados tan-
 to en el periodo actual como en otros anteriores; insti-
 tucionaliza la transmisión de un flujo energético alta--
 mente diferenciado biológicamente, para garantizar la má-
 xima transformación de la descendencia y su evolución --

acelerada.

Otro caso ilustrativo de la singular función que desempeña la especie dominante y de mayor ritmo evolutivo dentro de una singularidad determinada es el del trigo.

Si se le pregunta a un biólogo que causó la especiación del trigo, probablemente dirá que fueron dos episodios sucesivos de hibridación y poliploidía. La poliploidía es la multiplicación del número de cromosomas en la célula. Ya que en la reproducción sexual los cromosomas de configuración genética similar, de manera que cada gameto posea un cromosoma de cada par, la hibridación -- entre especies con distinto número de pares de cromosomas conduce a la esterilidad de la descendencia. Pero si se duplica mediante la poliploidía el número total de -- cromosomas, lo cual es muy común en el hibridaje agrícola moderno, los cromosomas pueden entonces aparearse, y la descendencia es capaz de reproducirse sexualmente. El trigo es típico de las angiospermas estudiadas en la investigación Wilson Levin, que demostró que los ciclos de hibridación y poliploidía constituyen un porcentaje considerable de las transformaciones topológicas de los cromosomas que conducen a la formación de especies nuevas. Ya que las plantas se pueden reproducir asexualmente (sexualmente), los ciclos de hibridación-poliploidía pueden ocurrir en ellas a lo largo de varias generaciones asexualmente producidas, por lo cual dichos ciclos son -- más frecuentes en la especiación vegetal que en la animal.

Si se le pregunta, empero, a un antropólogo, cuál -

fue la causa de la especiación del trigo, explicará que fué el hombre.

Hans Herbaek, por ejemplo, del Museo Nacional de Copenhague, tiene pruebas contundentes de que el hombre -- creó las condiciones, por el año 6,000 antes de Cristo, para que se completara el primero de los dos episodios -- separados de hibridación y poliploidía. El hombre imitó intencionalmente las condiciones "naturales" que estimulan la especiación acelerada: los grupos reproductivos -- confinados, y las condiciones ecológicas altamente favorables. Este fué uno de los casos más tempranos de domesticación en la historia del hombre: la especiación deliberada (Bourliere 1964).

La causa aparente de la especiación rápida cambió: el hombre había abarcado en la práctica el modo previo -- de evolución biológica. La invariable negatoentrópica, -- sin embargo -- la emergencia de un ritmo aún mayor de especiación y diferenciación de la biosfera--, sigue siendo -- la misma. Un orden casual superior la intervención humana-- actúa como singularidad que rebasa y transforma el -- modo previo, mucho más lento, de evolución puramente biológica.

Los cambios en la organización geométrica de cromosomas específicos (medidos en términos de la variación -- del número de brazos cromosómicos), ocurrieron con una -- frecuencia cinco veces mayor en los mamíferos placentarios que en los demás vertebrados, y los cambios en el -- número de cromosomas se dieron con una frecuencia siete

veces mayor.

De alguna manera, la organización geométrica del material genético (los cromosomas) parecían influir más en el ritmo evolutivo que las mutaciones puntuales que alteran los genes, los cuales a su vez, controlan la producción de proteínas y enzimas, y por consiguiente, el metabolismo del organismo.

Un estudio más limitado que se llevó a cabo con moluscos (invertebrados) puso más de manifiesto la diferencia entre las tasas evolutivas de los animales superiores y los inferiores. Se observó que, en promedio, el número de cromosomas variaba con una frecuencia catorce veces mayor en los mamíferos placentarios que en los moluscos.

La evolución rápida -del tipo que podría explicar la sucesión de peces a anfibios a reptiles a mamíferos, que caracteriza la evolución de los vertebrados- no guarda, por consiguiente, relación con las variaciones aleatorias generadas por mutaciones puntuales de los genes.

Sí tiene que ver, en cambio, con la reorganización geométrica del genoma; tiene que ver con transformaciones topológicas. El grupo de Wilson formuló la hipótesis de que semejantes transformaciones topológicas a nivel genético ocurren entre los mamíferos placentarios como consecuencia de ciertos adelantos en la estructuración social de las especies que se observan en circunstancias ecológicas favorables. Esto sucede especialmente con las especies que mantienen una estructura social y grupos re

productivos pequeños y permanentes (que por lo general consisten de un macho y varias hembras), las cuales tienden a difundirse con facilidad frente a nuevas oportunidades ecológicas.

La rapidez de las variaciones cromosómicas podría deberse entonces al tipo de mutación genética debida a la endogamia que ha producido rasgos recesivos como el mongolismo, el labio leporino y la locura en la familia endógama de los Habsburgo. Según esto, la estructuración social habría estimulado la variación endogámica, y de ahí en adelante la selección natural desempeñó su papel acostumbrado.

2.3 EL CAMPO CROMOSOMICO.¹⁸

De acuerdo con la teoría de la selección natural, - los genes están colocados en los cromosomas sin un orden necesario, por lo tanto los genes se encontrarían localizados al azar y también las mutaciones puntuales y reordenamientos estructurales ocurrirían al azar.

Sin embargo existe evidencia de que por el contrario, los cromosomas están organizados en un "campo", palabra que se usa por analogía con los campos físicos, es decir que tiene una estructura interna geométrica definida donde el valor del campo en cierta posición depende de la organización geométrica de conjunto.

Lima de Faria define el campo cromosomal como el -- sistema dinámico de interacciones moleculares entre las varias regiones del cromosoma en donde todas las partes están interrelacionadas y en equilibrio tal que algún -- cambio en algún segmento del cromosoma podría afectar el todo.

El autor nos da información de la organización estructural del cromosoma eucariótico, señalando los siguientes aspectos.

EVIDENCIA DE LA EXISTENCIA DEL CAMPO CROMOSOMICO.

1.- En cereales: *Agauanthus Umbellatus*, *Zea Mayz*, *Solonum*, *Lycopersicum* y otras especies de plantas, cada cromosoma tiene el mismo modelo centromero general con variaciones menores.

2.- En todos los cromosomas del complemento normal los centromeros serán particularmente mayores en ambos lados del cinetocoro con un decremento general, subsecuente en tamaño, del centromero en cada lado del cinetocoron respecto a los telomeros.

3.- Al parecer dos fenómenos distintos están envueltos en la formación del modelo general del cromosoma: a) la iniciación del tamaño del gradiente en cada lado del cinetocoro, b) la regulación del tipo en cuanto decrece el tamaño del centromero al ocupar su lugar. La iniciación es atribuida a la acción del cinetocoro y el tipo es aparentemente controlado en la primera fase por la formación de protuberancias o, en esta ausencia, por los telomeros, tres fuentes separadas de evidencias revelan que la formación del tamaño del gradiente del centromero es debido primeramente a las propiedades del valor cinetocoro que a las propiedades genéticas de los brazos del cromosoma que estos exhiben.

FORMACION DEL TAMAÑO DEL GRADIENTE EN EL CENTROMERO

1.- La formación del tamaño del gradiente en el centromero es independiente de la constitución genética particular de los brazos del cromosoma que este lleve. Como esto es exhibido por muchos cromosomas del comple-

mento normal de las especies superiores mencionadas. Por esta razón esto no puede ser expresado ó depende para esta formación de la constitución genética particular de los brazos de cada cromosoma.

2.- El tamaño del gradiente del centromero es también un fenómeno que es independiente de la constitución genética particular de alguna de estas especies, serán formadas gradientes similares en los cromosomas del complemento normal de muchas otras plantas.

3.- En todas las especies estudiadas el tamaño del gradiente del centromero se origina en cada lado del cinetocoro y no en otra región.

De interes particular es el hecho de que esto es una correlación entre este tamaño del gradiente del centromero y la replicación del ADN.

La replicación del ADN Ocurre a lo largo del cromosoma de acuerdo al modelo que sigue el tamaño del centromero. En cromosomas del centeno, estos comienzan en los centromeros pequeños y terminan en los mayores.

Otros resultados soportan el concepto de las funciones cromosomales como un todo. El modelo donde la forma de los gradientes es mantenida cuando la masa del cromosoma es reducida o incrementada en uno de los dos. Esto es observado: A) Cuando la longitud de los brazos varían de cromosoma a cromosoma, o dentro del mismo cromosoma, y B) Cuando la longitud de los brazos del mismo cromosoma varía de etapa a etapa, esto es también una variación en tamaño de centromero y forma de tejido a tejido den--

tro del mismo organismo al mismo tiempo que se ha mantenido sobre todos los modelos.

Esta información señala una organización muy rígida dentro del cromosoma eucariótico y una interdependencia de todos los segmentos del cromosoma dentro de un brazo del cromosoma dado.

El fenómeno que produce esta organización será llamado campo cromosomal.

EL TRABAJO DE LIMA DE FARIA.

En su trabajo Lima de Faria describió la distribución de los genes ribosomales en el cromosoma eucariótico en la forma siguiente: los genes que están considerados serán distribuidos al azar, esta localización fué conocida en solo unas cuantas especies, por ejemplo: drosophila, maiz, ratón, neuroespora, hombre y tomate, por esta razón un estudio fue hecho para un gene que podrá ser reconocido en más de 500 especies, tal que una unidad genética es ahora conocida. Este es el gene para 28s y 18s - del RNA ribosomal donde esta bien localizado en la región nucleolar organizada (contracción secundaria) en animales tales como: drosophila, xenopus, acheta, sciara y --homo, y en las especies de plantas zea mays phaseolus coccineus.

Para realizar su trabajo Lima de Faria utilizó los siguientes métodos y materiales: I Colección de información en metafase de mitosis.

1.- Se basó en 17,000 publicaciones en el campo de citogenética.

2.- De estas, 300 fueron seleccionadas. Ellas contienen información en cromosomas dentro del cariotipo que fué fundado; uno de los dos será anexado al nucleolo ó tendrá una contracción secundaria bien definida.

3.- Sólo estudios donde no fueron usados tratamientos que podrían afectar las contracciones del cromosoma fueron considerados. Estos medios que la contracción secundaria presenta en uno o varios cromosomas fueron una

forma constante del cariotipo y como tal tiene una alta probabilidad de representarse la región nucleolar. Particular cuidado fué tomado para no confundir la contracción secundaria bien definida vista en un cromosoma (ó cromosomas) con otras contracciones. Cariotipos en donde alguna confusión semejante podría surgir no fueron usados en el presente estudio.

4.- Sólo esos cariotipos donde los autores tienen - indicada la amplificación de estas figuras ó tienen dibujada una escala en micras fueron también tomados en consideración.

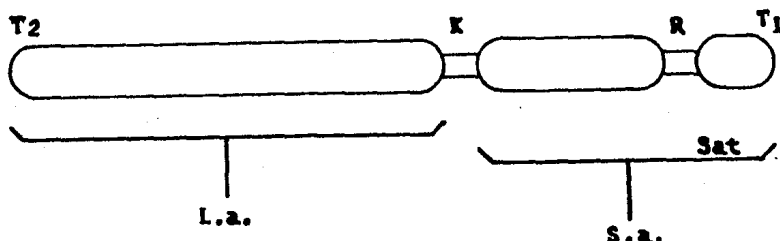
5.- Sólo esos cariotipos donde el cromosoma nucleolar fué dibujado en un plano simple fueron usados para mediciones.

6.- Las mediciones fueron hechas en metafase de mitosis, y por esta razón no necesariamente se aplican a otras etapas. Por ejemplo, pachytene, como contracción diferencial de segmentos de cromosomas que pueden ocurrir entre profase y metafase.

7.- Las mediciones fueron hechas en los dibujos por medio de un mapa de medición.

8.- Tablas con la siguiente información fueron preparadas para cada especie: a) número de cromosomas, b) - longitud en micrones del brazo cromosomal afuera de la contracción secundaria. c) longitud del otro brazo del mismo cromosoma con organización nucleolar ó contracción (incluyendo solo la distancia del cinetócoro a la contracción secundaria).

d) longitud de la parte remanente del brazo posterior -- (satélite) Fig. 11.



e) presencia ó ausencia de organizador en el brazo corto
 f) presencia de unos nucleolos identificados en la contracción secundaria g) número de cromosomas con nucleolo ó con contracciones bien definidas en cada complemento.

También utilizó el método de formar brazos, en donde la localización de los genes ribosomales puede ser mapeada por diferentes caminos lo cual es representativo en la figura anterior que fué usada como uno de los más simples. Por medio de este procedimiento la relación existente entre la localización de los genes ribosomales en los cromosomas de especies diferentes puede ser rápidamente fundada. Además, están demostradas algunas relaciones existentes entre los genes ribosomales (R), el cinetócoro (K) y los telómeros (1 y T2).

Los cinetócoros de todos los cromosomas con un nucleolo ó una contracción secundaria fueron colocados a lo largo de una línea vertical. El brazo con el organizador fué colocado en el diagrama de acuerdo a esta longitud. Este telómero es llamado T1. En el diagrama todos los te

lmeros TI forman un ángulo de 45° con el cinetócoro axis, estos, en la gráfica el brazo con el organizador determinan la posición de ambos brazos.

Al realizar sus estudios encontró los siguientes resultados: la regularidad de distribución de genes ribosomales y otra relación para cinetócoros y telomerós.

Los cromosomas con un nucleolo ó una contracción secundaria distinta fueron identificados en 506 especies en metafase de mitosis, y la longitud de estas 3 partes componentes fué medida, algunas especies tienen más de un cromosoma semejante como resultado en un total de 717 cromosomas existentes aislados, cubriendo 34 familias de monocotiledoneas y dicotiledoneas. El nucleolo fué localizado en la contracción secundaria en cromosomas de especies diferentes desde algas hasta el hombre e incluyendo ginospermas, monocotiledoneas y dicotiledoneas,

La estructura cromosomal en plantas difieren con respecto a la de los animales. En animales las contracciones secundarias serán a menudo vistas sin tratamiento especial, en plantas contracciones secundarias bien definidas serán usualmente bien formadas.

En animales solo cariotipos con el nucleolo que esté en contacto con un segmento de cromosoma dado fueron usados para localizar los genes ribosomales.

Por esta razón muy pocas especies de animales podrán ser usados en este estudio.

El nucleolo fué localizado con (precisión) en mitosis en 105 - cromosomas aparte de los 717 conteniendo distinta ----

contracción secundaria. Además, en las especies restantes la probabilidad que esta contracción conteniendo el nucleolo será enteramente alta porque: no en muchos casos --- otra contracción secundaria fué presentada en cariotipo. Además en todas las especies seleccionadas para este estudio solo los complementos cromosomales en donde el satélite fué bien separado del resto del cromosoma por una contracción larga típica de una región nucleolar organizada, fueron usados.

La especie humana es una buena ilustración de estas relaciones. Originalmente, 5 pares de cromosomas fueron formados para poseer contracciones secundarias con satélites (cromosomas 13, 14, 15, 21 y 22), y más recientemente esto está bien demostrado por medio de hibridación in situ RNA-ADN que las regiones de organización nucleolar contienen cistrones para 28s y 18s RNA ribosomal.

En su estudio se ve que el número máximo de nucleolos y de contracciones secundarias formadas por cariotipo fué 5 (como en el hombre). En plantas las especies en este estudio con 5 distintas contracciones solo fueron - *Pinus silvestris*.

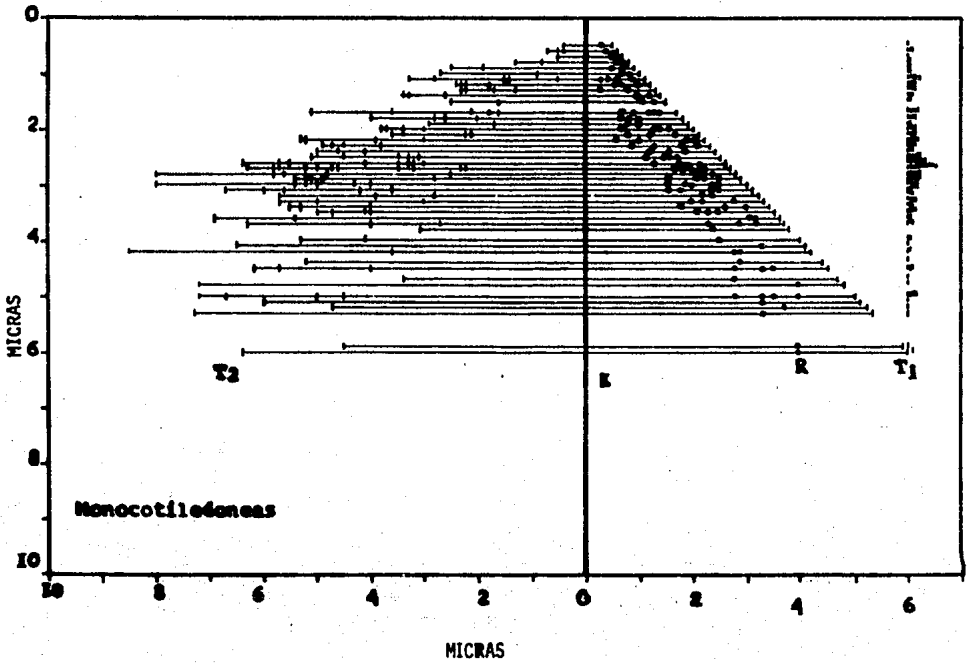
En este caso se vió, que están 5 nucleolos organizados en las 5 contracciones secundarias.

De lo cual se desprenden los siguientes hechos:

- 1.- En 86.6% la contracción secundaria está localizada en el brazo corto. Entonces los genes ribosomales - tienden a aparecer en el brazo donde la distancia centro-mero-telomero es estrecha. Esto favorece la localización

de los citrones ribosomales.

2.- La contracción del satélite no está situada al azar dentro del segmento cinetócoro-telomero (KT_1). Esto ocurre a lo largo de una línea estrecha formando un ángulo característico con el cinetocoro axial. Como se ve en la Fig. 12

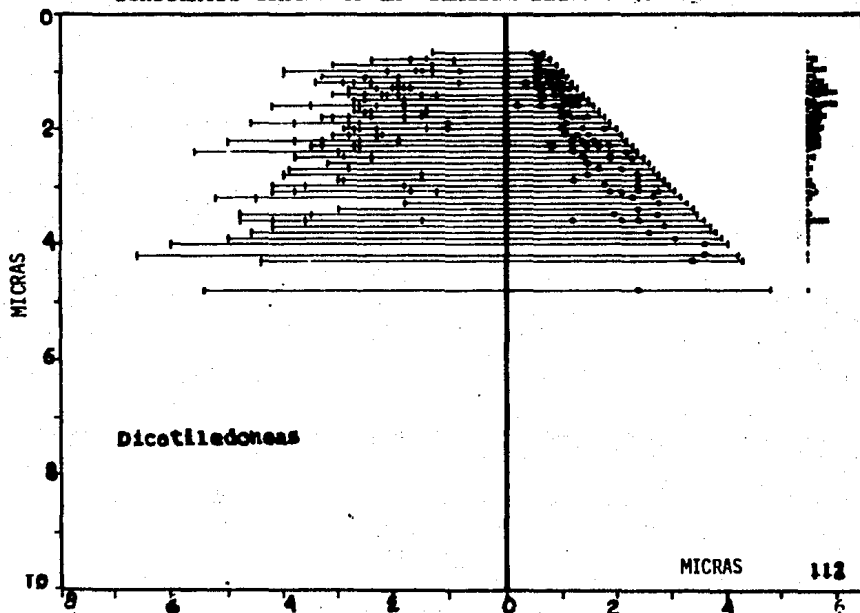


Esto es, como la distancia cinetocoro-telomero incrementa los genes ribosomales serán desplazados a un camino óptimo en donde la relación con el cinetocoro y telomero es mantenida.

3.- El brazo organizador de fuera tiende a incrementarse de una manera que no es al azar, como el brazo satélite también incrementa, el otro brazo del mismo cromosoma incrementa usualmente.

El coeficiente de correlación r de la relación entre la longitud total del cromosoma y el brazo corto es 0.9 estos medios dan al segundo telomero (t_2) y esta también implicado en el fenómeno de una manera consistente.

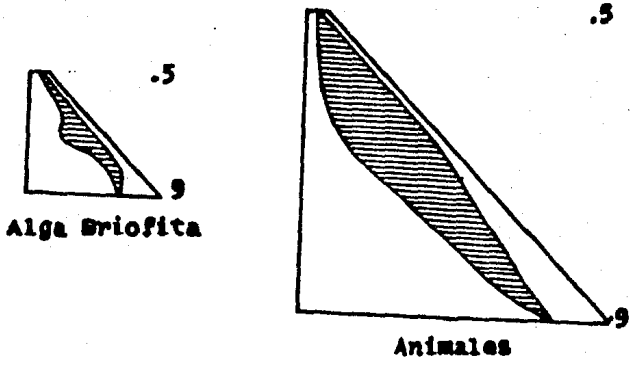
4.- El ángulo formado por la línea de localización de los genes ribosomales y el cinetocoro axial difieren en familias diferentes ó grupos, pero al parecer son --- constantes dentro de una familia dada. Fig. 13



5.- La localización de los citrones ribosomales en relación a el cinetocoro y los telomeros es esencialmente la misma, independientemente de la posición evolutiva del cromosoma eucariótico.

ALGAS Y BRYOPHYTA.

En Algas y Bryophyta se tiene una distribución que no difiere esencialmente de la de los mamíferos superiores. Como se ve en las Figs. 14 y 15



6.- Los genes ribosomales no acuden a cerrar el cinetocoro ni los telomeros pero entre el brazo y el telomero con una tendencia a ser cerrados al final del cromosoma. La distribución es así constante en familias semejantes como la gramínea, esto aparecerá y puede ser expresado por medio de una ecuación de línea recta.

LAS EXCEPCIONES.

En el 13.4% de los cromosomas estudiados los nucleolos no están localizados en el brazo corto.

Estos resultados probablemente signifiquen dos cosas: a) En estas especies los cinetócoros, los telómeros ó la organización nucleolar tienen otras propiedades. b) Los reordenamientos estructurales han ocurrido recientemente y el cromosoma no tiene aún tiempo suficiente para obtener un equilibrio genético.

Esto es conocido, que el número de cistrones para 28s y 18s RNA varían con el tamaño de la contracción del satélite y el tamaño de los nucleolos en especies semejantes como: *Bufo marinus* y *Ambystoma Mexicanus*.

Esto es, la constitución genética y actividades de la región nucleolar organizada varía más dentro de unas especies y éstas indudablemente influyen esta relación

en los telómeros y cinetocoros. El cinetocoro puede variar también apreciablemente en tamaño entre los cromosomas de las especies.

La variación en constitución genética y actividad de estas regiones está limitada, será un factor contribuye en establecer nuevas relaciones entre ambas.

Distribución de genes y relaciones filogenéticas. - La distribución de los genes ribosomales en metafase de mitosis y esta relación en la longitud del brazo donde no contienen los nucleolos es consistente en la compositae y la gramínea.

Esto, sin embargo, no es así en la Ranunculaceae --

donde los genes ribosomales tienen una distribución muy regular a través del brazo que no contiene los nucleolos. Se presentan dos grupos de valores.

Esto es un grupo de especies donde el segmento Kt_2 está formado por brazos largos y otro grupo donde Kt_2 incrementa con un aumento en el valor de Kt_1 . Esta es una indicación de heterogeneidad dentro de la familia Ranunculaceae.

Distribución de los genes ribosomales dentro del --brazo formado.

La información en la localización de los nucleolos en animales está evaluada para unas cuantas especies.

En el diagrama para animales incluyen 19 especies - con 34 cromosomas nucleolares representados. En este caso todos los 34 cromosomas, están bien establecidos para formar unos nucleolos distintos.

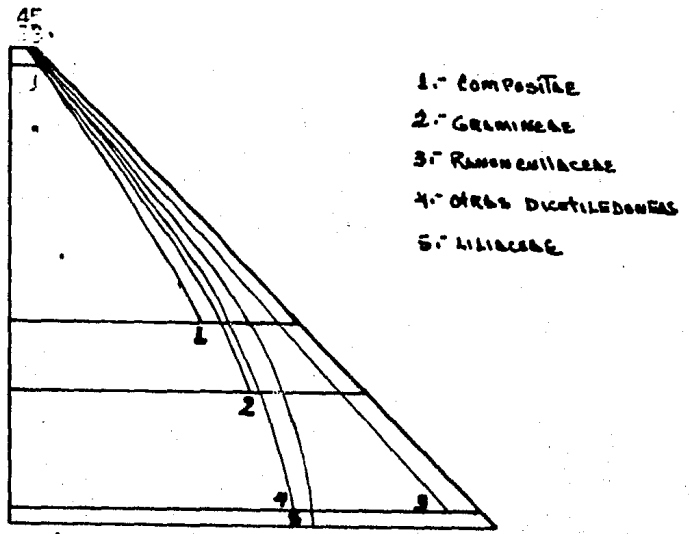
Las especies extendidas incluyeron de la tubellaria (o sea gusanos) a Homo sapiens. El hombre es un caso interesante porque como en algunas especies de plantas, en el hombre el número superior conocido de cromosomas nucleolares por genoma es cinco pares.

Los cromosomas nucleolares en el hombre conforman - muy bien a la regla general. En los cinco cromosomas los genes ribosomales, cuando están bien localizados por hibridación in situ DNA-RNA serán localizados en los brazos cortos de los cinco pares.

La distribución de los genes ribosomales dentro del brazo formado puede ser dividido también en cuatro regiou

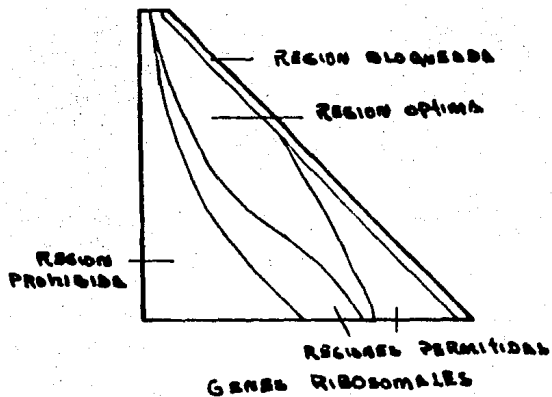
nes principales.

Las líneas donde representan las zonas de máxima -- frecuencia de genes ribosomales están bien marcadas en -- la Fig. 16



DISTRIBUCION DE GENES RIBOSOMALES

Todas convienen en formar una muy específica región óptima estrecha con aproximadamente 80% de estos genes - Fig. 17



En ambos lados de esta región, estas serán regiones permitidas donde los genes pueden aparecer aunque con menor frecuencia.

Una región bloqueada se halla cerca del telomero. En las 506 especies estudiadas en metafase de mitosis. Una región prohibida existe - cerca del cinetócoro, ni en la metafase de la mitosis, ni en el paciente existen indicaciones de genes ribosomales ubicados en esta área, tan to en especies silvestres como en los cultivados; existen pocas excepciones a esta regla. La probabilidad de que genes ribosomales aparezcan - dentro de la región prohibida es aproximadamente de 0.2%.

La distribución de los genes para 28s y 18s del RNA ribosomal es un fenómeno regular semejante en el cromosoma eucariótico y puede ser - predicho con un 5 ó 10% en estas familias de plantas donde este es un dato suficiente en esta ocurrencia.

Para un fenómeno biológico este es un grado muy alto de precisión. En un experimento químico un error de aproximadamente la misma magnitud es envuelto usualmente.

El hecho de que la localización de un gen bioquímicamente bien de finido pueda ser predeterminado dentro de límites razonables será: - a) independientemente de la posición filogenética de las especies e independientemente de la longitud de los cromosomas obligan a revisar sus conceptos de organización cromosomal. La primera cuestión que aparece es que implica esto en términos genéticos.

Los presentes estudios refuerzan y expanden el con-

cepto de campo cromosómico mediante las siguientes razones: 1.- Una interpretación mecanicista no está de acuerdo con los resultados y un estudio semejante podrá también ser estéril, esto no podrá guiar a la planeación de experimentos en el nivel molecular ya que surgirá más información en el mecanismo envuelto.

2.- La selección natural, por sí sola, no explica los presentes resultados, la selección podrá ser tomada también en consideración cuando proceda con la disposición de cromosomas en donde nuevos reordenamientos, ó mutaciones están así perturbando drásticamente el campo cromosomal ya que el cromosoma no puede funcionar como una unidad. Además, la selección natural sola no puede ser invocada para explicar el mecanismo molecular envuelto en la construcción del cromosoma y en el mantenimiento de esta función como una unidad.

El mecanismo básico de evolución cromosomal reside en las propiedades físicas y configuraciones estéricas de estas moléculas constituyentes. Esto es interacción molecular que, del principio de evolución cromosomal, estableció el campo cromosomal y ésta es la misma interacción molecular que mantiene éste.

La selección natural tiene un papel secundario, en la evolución cromosomal.

3.- El campo cromosomal viene establecido en el curso de evolución cuando el cambio del lugar de pro a eucariotes.

El cromosoma más largo que este no podrá ser mante-

nido como una unidad funcional coherente dentro de sistemas de comunicación intracromosomal que determinen esta longitud máxima efectiva y la localización efectiva de es tos genes componentes.

4.- Todos los cromosomas eucarióticos tienen la misma organización básica de campo. Como la distribución de genes ribosomales es esencialmente la misma en algas y -- hombres.

5.- El campo cromosomal es definido como el sistema dinámico de interacciones moleculares entre las varias re giones del cromosoma en donde todas las partes están inter relacionadas y en equilibrio así que un cambio en algún - segmento del cromosoma puede afectar el todo.

6.- Dentro del campo cromosomal existe una jerarquía de centros de actividad. El cinetócoro es el primer organizador del modelo genético. Los telómeros son los organizadores secundarios, otros segmentos de ADN semejantes como los organizadores nucleolares y regiones heterocromáticas específicas tienen significancia disminuida.

En el establecimiento de las interrelaciones genéticas dentro del cromosoma. Los organizadores interactúan -- con algún otro por medio de mensajes moleculares probablemente, esto no envuelve moléculas largas, semejantes como polidispersus ó RNA mensajero, pero el intercambio de pe queñas moléculas semejantes como nucleótidos del tipo AMP cíclico.

7.- Cuando la masa de un cromosoma es reducida ó in crementada, esto no afecta el modelo del campo como un to

do.

8.- Como un corolario, el fenotipo de un centromero y las propiedades de un gene serán dependientes en la posición del centromero y el gene dentro del cromosoma.

9.- Perturbaciones semejantes como reordenamientos ó mutaciones, el modelo original es cortado. Si las perturbaciones son suficientemente drásticas ó cortadas las interrelaciones principales, establecidas entre los segmentos del cromosoma todo el cromosoma no puede sobrevivir.

10.- Una propiedad significativa de un cromosoma es que este no crece pero incrementa esta masa tridimensionalmente como un organismo durante su desarrollo.

11.- Los cromosomas no son producidos de novo, pero aparecen solo de cromosomas preexistentes. Esto proporciona serias limitaciones en esta evolución. Ellos solo pueden cambiar pero siguiendo las reglas de interdependencia que fueron establecidas en el inicio de formación del cromosoma.

2.4 ESTRUCTURA DE CROMOSMAS EUCARIOTICOS¹⁹

En 1977, Sedat y Manuelidis lograron preservar la estructura tridimensional y el ordenamiento interno de un -nucleo en interfase.

Estos científicos de la Universidad de Yale encontraron abundantes indicios de un alto grado de ordenamiento, en lugar de la termodinámica aleatoria que se daba antes por sentada. Esto se observó principalmente mediante el -microscopio electrónico de barrido (SEM) y el microscopio de polarización. Todas las demás técnicas microscópicas -que se utilizaron, como el microscopio de contraste de fase, el microscopio fluorescente, microscopio electrónico de transmisión (TEM) y el microscopio electrónico estereo de alto voltaje (HVEM), aportaron más pruebas que confirman la naturaleza altamente ordenada del núcleo interfásico.

Las micrografías polarizadas del núcleo en interfase de Sedat y Manuelidis, revelaron un espacio mucho más complejo y diferenciado que el espacio cristalino de tipo --simple ordenado, fijo y homogéneo de los cristales ópticamente activos descritos por Pasteur, esta estructura de -ordenamiento superior se manifestó al hacer girar el nu--cleo bajo la luz polarizada (ópticamente coherente). La -intensidad del brillo de unas estructuras aumentaba con -la rotación mientras que la de otras disminuía hasta ex--tinguirse.

Este y otros trabajos indican que la estructura cromosómica (1) se mantiene íntegra durante la interfase, y

(2) es más que un simple epifenómeno del material codificador empacado, es continuo altamente definido y diferenciado, capaz de dar orden a las transiciones geométricas que coordinan los diferentes aspectos de la actividad celular.

Estas transiciones ordenadas preservan la continuidad de las relaciones entre diferentes porciones de ese continuo diferenciado.

Encontraron que para estudiar este multicuerpo de tres dimensiones, el núcleo interfásico, tenían que encontrar la manera de preservar la morfología original del núcleo, el tiempo necesario para someterlo a observación.

Después de ensayar diferentes sistemas de estabilización de tipo ácido, idearon un método especial basado en altas concentraciones de potasio (0.1 M) y bajas concentraciones de sodio (0.01 M). Encontraron que cualquier cosa que alterara esta elevada relación de iones de potasio y sodio (K^+/Na^+) podría alterar significativamente y anormalmente la morfología de las bandas esto es, la diferenciación interna de los cromosomas.

Poco se sabe en la actualidad sobre el ambiente iónico in vivo de los cromosomas activos en interfase. No obstante, un grupo de investigadores norteamericanos encontró indicios de que el estado iónico de agua limitada de una célula normal sana conserva una alta relación potasio--sodio (K^+/Na^+). Este estado citoplásmico altamente ordenado de agua limitada, se detecta por medio de FONAR*, está asociado con el flujo ener

* Iniciales en inglés de Resonancia Magnética Nuclear Bifocada.

gético. En la entropía creciente causado por la desnutrición, la mala circulación, el cancer, etc. Los tejidos se hinchan (edema), la ultra estructura celular se desordena visiblemente, y va perdiendo progresivamente su diferenciación.

UN ACERCAMIENTO DIRECTO A LA ESTRUCTURA DE LOS CROMOSOMAS EUCARIOTICOS.

Consideran que los altos ordenes de organización de genomas eucarióticos en ambas estructuras con respecto a las secuencias específicas del ADN, no son muy claras.

Uno de los problemas más intrigantes es conocer la organización del cromosoma en la interfase nuclear, durante esta tiene lugar la replicación del ADN, en adición, la transcripción específica es dirigida para desarrollarse por modelos controlados.

Es probable que en la interfase la estructura nuclear y la fusión son coordinadas de una manera cuidadosa y orquestada, y la interfase nuclear debe ser capaz de cambios dinámicos. Consideran que dos extremos en el modelo del sistema de interfase pueden ser considerados para su estudio.

Uno de estos sistemas politene en drosophila donde fué desarrolla do un grupo primitivo de células serán dejadas a un lado y no se dividen en más tiempo, pero el lugar continúa para replicar este ADN en una forma geométrica recta primero muy aumentada. Ya que la interfase nuclear esta caracterizada por bandas gigantes de cromosomas.

Por otro lado la interfase nuclear diploide repre-

senta la situación más crítica. Donde células de humano - y drosophila pueden ser usadas en extremos yuxtapuestos - de evolución y con lo cual señalar reglas comunes de organización.

Indican que el advenimiento del microscopio electrónico ha sido de gran valor para comprender muchos organelos celulares y sus funciones, ya que por medio de éste, se puede conocer la organización intacta de los nucleos y cromosomas y delimitar su valor, ya que también se puede conocer la forma estructural de la cromatina. Pero indican que uno de los obstáculos en la percepción de cromosomas eucarióticos en interfase es que son estructuras altamente tridimensionales.

Un estudio para conocer la organización de los cromosomas en los núcleos, complementario para ambos ADN, es usando técnicas de recombinación de ADN. Y estudios estructurales previos en material nuclear simplificado semejante como cromatina, es el examen directo de cromosomas eucarióticos.

Para preservar el orden inherente in vivo de los nucleos es necesario primero aislarlos, ya que los nucleos intactos morfológicamente pueden ser usados en varios experimentos.

Por ello concentran su estudio en la revaluación de métodos críticos para el aislamiento y preservación de nucleos eucarióticos y cromosomas.

Así como también a mantener su estructura nativa como sea posible, donde utilizan numerosas variaciones en -

las condiciones de preparación.

Presentan resultados indicando el orden básico y naturaleza de componentes cromosomales, confirmados en varias condiciones.

Para ello utilizan varios métodos como: microscopía electrónica, incluyendo polarización, fase, fluorescencia, microscopía electrónica de transmisión (TEM), microscopía electrónica de barrido (SEM) y microscopía electrónica estereo de alto voltaje (HVEM).

Por medio de estos métodos refuerzan la existencia de fibras básicas de varias dimensiones así como el reordenamiento en la interfase y metafase cromosomal. Indican también que las capacidades y limitaciones de estos métodos de microscopía son diferentes, así los resultados derivados vendrán a ser un complemento para la construcción de modelos tentativos con las dimensiones básicas y el orden observado.

Para llevar a cabo sus estudios emplean los siguientes materiales y métodos.

PREPARACION DE NUCLEOS Y CROMOSOMAS.

Los núcleos de *Drosophila* polytene fueron obtenidos por discepción manual de *Drosophila melanogaster* en glándulas salivales; los núcleos diploides fueron obtenidos de *Drosophila melanogaster* Kc, - cultivos de células como fibroblastos normal humano y así como de tumor neurotodormal.

En algunos casos se añadió colchicina con una concentración -

de 4×10^{-7} M. por 2 ó 3 hrs. y las células mitóticas fueron removidas de la superficie del vaso por agitación suave.

Las glándulas salivales ó cultivo de tejido de células fueron enjuagadas 3 veces con solución amortiguadora A fría, modificada, - conteniendo de 80-100 mM de espermidina, 0.15 mM de espermina, 15 mM de Beta-Mercaptoetanol, y 15 mM de tris-acetato (pH 7.4). Las células fueron colocadas suavemente en la centrifuga clínica y también suspendidas en solución amortiguadora A con un exceso de digitonina) .1%; en algunos casos fué necesario añadir 0.5% Brij ^{*} 58 para facilitar el rompimiento de algunas células humanas.

Las células fueron separadas por agitación en vortices usando intervalos de 30 segundos por 4 minutos, y monitoreadas por microscopía de contraste de fases.

La suspensión de núcleos fué centrifugada suavemente y una pequeña cantidad suspendida en un volumen pequeño de solución amortiguadora A adicionando 0.5% de Brij 58. La suspensión fué mezclada suavemente con un mezclador Vortices y también centrifugada para separar el núcleo en partes.

Los núcleos fueron suspendidos en solución amortiguadora A - centrifugados de nuevo, y almacenados en solución amortiguadora A a 4°C. Después a fin de remover la envoltura nuclear mientras se preserva la morfología cromosómica se añadió a un volumen de la solución con los núcleos un volumen de urea 8.3 M en solución amortiguadora A, ó un volumen de urea 4 M en solución amortiguadora A.

* el Brij 58 es un agente tensoactivo.

Ya separados los núcleos de la envoltura nuclear utilizaron las - distintas técnicas de microscopía para su observación.

De sus estudios realizados obtuvieron los siguientes resultados: PRESERVACION DEL NUCLEO, indican que por medio del uso de un material fijado, usualmente por tratamiento con solución ácido acético-metanol, se disuelve aproximadamente el 50% de las histonas cromosomales y esto fué útil para sus experimentos directos. Pero condiciones más modera das para el aislamiento y preservación de la estructura nuclear pueden ser halladas. Ya que, estudios anteriores, indicaban que muchos de los amortiguadores usados para el aislamiento de la cromatina, permiten el aislamiento de núcleos politene, pero las estructuras en banda en núcleos intactos se deterioran rápidamente a temperatura ambiente como se observa por microscopía de fasés.

Todo indica que por medio de condiciones alternativas de amortiguadores se puede preservar la morfología de los núcleos politene y - cromosomas.

Después de estudiar un gran número de sistemas amortiguadores - vieron que un amortiguador preserva muy marcadamente la morfología de las bandas. Este sistema de amortiguador (solución amortiguadora A) esta caracterizado por una concentración alta en potasio baja en sodio (0.1 M), EDTA y EGTA, mercapto-etanol, y bajas concentraciones de espermina y espermirina. Los núcleos politene y la morfología nuclear diploide son muy estables en este amortiguador, ya que las preparaciones se pueden dejar de 2 a 3 días a temperatura ambiente sin alteración.

Para la separación de la envoltura nuclear, los núcleos fueron -

aislados con el uso de solución amortiguadora A, enjuagados con una solución de un detergente neutro, Brij 58 al 0.25% (en algunos casos 0.50%), para remover la unidad bicapa de la membrana nuclear, y también suspendida en el amortiguador original.

Bajas concentraciones de urea disueltas en el mismo amortiguador para obtener concentraciones finales de 0.5 a 4 M separan la estructura nuclear y que pueden ser vistas por el método de microscopía electrónica de barrido (SEM) los núcleos libres de la estructura nuclear y los cromosomas serán estables y no se deterioran a temperatura ambiente por varios días.

Concluyen de lo anterior. Ciertos aspectos de cromosomas en meta fase tienen formas en común con núcleos en interfase. Estos parámetros son conservados en preparación derivadas de muchas fuentes eucarióticas diferentes. Por ejemplo, la anchura de cromosomas en meta fase serán estrechamente similares a través de un vasto espectro de células eucarióticas. Las condiciones del amortiguador descritas para núcleos, también se presentan para preservar cromosomas en metafase.

La microscopía de polarización revela juegos de líneas de 2000 Å enrolladas a través de cada cromátide hermana generalmente perpendicular a la longitud axial del cromosoma.

Cada cromátide hermana midió ~ 6000 Å en anchura en campos donde núcleos en interfase fueron incluidos, las líneas de 2000 Å en los cromosomas de metafase fueron indistinguibles de esas observadas en el núcleo en interfase. Frecuentemente, cromátides hermanas de varios

brazos cromosomales fueron vistas adaptadas a otro.

Cortes de núcleos incluidos en Epon con un grosor de 0.3 - 1.0 μ m y teñidos con acetato de uranilo en HVEM revelaron:

Estructuras largas y densas, mediante un análisis tridimensional se nota que estas estructuras son similares a tubos. Los tubos miden - de 1500 a 2000 Å de diámetro y son uniformes en su anchura. Además se encuentran estructuras esféricas (elipsoides o esferas); las esferas - muy densas y los tubos menos densos pueden ser el resultado de diversos grados de compactación. Algunas observaciones adicionales sugieren que los tubos de 2000 Å giran o se enrollan en unidades mayores de 6000 Å de diámetro; todas estas estructuras son altamente ordenadas.

Resultaron en un cambio de la dirección de las líneas en relación a la longitud axial del cromosoma y un cambio en contraste, respectivamente, esto puede ser interpretado indicando microdominios complejos - de orden.

La birrefringencia de los cromosomas en metafase pareciera más complicada que la de los núcleos en interfase y se requiere de más trabajo para comprender completamente estos resultados. Estructuras de arreglo y dimensión similar fueron también observadas tanto en fresco como en cromosomas fijados en metafase usando microscopía DIC. Esto sugiere que las líneas de polarización no son un artificio óptico, puesto que fueron también confirmadas por otras técnicas de microscopía.

Tanto HVEM como EM convencionales revelan arreglos densos de cromatina altamente ordenados en cromosomas en metafase. Con la ayuda de HVEM en estereo, se observaron las fibras finas de 100 Å como están empaquetadas estrechamente resulta difícil para trazar sin ambigüedad la di

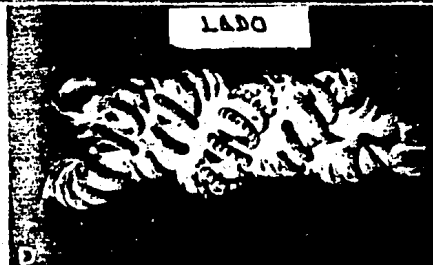
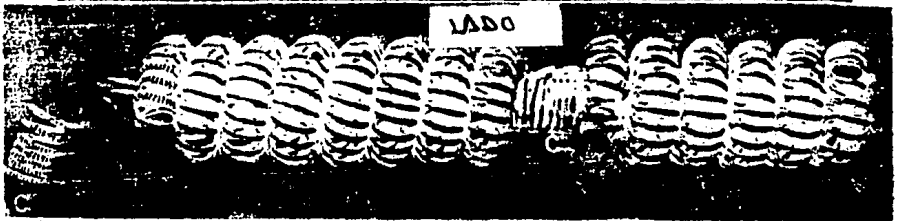
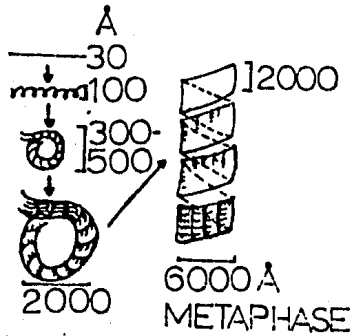
rección de las fibras. Sin embargo todo indica que las puntas de cada cromátide hermana terminan en un tubo muy denso de $\sim 2000 \text{ \AA}$ de diámetro, con un arreglo helicoidal o un enrollado perpendicular al eje cromosómico mayor.

Sin embargo se vieron "agujeros" en el centro de la cromátide que fueron difíciles de seguir. La posible explicación sería la existencia de proteínas en el núcleo del material electrodenso, más no es una respuesta definitiva.

EM de barrido revela también que los cromosomas en metafase son extremadamente densos, definidos con puntas relativamente lisas. Por medio de una resolución alta de microscopía de emisión de campo, se vieron arreglos ordenados de fibras de 100 \AA en la superficie, observaciones preliminares de cromosomas destruidas son observadas en pares estereo.

Fueron compatibles con un arreglo parecido a un enrollado de fibras de 2000 \AA dentro de cada cromátide hermana. Además, el arreglo del centromero fué también ordenado en 2 regiones hermanas cada una de aproximadamente 2000 \AA de anchura. (Fig. *

* Hoja con fotografías



Modelos a escala para cromosomas interfase y metafase

- A) Esquema diagramático, de una fibra de ADN enrollado de 30 Å.
- B) Modelo a escala para cromosomas en metafase.
- C) Un modelo a escala diferente para un cromosoma en metafase humano.
- D) Modelos que presentan dos tubos de ADN enrollados.

De acuerdo a lo anterior proponen los siguientes modelos.

Visualmente todos los diferentes datos de microscopía de luz y electrónica indicaron un arreglo altamente ordenado de fibras en cromatina intacta con dimensiones definidas. Les pareció razonable usar los principios helicoidales para construir modelos, especialmente a la vista de otros datos sugestivos del enrollado natural de cromatina. En primer término, experimentos muy antiguos pero elegantes, usando técnicas de microscopía de luz, demostraron por lo menos uno y probablemente dos grados de enrollado para cromosomas en metafase en la progresión de meiosis en la Tradescantia y otros sistemas.

Segundo, esto fué reforzado por los experimentos de Inoué y Sato, quienes demostraron, como mínimo, dos grados de enrollamiento en el esperma de insecto birrefringente.

Tercero, micrografías publicadas de DIC de cromosomas humanos son altamente sugestivos de estructuras enrolladas.

Cuarto, en cromosomas mitóticos, estructuras helicoidales de cromosomas mitóticos fueron observados cuando tuvieron pequeñas modificaciones de los procedimientos usuales de aislamiento cromosomal.

Es interesante que en muchas de estas observaciones varias dimensiones serán constantes, y estas dimensiones son muy similares ó idénticas a las dimensiones descritas en el presente estudio.

Esto es reforzado por las dimensiones obtenidas para cromosomas precondensados (PCC) resultando de células en las fases G 1, S y G 2 que son unidas con células en mitosis.

Los siguientes modelos representan las dimensiones óptimas observadas en conjunción con un doblamiento helicoidal de DNA, en cromosomas.

Uno puede construir este modelo con las dimensiones observadas disminuidas. De una periodicidad de 30 \AA en -- una fibra de 100 \AA donde es tomada para representar el en rrollamiento de DNA en nucleosomas para formar la primera fibra de cromatina uniforme. 100 \AA . En nucleos interfase esta fibra es también enrollada en una forma helicoidal para formar un tubo de diámetro de $\sim 500 \text{ \AA}$. El enrollado es preciso, así que las periodicidades previas son registradas, y en un modelo semejante, esto ya puede ser demostra do, que la interpretación de la dirección de las líneas - es compleja.

Los dos primeros ordenes de enrollado son derivados de sus resultados observados independientemente.

Continuando la estructura de 500 \AA enrolla para for mar los tubos de $\sim 2,000 \text{ \AA}$ vistos en núcleos en interfase por todas las variadas técnicas de microscopía electrónica y de luz. Este modelo podrá también presentar diferentes grados de extensión y contracción del en rrollado, dócil, más abierto o menos condensado en diferentes estados fi-- siológicos ó funcionales. Finalmente, un grado más de en rrollado de los tubos $\sim 2,000 \text{ \AA}$ para producir una cromáti de hermana $\sim 6,000 \text{ \AA}$ de diámetro podrá ser consistente con

las líneas perpendiculares observadas en la longitud axial de cada cromátide hermana por polarización y estudios ópticos de luz y por otros datos EM.

Este tipo de modelo podrá ayudar a explicar las roturas discretas actualmente observadas en instancias de intercambios múltiples de cromátides hermanas inducidos.

El modelo fúe construido, así que la región del centrómero cercará de este enrollado final.

Y, así el centrómero, podrá tener 2000 Å en diámetro. El modelo presentado por el centrómero así concebido a continuación de la fibra unida de ADN.

El modelo para el cromosoma mitótico predice un centro hueco por el inrollado último en el orden de 2000 Å como estaba previamente, esto no fué observado rápidamente, posiblemente debido a la rareza relativa de ciertas secciones cortadas ó posiblemente porque otro material denso obscureció el agujero central.

En conclusión este trabajo prueba que el núcleo en interfase contiene componentes altamente ordenados y microdominios de birrefringencia donde los cromosomas constituyen una matriz tridimensional donde pudieron existir arreglos cromosómicos específicos.

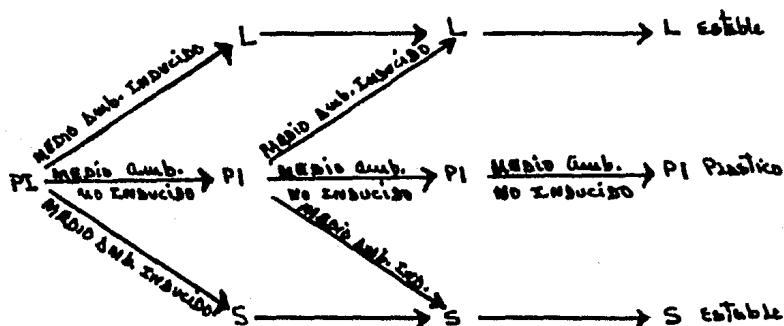
2.5 EXPERIMENTOS DE DURRANT SOBRE EL LINO²⁰

"El medio ambiente induce cambios hereditarios ", pue de ocurrir en respuesta a la aplicación de las combinaciones de nitrógeno, potasio, fósforo y calcio, el objetivo fué obtener información de estas propiedades homeostáticas, la interacción medio ambiente gen y dominancia, etc. para un número de caracteres en los diferentes medios ambientales.

Fueron sembradas semillas en cajas en un invernadero donde recibieron soluciones ricas de fertilizantes comerciales y las plantas jóvenes fueron transplantadas (después de cinco semanas) también fueron sembradas porciones de terreno que recibieron los mismos fertilizantes que las plantas de las cajas. Cada semilla será señalada individualmente de la planta madura, la selección podrá no ocurrir y la contaminación de la semilla fué prevenida. Los fertilizantes usados fueron: sulfato de amonio (N) y cal para calcio como energía recibida sola o en varias combinaciones. Fueron colectadas individualmente las semillas de las plantas de Lino que habían recibido el tratamiento experimental con fertilizantes y estas semillas fueron también probadas para determinar si las plantas tratadas habían sufrido cambios que podrían ser detectados en las generaciones siguientes.

Durrant cosechó este cultivo de semillas en varias condiciones: por ejemplo, semillas de plantas tratadas con (N) fueron cultivadas en N, K, ó P, y así las plantas resultantes analizadas.

Durrant fundamentó que los pesos de toda la segunda generación de plantas, que fueron de la primera generación de plantas tratadas con fertilizante NPK, fueron mayores que algunas de las otras plantas tratadas, el segundo régimen de plantas maduras se puede ver en la siguiente Fig. 18



Además, si las semillas de plantas de una segunda generación fueron cultivadas en una variedad de condiciones, la tercera generación, que fueron las descendientes de la primera generación de plantas del NPK, (que corresponden a las plantas abuelas) fueron aún las mayores, sin hacer caso de ----- cual fertilizante se usó en la segunda generación (plantas parientes).

En la otra dirección, los descendientes de la tercera generación de las plantas tratadas originalmente con -NK, fueron las menores de todas las descendientes y también no fueron afectadas significativamente por el tratamiento.

Esto es, el tratamiento inicial de plantas no inducidas por el calor, luz y contenido del fertilizante especí

fico NPK, resultó en el cambio hereditario de incremento de tamaño para estas plantas mayores con 17 generaciones de el tratamiento original, a el presente. Esto sin hacer caso de qué tratamiento fué dado a las generaciones de -- plantas que intervinieron, cuando compararon las plantas que no fueron descendientes de "plantas inducidas" las -- líneas de plantas NPK inducidas fueron aproximadamente -- dos veces del tamaño de las plantas control.

Similarmente, las plantas NK inducidas produjeron -- plantas pequeñas por este periodo, comparado con plantas no inducidas, sin hacer caso bajo qué condiciones fueron cultivadas las generaciones que intervinieron.

Las plantas de la línea NK fueron aproximadamente la mitad del tamaño de las plantas control.

Diferenciadas en pesos de plantas entre el NPK y las plantas NK fueron aproximadamente el cuádruplo, pero ocasionalmente fueron mayores, 8 veces, y las más pequeñas -- el doble entre una generación dada.

Esta variación de generación a generación es debido a factores de sequedad semejantes, calor, condiciones del suelo y así de lo demás.

Teniendo los tipos de NPK o NK las plantas serán muy uniformes, de hecho la variación en las plantas del grupo NPK y las plantas del grupo NK es estáticamente insignifi-cante comparado con las diferencias entre los grupos.

Con los otros regímenes de fertilizantes iniciales, resultaron plantas de tamaño intermedio. Un descubrimiento posterior usando el fertilizante P en suelos acidificados

induce una línea de plantas con las mismas características pequeñas como las del NK, y esta línea será usada subsecuentemente en lugar de la línea NK. Más experimentos señalan que las líneas intermedias demostradas no inducen características y será similar a las cantidades originales en que ellas responden al tratamiento producido por el NPK y NK induciendo grandes y pequeñas líneas hereditarias. Porque tienen mantenida esta habilidad a responder a las condiciones inducidas, serán clasificadas como tipos plásticos (PL), y las otras serán clasificadas como grandes (L) y pequeñas (S), esto es plasticidad en los tipos intermedios y estabilidad para los extremos.

Estos resultados indican que un cambio experimental del medio ambiente controlado en cuanto a su magnitud induce una cualidad hereditaria. Transformación genética que da origen a dos tipos diferentes de genotipos con fenotipos diferentes concomitantemente. Para examinar la cantidad distintiva de estos genotipos desarrollados, cargas recíprocas fueron rechazadas, plantas NK fueron cargadas con NPK --- (NK x NPK; NPK x NK) como también NPK x NPK y NK x NK, y la semilla es cultivada con un fertilizante común.

Esto se funda en que las cargas entre los dos tipos extremos generan plantas del valor original.

Las cargas recíprocas de NPK y NK fueron idénticas en peso, indicando que los factores responsables para las diferencias NPK y NK serán transmitidas igual por ambas células sexuales masculina y femenina.

Un argumento contra la herencia maternal, es la exis

tencia responsable por los efectos inducidos. También, --
los mayores y pequeños aparecen o se conducen como dos ti
pos genéticos distintos, porque de estos términos mayores
de estabilidad demostrada, uniformidad y cargas recíprocas.

LA CUESTION DE SELECCION

La primera cuestión es definir si efectivamente o no estos tipos genéticos representan el resultado de un proceso de selección, los experimentos originales señalan a la insensibilidad de selección como el agente responsable para la aparición de estos dos tipos, y subsecuentemente en los cambios de DNA en las plantas inducidas, antes de critas, estas consideraciones también son refutables.

1.- Cualquiera de las plantas del tipo (L) o (S) presentan un alto grado de uniformidad fenotípica dentro de cada grupo; y dentro de cada tipo los grupos no varían en algún grado significativamente.

2.- La inducción experimental de los tipos (L) y (S) es altamente respetable en experimentos separados; los experimentos originales fueron repetidos sobre un periodo de varios años con los mismos resultados que los experi-mentos iniciales.

3.- Cambios en el contenido de ADN. sugieren que me-dios ambientales específicos causan alteraciones metabólicas reproducibles que serán específicas a los resultados que se pueden heredar notados los cambios.

4.- Semillas individuales fueron sometidas a condiciones del medio ambiente altamente definidas, que produjeron alteraciones de la constitución hereditaria de las plantas, resultantes en una costumbre altamente específica y predecida. Para la selección ocurrida, el medio am-biente puede elegir las semillas, las cuales están predispuestas genéticamente o dejarlas, probablemente, que crez

can en un medio ambiente particular, al mismo tiempo, otras semillas mutantes no favorables genéticamente no tienen respuesta al medio ambiente experimental. El hecho es que un grupo homogéneo de semillas (PL) podrá responder con igual facilidad a los dos específicos, induciendo el medio ambiente simétricamente o produciendo distintivamente diferentes líneas de plantas las cuales se continúan o se reproducen en una costumbre homogénea. Estas reglas inequívocamente fuera de selección para el proceso por el cual ocurren la generación de estos distintos tipos de plantas.

HERENCIA MATERNA. FUERA DE REGLA.

La cuestión de herencia materna (que corresponde a los efectos de las condiciones del medio ambiente en las plantas originales afectando la descendencia a través de una alteración pasajera de la semilla); fué destinada en tres caminos: 1.- Los tipos inducidos por -- crecimiento en condiciones NPK en NK, y viceversa no se produjeron -- sucesivamente.

Estos indican que las condiciones inducidas originalmente afectan los cambios genéticos permanentes, fueron los efectos debidos a herencia materna contrario a condiciones de crecimiento las cuales resultan en una inversión de tipos producidos.

2.- El término mayor de estabilidad de los tipos por lo cual varias generaciones de crecimiento en condiciones no inducidas no resultan, en una reversión al tipo original, reglas fuera de herencia materna como el factor responsable para la producción de fenotipos alterados. Esta herencia materna será el agente responsable, estas condiciones de crecimiento neutral sobre el periodo mayor podrán tener diluidos afuera estos efectos y una reversión subsecuente podrá también ocurrir.

3.- Experimentos de injertos: injertando vástagos NPK en troncos de NPK y NK y vástagos NP en troncos NP y NPK, resultan en cada grupo de componentes, modelos remanentes consistentes con este genotipo inducido. Esto es, el tronco no tendrá efectos en el vástago de cada una de las plantas de los cuatro tipos de injertos y sembradas en condiciones y compuestos fertilizantes comunes. En todos los

casos las plantas resultantes presentaron las mismas características diferencias en pesos que ocurren entre plantas NPK y NK sin incorporarse. Otra vez fueron influencias maternas las responsables de las características de cada tipo, sin los cuales estos resultados no podrían haber ocurrido.

CAMBIOS DE ADN

El contenido de ADN de las células de cada uno de los tipos - plantas fué también analizado para definir los eventos en estas transformaciones inducidas, también los mecanismos que cuentan en las bases de los cambios hereditarios, usando métodos espectrofotométricos. Encontraron que las plantas L contenían 16% más de ADN por célula que las plantas S. Con el contenido de ADN por célula de las plantas PL intermedio a las dos, usaron unidades arbitrarias, los valores obtenidos en uno de los muchos juegos de experimentación encontrarón los siguientes resultados: para L, 93.6; S, 80.5; PL, 85.8. Estos descubrimientos levantaron inmediatamente varias preguntas: ¿cuál es el parentesco del medio ambiente inductivo y estos componentes varios o la generación de los nuevos valores del ADN? ahora correlacionados estrechamente ¿serán los valores cambiados de ADN y los cambios en el genotipo? ¿serán algunos genes específicos asociados con este contenido cambiado?.

PRIMERAS CINCO SEMANAS CRITICAS

Respuesta a la primera cuestión, células de los retoños de las plantas germinadas fueron examinadas en las -- primeras cinco semanas. Se descubrió que, durante este pe-- riodo, la divergencia asimétrica de los valores de ADN ocu-- rrió en los tipos PL. En otras palabras, con el fertilizan-- te apropiado y condiciones de inversión fué un cambio fir-- me en las direcciones esperadas para el ADN de las plan-- tas sufriendo las transformaciones inductivas, alcanzando los valores esperados al final de las primeras cinco sema-- nas.

Este es el tiempo en que las plantas usualmente se-- rán replantadas en el campo. Y la descendencia de estas - plantas presentan los cambios hereditarios de tamaño de - este punto, o igual, si ellos no son sujetos mayores en - las condiciones esperadas además, experimentos en el cre-- cimiento de las plantas ya inducidas bajo una variedad de condiciones revelaron un resultado sorprendente e impor-- tante; si las plantas germinadas de los tipos L o S no -- disfrutaban el calor del invernadero durante este periodo primitivo, ellas comienzan a perder estos valores caracte-- rísticos de ADN.

En cultivos al medio ambiente para tres generaciones con-- secutivas, el contenido de ADN por célula revierte a los tipos PL mientras que plantas inducidas permanecen cons-- tantes para estas características diferenciadas de peso. Las L tienen pérdida extra de ADN y las S recobran esta pérdida extra de ADN ; pero los tipos L estarán fijos -

aproximadamente 4 veces el peso de las S, con el peso de los tipos intermedios PL para ambos.

La cantidad de reversión durante el crecimiento de cada generación al medio ambiente es preciso, y repetitivo, y en los resultados no serán detectables diferencias en los valores de ADN por célula para alguno de los tres tipos (PL, L, S) además, la reversión puede ser parada en algún punto pero cultivando las plantas germinadas en el invernadero por las primeras cinco semanas; los valores de ADN divergentes pueden también ser reinducidos a los límites inducibles, en este caso no tienen las plantas inducidas pesos de L y S revertidos al peso de la planta original.

Aparentemente las condiciones inducidas originalmente causan un cambio profundo en la fisiología de las plantas jóvenes. Resulta esto, en una alteración de las relaciones metabólicas tal que cambios substanciales en algunos de los constituyentes bioquímicos (tal como ADN) serán afectados. Además, un cambio estabilizado en las relaciones metabólicas (geometrías internas) y no la alteración de los niveles de ADN deberán ser los responsables de los cambios heredables en las plantas, y debe resultar en - que es caracterizado ineludiblemente como un nuevo genotipo distintivo.

Las semillas fueron puestas en cajas en un invernadero donde recibieron solución de fertilizantes comerciales y las plantas jóvenes fueron transplantadas al campo donde también recibieron los mismos fertilizantes comerciales que recibían las plantas en las cajas. Cada --- planta individual fué seguida a partir de la semilla o - la planta madura, así que la selección no podría ser --- errónea y la contaminación de las semillas fue prevenida.

Los fertilizantes fueron sulfato de amonio (N), muriato de potasio (K), super fosfato triple granular (P) y cal aplicada como hidrato de calcio (G). Las 16 combinaciones de N, P, K y G en cada dos niveles, aplicada y no aplicada, fueron esparcidas en el campo en 1954 y establecidas como planos permanentes.

En 1954 cada fertilizante fué aplicado en el rango - de 6 cwt. por acre. Excepto para cal donde fué aplicada - en el rango de 15 cwt por acre, el npkg de los campos --

fue de 15 cwt* por acre de cal y un total de 18 cwt por acre de los fertilizantes restantes.

En años subsecuentes la misma cantidad de fertilizantes fué aplicada a los planos cada año.

El invernadero compuesto fué hecho de 7 partes de -- suelo del campo, 3 partes de musgo irlandés granulado y 2 partes de granito espolvoreado.

Las soluciones fueron preparadas disolviendo 15 gramos de N, P, y K en un litro de agua de acuerdo a la combinación requerida así que npk, por ejemplo fué aplicado como un 4.5% de solución. Para obtener el fosfato en solución, el superfosfato triple granular fué puesto en agua por 24 horas., agitando a intervalos y la solución lejos de sifones.

250 cm³ de la solución aprobada fué aplicada en siembras por cada caja de aproximadamente 22.5x35x35 centímetros.

La misma solución fué aplicada 10 días después pero usando 1/6 de la cantidad inicial. Después de cada aplicación las cajas fueron ligeramente enjuagadas con agua. -- Donde fué requerida cal, grandes piedras de cal fueron -- mezcladas con el compuesto en el rango de 31 gramos por -- cwt., las plantas se mantuvieron en el invernadero caliente por 2 ó 5 semanas dependiendo de la estación y del espacio disponible, luego fueron puestas en un invernadero frío por 1 ó 2 -- semanas más, finalmente se colocaron en el exterior para que fueran transplantadas a las edades de 4 ó 5 semanas.

Justo después de transplantadas, el suelo en las cajas fué enjuagado con solución 0.1% de GAMMLIN C.L., en --

*Unidades de medición que se utilizan en agronomía para la aplicación de los fertilizantes. 147

esta existe un control efectivo de gusanos donde de otra manera podrán causar grandes pérdidas en el campo. Para alguno de los experimentos anteriores esto fué suficiente para el crecimiento uniforme de todas las plantas, suelos en condiciones razonablemente fértiles y para este propósito un fertilizante compuesto y cal fueron aplicados en partes del campo. Y un fertilizante base John Innes y cal adicionados al campo usado en el invernadero.

Los fertilizantes pueden ser aplicados con un alto grado de precisión, pero es por supuesto, imposible asegurar las mismas condiciones ambientales cada año. En primer lugar, la fertilidad general del campo, mantenida en un nivel razonable antes de su uso para estos experimentos, decrece año con año, por lo que los fertilizantes que tienen poco ó ningún efecto en el primer año, adquieren un efecto pronunciado en años posteriores, variaciones de estación producen grandes variaciones en el medio ambiente, la sequedad en los tiempos de transplante es un factor -- particularmente potente. La sequedad se verá en el tiempo de transplante, en las últimas 6 semanas causa considerables pérdidas en algunos experimentos. Y las plantas en experimentos sin pérdidas tienen un vasto medio ambiente diferente de las plantas transplantadas en tiempo humedo, al inicio del verano, la siembra de semillas generalmente se comienza al final de marzo pero continúa como máximo -- un mes después, principalmente por limitaciones de tiempo y espacio, el transplante se hizo también en un periodo -- similar de tiempo. Esta diferencia de tiempo resulta en --

diferencias del medio ambiente año con año, y es la razón principal por la cual todas las plantas (en algunos experimentos) logran sobrevivir durante la sequedad, mientras la pérdida en otros hará estos experimentos virtualmente inútiles. Las estaciones interactúan con los tratamientos de fertilizantes, más así, de las grandes diferencias en tamaño y vigor de las plantas, debido a los fertilizantes aplicados en las cajas, solo en algunas de las plantas -- existirán series ideales para los trasplantes en algún tiempo, pues de otra forma serían muy grandes o pequeñas. Con el uso de cultivos en maceta podrán evitarse algunas de estas dificultades, pero también tienen limitaciones experimentales, porque, además del medio ambiente más artificial que proveen, esto daría por resultado que solo creciera cada año una fracción pequeña del número de plantas que fueron creciendo, y los efectos estacionales en sí -- mismos proporcionarían información adicional, podría ser evidente que es necesario para la progenie de plantas tratadas crecer también bajo un rango de tratamientos y si los cultivos de maceta fueron usados para el tratamiento de los padres y un número grande de plantas de la primera generación fueran plantadas en el campo al año siguiente, podría aparecer un problema ulterior: el relacionar los dos conjuntos de tratamiento.

El medio ambiente aplicado a las plantas es en efecto, como muchas aplicaciones de conveniencia, de acuerdo con el fin que nos propongamos. Esto difiere de lo experimentado normalmente por los cultivos que crecen en la apli

cación de grandes cantidades de fertilizante en el espaciamiento de las plantas en el campo en los intervalos de 30 centímetros en filas de 60 centímetros, y en la temperatura alta y probablemente alta humedad, que ellas reciben en el invernadero durante las primeras semanas de crecimiento.

CAPITULO 3

"Conclusiones"

INTRODUCCION

En este capítulo se plantea la necesidad de conceptualizar de nuevo la Biología. Se estudia la vida como proceso metaestable, intercambios biogeoquímicos en las biósfera, como asimetría, la negato-entropía y como algunas paradojas entre la vida y la termodinámica, así como la vida como proceso antientrópico y auto-catalítico.

Finalmente, presentamos algunas conclusiones sobre la geome--tría de la vida y las posibles aplicaciones industriales que surgirían de esta vertiente de análisis.

3. CONCLUSION:

3.1 La necesidad de conceptualizar de nuevo la Biología²¹

Como podemos apreciar el enfoque predominante en la Biología de nuestra época resulta insuficiente para explicar muchos de los resultados experimentales que se han obtenido en los últimos años, situación que nos obliga a -- una conceptualización de nuevo de la teoría biológica.

Brevemente recapitularemos algunos de los resultados que contradicen los paradigmas vigentes.

La teoría nedarwinista indica que el ritmo de evolución proteínica es mucho mayor en mamíferos placentarios que en anfibios.

El grupo de Wilson se propuso confirmar esta hipótesis mediante un estudio estadístico de la evidencia paleontológica y bioquímica. Comenzaron por medir la razón de cambio de una proteína muy común en los anfibios. Lo mismo se hizo con los mamíferos placentarios que evolucionan con mayor rapidez.

Comprobaron experimentalmente que los anfibios y los mamíferos placentarios tienen el mismo ritmo de evolución proteínica.

Así también comprobaron que los índices biológicos de evolución corresponden a los cambios genéticos a nivel de los cromosomas y no por medio de mutaciones puntuales al azar.

Para cerciorarse de sus resultados ampliaron sus estudios en vertebrados e invertebrados, así como en vegetales.

En resumen según Wilson y colaboradores la variación evolutiva ocurre a nivel de cromosomas y no de genes.

De acuerdo con la teoría de la selección natural los genes están colocados en los cromosomas sin un orden necesario. Por lo tanto, los genes se encontrarían localizados al azar y las mutaciones puntuales y reordenamientos estructurales ocurrirían al azar.

Sin embargo, Lima de Faria en su trabajo nos muestra que existe evidencia de que por el contrario, los cromosomas están organizados en un campo. Es decir, que tienen una estructura interna donde el valor del campo en cierta posición depende de la organización geométrica de conjunto y define el campo cromosomal: como el sistema dinámico de interacciones moleculares entre las varias regiones del cromosoma, en donde todas las partes están interrelacionadas y en equilibrio tal que algún cambio en algún segmento del cromosoma podría afectar el todo.

Se suponía que durante la interfase, al reanudarse la actividad metabólica celular, desaparecería el ordenamiento "empacado" y el núcleo obedecía por consiguiente a la termodinámica aleatoria y al espacio euclidiano de la fisicoquímica.

Sedat y Manuelidis lograron preservar la estructura tridimensional y el ordenamiento interno de un núcleo en interfase. Encontraron abundantes indicios de un alto grado de ordenamiento, en lugar de la termodinámica aleatoria que se daba antes por sentada. Aportaron pruebas que confirman la naturaleza altamente ordenada del núcleo in-

terfásico.

Revelaron un espacio mucho más completo y diferenciado que el espacio cristalino de tipo simple, ordenado, fijo y homogéneo de los cristales ópticamente activos descritos por Pasteur.

Este y otros trabajos indican que la estructura cromosómica: a) se mantiene íntegra durante la interfase, y que b) es más que un simple epifenómeno del material codificador empacado; es un continuo altamente definido y diferenciado, capaz de dar orden a las transiciones geométricas que coordinan los diferentes aspectos de la actividad celular.

Algunos paradigmas de la genética neodarwinista-mendeliana que se postulan a menudo en la investigación biológica básica y práctica indican que las transformaciones evolutivas que experimentan las plantas, ni se basan en técnicas de hibridación y selección, ni resultan de la mutación del ADN.

Durrant demostró experimentalmente que en respuesta a cierta combinación de estímulos ambientales, algunas plantas de lino han cambiado de tamaño en sus primeras fases de desarrollo, transformación cuantitativa que han transmitido por varias generaciones posteriores, aún cuando ha desaparecido el estímulo inicial. Además, el contenido de ADN aumentó en las células de las plantas transformadas. En ciertas circunstancias el contenido de ADN regresa a su nivel primitivo (previo a la transformación), pero la planta retiene el tamaño adquirido.

Lo antes expuesto es similar al proceso descrito por Khun para el avance de la ciencia, a través de revoluciones científicas así los paradigmas predominantes, para explicar la evolución, resultan insuficientes para entender los nuevos resultados experimentales.

El resultado de estas dudas y deficiencias en los paradigmas vigentes debe conducirnos a plantear nuevos tipos de preguntas y a generar directrices diferentes para el desarrollo de la Biología.

Nos hallamos en el punto que muestra la insuficiencia de las directrices metodológicas, para dar por sí mismas, una conclusión substantiva unitaria a tipos diferentes de preguntas.

En tanto que la ciencia normal significa investigación basada firmemente en una o más realizaciones científicas pasadas, realizaciones que alguna comunidad científica particular reconoce, durante cierto tiempo, como fundamento para su práctica posterior.

Las revoluciones científicas son los procesos que rompen la tradición a la que estaba ligada la actividad de la ciencia normal. La transición sucesiva de un paradigma a otro por medio de una revolución científica es el patrón usual de desarrollo de una ciencia madura, así surgen nuevos paradigmas los cuáles fijarán los nuevos planteamientos y darán respuesta a las dudas que no están plenamente resueltas en la actualidad.

Al resaltar la incongruencia entre los paradigmas predominantes y los resultados experimentales hemos queri

do abrir el camino para el surgimiento de nuevas ideas, y ese ha sido el objetivo de esta tesis, si por lo menos lo gramos llamar la atención respecto a esta problemática, - nuestro fin se habrá cumplido.

3.2 EL PROCESO DE LA VIDA²²

La noción predominante en Biología nos presenta a la vida como un equilibrio dinámico. Entendiéndose por equilibrio: "Estado de un cuerpo de un punto material, de un sistema de puntos materiales, a los cuales se aplican fuerzas que no producen sobre él ningún efecto, porque sus acciones se anulan". Se da el nombre de equilibrio "estático" al equilibrio de un cuerpo de reposo solicitado por diversas fuerzas y el equilibrio "dinámico", al de un cuerpo en movimiento solicitado por -- fuerzas que no alteran en nada ese movimiento. Cuando en verdad la vida es un desequilibrio.

Es evidente que un equilibrio estático no puede tener lugar en fisiología, incluso se puede decir que la vida es lo contrario del equilibrio. Esta noción aparece a partir de la reacción enzimática. Se sabe que la actividad de una enzima está ligada antes que nada a las - cantidades existentes de sustrato y del producto de la reacción, las - reacciones enzimáticas in vitro se rigen por cierto número de leyes y suelen ser reacciones de equilibrio. Por el contrario in vivo, si se - alcanzase ese equilibrio, dejaría de ser posible la vida. Es justamente así porque en el terreno físico-químico la vida es un sistema abierto, o sea desequilibrado, en el que la vida se realiza. En el equilibrio, la vida no hubiese jamás llegado a surgir, no hubiera llegado a a parecer la complejidad naciente de las formas. Por el contrario, la - vida a llegado a ser posible debido a un desequilibrio constante, como el de un hombre que, empujado por la espalda, corre hacia su centro de

gravedad para no caer. Además, si el mantenimiento de esas estructuras era un verdadero equilibrio, se comprende mal el hecho indiscutible de la evolución de las formas vivientes. De acuerdo con esto, no debió nunca cambiar nada, es decir, no debió existir evolución, pues el medio circundante de la vida en nuestro globo ha cambiado desde el momento de su aparición, y la adaptación no es, en el fondo, sino una pérdida de equilibrio y la investigación de un nuevo estado, que no se puede llamar "equilibrio", pues desaparece ya cuando se alcanza. La vida misma es, con frecuencia, causa del desequilibrio. No puede ser separada de su medio y una de sus características es la acción, sobre el medio circundante, debemos agregar, ella es por sí misma, un factor esencial de la transformación del medio circundante en factor esencial de desequilibrio, lo que equivale a decir, un factor de su propia transformación. La fotosíntesis haciendo aparecer, en la atmósfera esencialmente reductora de la tierra, el oxígeno molecular que estaba ausente, ha permitido la formación de ozono en las capas superiores de esa atmósfera. Pues esta capa de ozono ha disminuido la nocividad de los rayos ultravioleta y, bajo su protección, la vida ha podido lanzarse de nuevo.

3.3 Por lo tanto no podemos explicar la evolución como resultado de una mera adaptación de la vida a su entorno -- porque en todo caso los seres vivos transforman su medio ambiente.

Con la aparición de la fotosíntesis se crea una envoltura viviente sobre el planeta (biósfera) capaz de fijar energía e introducirla al ecosistema tal y como lo señaló Vernadsky²³

La biósfera representa una envoltura geológica definida, distinta marcadamente de todas las otras envolturas geológicas de nuestro planeta.

Esto es así, no sólo porque ésta es habitada por materia viviente, donde la misma se revela como una fuerza de importancia inmensa, remarcando completamente la biósfera y cambiando estas propiedades físicas, químicas y mecánicas, pero también porque la biósfera es la única envoltura del planeta donde también penetra energía cósmica produciendo un camino notable, la fuente principal de esta energía es el sol.

La energía radiante captada por la vida trabaja en conjunto con la energía proveniente de la desintegración de los elementos químicos, son la fuente energética primaria que explican la transformación geológica del planeta.

La materia viviente acumula energía a partir primordialmente de la luz visible y otras radiaciones solares. Así sintetiza compuestos químicos de alto contenido energético. Dicha energía es utilizada por los seres vivos:

tanto para ejercer trabajo hacia el exterior, transformando su entorno, como para ejercer trabajo sobre sí mismos, con lo que se generan nuevos metabolismos cada vez más -- complejos y termodinámicamente más eficientes, ambos procesos explican la dinámica evolutiva.

Así la biósfera es la única envoltura terrestre capaz de introducir cantidades crecientes de energía al sistema. Esta envoltura incluye a los seres vivos y su entorno inmediato sea este marítimo, terrestre ó aéreo. En consecuencia, podemos afirmar que la biósfera se extiende tanto por abajo como por arriba del geoide. Y por lo tanto, desde un punto de vista material y energético la materia que constituye la biósfera es heterógena.

Debemos distinguir en la masa principal de la biósfera una parte llamada inerte y otra viviente, al observar por masa, vemos que la parte inerte de la biósfera consiste principalmente de rocas, pero al considerar el volumen predominan cuerpos líquidos y gaseosos, por ejemplo, el océano y la atmósfera en los que se desarrolla la materia viviente.

Existe una constante migración de átomos entre la materia inerte y la viviente, se establece así una conexión química y una conexión energética, ambas se manifiestan incesantemente en los procesos de respiración, nutrición y reproducción que son funciones básicas que permiten la existencia de la vida.

En suma se considera que existe una continua migración de átomos de los cuerpos inertes hacia la biosfera y

también de los cuerpos naturales vivientes hacia los inertes. Todas las manifestaciones de migración biogénica y -- energía biogeoquímica son determinadas por el volumen, -- composición química, y la energía de la biosfera, por ello todas las propiedades de los organismos vivos están es--- trictamente determinadas por la estructura de la biósfera en su conjunto. Aunque usualmente se olvida que los organismos vivientes son una función regular de la biósfera. El organismo viviente, principalmente en especulaciones -- filosóficas, pero también en biología, es erróneamente -- contrastado con este medio, como si los dos fueran objetos independientes.

No menos importante es el concepto de un cuerpo natural bioinerte, este concepto básico es usualmente menos--preciado. Además, este es usado frecuentemente, inconcientemente a cada paso, así, por ejemplo, podemos apreciar -- que el suelo de un bosque no está vivo, pero no existía al margen de la vida. Por lo que se comprende la importancia de estudiar ambos procesos en su unidad y con un enfoque de conjunto.

Desafortunadamente muchos científicos sólo estudian los objetos aislados y las interacciones que se dan entre ellos considerando al objeto aislado como un elemento primario y fundamental, al margen de los procesos de conjunto.

En conclusión, distinguiremos en la biosfera tres tipos de cuerpos naturales: cuerpos vivientes (plantas), -- cuerpos inertes (rocas, cuarzo, etc) y cuerpos bioinertes

(suelos, agua, etc).

La biosfera consiste de regiones claramente definidas formadas por cuerpos vivientes, inertes y bioinertes.

La transición de los cuerpos vivientes hacia los cuerpos inertes ocurre con la muerte. Cuando un cuerpo viviente deja de existir como tal se pueden formar rocas orgánicas (por ejemplo: biolitas) y cuerpos inertes (por ejemplo: gases) la formación de un organismo viviente directamente a partir de cuerpos inertes nunca ha sido observada: el principio de F. Redi (OMNE VIVUM EX VIVO) nunca es trasgredido.

El concepto de cuerpo natural inerte y natural viviente definidos ambos como cuerpos naturales es una noción vieja, tomada del sentido común, pero esta separación no debe ser visualizada como absoluta.

El concepto del cuerpo bioinerte es un concepto nuevo, el cual difiere bioquímicamente de los conceptos de cuerpo natural inerte y el cuerpo natural viviente en la biósfera cuerpos de esta clase están en desarrollo continuo y juegan una parte importante en esta constitución orgánica.

Cuerpos natural y bioinerte son característicos de la biósfera, ellos son estructuras regulares consistiendo simultáneamente de cuerpos inertes y vivientes. Y todos los registros de estas propiedades físicas y químicas no necesitan corrección. En tiempos de corrección muy grandes si la manifestación de materia viviente presente en ellos no está presente, no serán tomados en cuenta.

La migración biogénica de elementos químicos juegan en estas propiedades un papel importante, y a menudo predominante. Todos los suelos son un cuerpo bioinerte característico. Así también lo son las aguas terrestres, por otra parte, la vida incesantemente transforma lo inerte en viviente y aunque muere una parte de la biomasa tiende a predominar el anabolismo sobre el catabolismo.

De tal forma que la separación entre cuerpos naturales inertes y cuerpos naturales vivientes no puede ser -- eliminada, sin embargo, existe una conexión necesaria entre ambos procesos y debe ser posible encontrar condiciones que expliquen el tránsito de lo inerte hacia lo viviente y no sólo de lo viviente hacia lo inerte.

Debemos profundizar en el concepto de energía biogeoquímica, considerada como la energía excedente o libre, -- resultante de restarle al total de energía solar fijada -- por la vida, la cantidad de energía necesaria para mantener el nivel de organización de la vida previamente alcanzado.

De esta forma, delimitamos la energía libre que la -- biósfera puede utilizar para efectuar trabajo tanto hacia el exterior de lo viviente (medio ambiente); como al interior de la vida (evolución), donde se manifiesta un incremento cuantitativo y cualitativo de la biomasa.

La energía biogeoquímica de materia viviente está -- más estrechamente conectada con 4 manifestaciones básicas de materia viviente en la biosfera.

Primero, con la unidad del conjunto de la materia vi

viente en la biosfera. Segundo, con la liberación in esante por materia viviente en la biósfera de energía capaz - de hacer trabajo. Tercero, con la colonización de la biósfera por materia viviente y cuarto, por el desarrollo de mayores niveles de complejidad en la vida (evolución).

En los cuatro casos la manifestación de energía biogeoquímica no es homogénea, pero en última instancia siempre se vincula con el movimiento de la materia viviente - en la biosfera, tanto pasivo, como activo, y es reducible al movimiento de átomos.

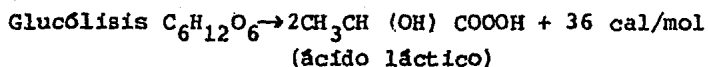
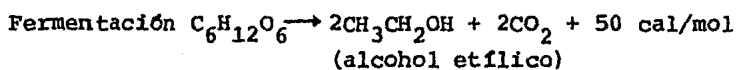
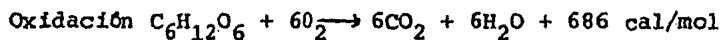
Es obvio que la energía biogeoquímica no es una forma especial de energía característica de la materia viviente, no es una "energía vital" por lo que esta energía se expresa bajo las formas ya conocidas por la fisicoquímica y tiene por origen la captación de radiación solar.

La forma más importante de esta energía esta relacionada con la colonización del planeta. Cada clase de materia viviente teóricamente puede poblar todo el planeta -- dentro de un cierto tiempo, y varía de especie a especie. Es posible usar la máxima velocidad de propagación como - una medida de esta energía biogeoquímica de colonización.

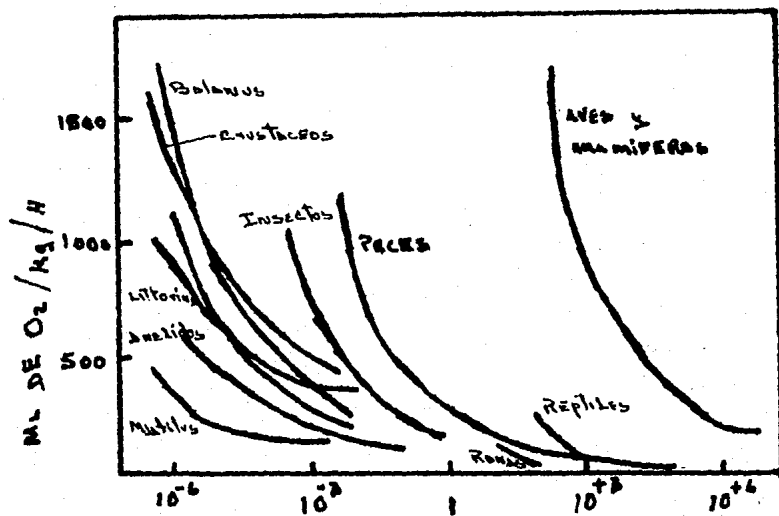
La energía biogeoquímica de colonización no comprende de todas las manifestaciones de esta energía. Habremos^a de considerar aquí la energía necesaria para desarrollar nuevas capacidades metabólicas que aumentan incesantemente - la potencia del metabolismo, tal y como puede apreciarse en el tránsito del metabolismo anaerobio al metabolismo - aeróbico ó el que se aprecia en la producción de energía

por unidad de masa a lo largo de la escala filogenética -
(vease las tablas siguientes).

El metabolismo anaerobio produce menor energía y pro-
ductos con catabolismo incompleto, en esta forma para la
glucosa.



**COMPARACION DEL INDICE METABOLICO DE VARIOS
ANIMALES EN FUNCION DEL NITROGENO CORPORAL**



Además es preciso considerar la nueva forma de energía biogeoquímica representada en la biósfera por el trabajo tecnológico del hombre.

La propiedad fundamental de energía biogeoquímica está claramente revelada en el crecimiento de la energía libre de la biósfera con el transcurso del tiempo geológico especialmente en relación, de la transición de la biósfera al control humano planificado de la misma (noosfera).

Hemos visto de donde proviene la energía que produce la evolución incesante de la biósfera. También hemos mostrado que en el conjunto de la biósfera predomina la tendencia hacia mayores niveles de complejidad y metabolismos más eficientes.

Entonces: podemos considerar a la vida como un proceso negatoentrópico que ordena los flujos de energía para producir más organización, para decirlo de otra manera, - la vida es una asimetría que genera asimetrías cada vez - mayores a través de procesos autocatalíticos, amplificando crecientemente su organización.

El primero en abordar coherentemente el problema científico de la asimetría de la vida fué Luis Pasteur.²⁴

Los experimentos de Pasteur sobre disimetría molecular implican una ruptura completa de las teorías atomísticas previas, con ello Pasteur dio origen a la estereoquímica.

Por medio de una nota enviada por Eilhard Mitscherlich en 1870 en donde la nota en cuestión dirigida a Pasteur acerca de un estudio detallado de dos sales cristalinas -

de amonio como son: tartrato y paratartrato.

Donde el tartrato había sido estudiado como una substancia tal que intervenía de modo crítico en los procesos de fermentación de las uvas para vino. Mientras que el paratartrato, también conocido como racémico fué algunas veces de una curiosidad misteriosa para los químicos.

En la nota enviada a Pasteur por Mitscherlich, indica que el exhaustivo estudio de los dos cristales obtiene lo siguiente: La naturaleza y números de átomos, el ordenamiento y distancia son las mismas. Además, la rotación del plano de la luz polarizada es indiferente para el paratartrato (no la rota). De ahí la aparente paradoja para Pasteur de las conclusiones de Mitscherlich, en que dos - sustancias tengan la misma composición química y diferentes propiedades físicas. Ahora podrán dos sustancias que en todos los aspectos son las mismas, diferir con respecto simplemente a la propiedad del poder rotatorio concerniente al plano de la luz polarizada.

En su exterior, ambas sustancias presentan exactamente los mismos datos físicos y químicos, formas cristalinas idénticas, gravedad específica, índice de refracción, puntos de fusión y ebullición, solubilidades, y otras.

Mitscherlich en conjunción con Berzelius había establecido las leyes de isomorfismo en donde la "forma cristalina" es independiente de la naturaleza química.

EL DESCUBRIMIENTO CRITICO. . Pasteur elaboró la hipótesis de que se trataba de los mismos elementos ordenados - en un espacio diferente, observó Pasteur que las formas -

cristalinas de ácido tartárico y todos estos componentes a los cuales el llamo formas disimétricas, para esto él da a entender que estas imágenes en el espejo no pueden ser superpuestas una sobre otra.

En el caso del paratartárico o ácido racémico, Pasteur descubrió que la sustancia realmente constituida de dos tipos de cristales balanceados donde existía la misma cantidad de tartrato derecho e izquierdo.

O sea que él separó cristales de dextratartrato en el microscopio de una masa de paratartrato y Pasteur encontró que ellos rotaban el plano de la luz polarizada a la derecha, y los cristales restantes a la izquierda y comprobó con ello su hipótesis de que se trataba del mismo compuesto ordenado de diferente forma en el espacio y siendo el ácido tartárico producto de la vida, concluyó: La vida es fundamentalmente una asimetría.

En este punto, él descubrió un hecho crítico, el ácido tartárico que rotaba la luz hacia la izquierda fué idéntico en todo con respecto al ácido formado en la uva. Además, durante la formación de vino (fermentación) el ácido racémico o paratartárico es también transformado a ácido levotartárico.

El desarrollo la hipótesis que los microorganismos vivos involucrados en la fermentación deben ser capaces de consumir solo las formas dextrógiras de tartrato como fuente de la nutrición de su metabolismo. Como estos fueron, la forma levógira, los microorganismos seleccionaron una forma y no la otra, y estos procesos de selección

ocurren basados en esta capacidad para reconocer una forma molecular de otra. Este hecho marcará una área experimental crítica de interacción para biólogos, físicos y químicos.

A través de una serie de estudios experimentales, Pasteur obtuvo el siguiente modelo: todos los productos minerales y todas las numerosas sustancias orgánicas cuando son obtenidas artificialmente en el laboratorio carecen de disimetría molecular y esta acción es notoria en la luz polarizada. Por otra parte, estas propiedades son inherentes en un gran número de sustancias orgánicas naturales y un mayor número considerable de sustancias relacionadas con el metabolismo, así por ejemplo son asimétrica y ópticamente activas la celulosa, azúcares, albumina, fibrina, caseína, ciertos ácidos vegetales, etc.

Pasteur descubre que los productos elaborados por la influencia de vegetales vivos son, como regla, disimétricos. Esto es contrario a lo que encontramos en el caso de productos artificiales y minerales.

Esto marca uno de los aspectos cualitativos más importantes del trabajo de Pasteur, que todas las criaturas vivientes tienden a tomar el carbón y otros elementos necesarios para su nutrición de formas que rotan la luz polarizada a la derecha y no a la izquierda. Esto puede ser explicado solo por el hecho que los constituyentes principales de las células vivas son también asimétricos.

PASTEUR ESTABLECIO LA TESIS QUE:

- 1.- Disimetría molecular es característica de los --

procesos vivientes que tienen la capacidad para desarrollar altos niveles de organización.

2.- Esta cualidad de las formas vivientes no es un epifenómeno para moléculas específicas consideradas en sí mismas.

3.- Las formas disimétricas encontradas en sistemas vivos fueron de algún modo un atributo de la capacidad de los sistemas y del orden superior en que los sistemas vivientes se desarrollan.

4.- Este proceso es coherente con las leyes del universo en su conjunto.

Siguiendo a Pasteur, P. Curie generalizó en concepto de disimetría, examinando el fenómeno descubierto por Pasteur en los seres vivos, como caso específico, y aplicando este concepto a fenómenos físicos básicos, de la electricidad y el magnetismo, además, Curie no fué capaz de desarrollar completamente estas ideas pues su muerte súbita interrumpió este trabajo, además Curie llegó a la conclusión lógica que un fenómeno conectado con alguna forma de asimetría debe tener su origen en otra asimetría.

Esta conclusión debe ser propiamente llamada principio de Curie.

Otro importante concepto desarrollado por Curie es a saber el concepto de estados diferentes del espacio. El no tuvo tiempo antes de su muerte para formular esto propiamente, pero en esencia, corresponde a las diferentes formas de disimetría estudiadas por él y Pasteur.

Este concepto fué ligeramente difundido entre los na

turalistas quienes discutieron los diferentes estados de nuestro planeta relativo en relación a la rotación alrededor del sol. Esto fué establecido para fenómenos que fueran diferentes o según si tenían lugar en una parte del planeta moviéndose en la dirección del sol, o en la dirección opuesta.

Pasteur reconoció la posibilidad de estados diferentes de espacio cósmico y explicó la manifestación de la disimetría descubierta por él en materia viviente. Esencialmente ellos vieron en un estado del espacio el sustrato geométrico básico de todo este problema.

Más recientemente (1957) Ambler, Hudson y Wu, han podido demostrar que los núcleos del cobalto 60 al desintegrarse emiten partículas beta (electrones) que con mayor abundancia van hacia un polo magnético que hacia otro, esto es que los polos sur de los núcleos de cobalto 60 emiten partículas beta con mucha mayor abundancia que los polos norte. Con lo cual se probó la asimetría del núcleo atómico y con ello la asimetría como proceso que se da en todos los niveles de organización desde el átomo hasta el hombre.

3.5 EL PROBLEMA CENTRAL:

La causa de la negaentropía²⁵

Ya Erwin Schroediger señaló que la vida no podía concebirse como un equilibrio y reconoció que la vida es un proceso negaentrópico. Así, en su libro ¿Qué es la vida? nos dice: La materia está viva, cuando hace algo, cuando hay movimiento, cuando intercambia material con su nuevo ambiente.

Cuando un sistema que no está vivo se aísla o se coloca en un medio ambiente uniforme, todo el movimiento -- llega a detenerse muy pronto como resultado de varios tipos de fricción después de esto el sistema decae hacia la muerte alcanzando un estado permanente, en el cual ningún suceso se lleva a cabo. Los físicos le llaman a esto, el estado de equilibrio termodinámico o de "Entropía máxima".

En qué forma un organismo viviente evita el decaimiento, la respuesta es: alimentándose, bebiendo, respirando y "en el caso de las plantas" asimilando.

Cada proceso, evento, suceso, o sea todo lo que se -esta efectuando en la naturaleza significa un aumento de la entropía en el sitio en el cual se está realizando.

En esta forma un organismo vivo incrementa de manera continua su entropía, o sea produce entropía positiva y -con ello se acerca al peligroso estado de entropía máxima que es la muerte.

Se puede mantener alejado de ella, esto es viviendo, extrayendo continuamente entropía negativa de su mundo -- circundante. Ya que un organismo se alimenta de entropía

negativa en otras palabras, el organismo se libera de toda la entropía que no le puede ayudar mientras este vive.

3.6 Pero no basta con afirmar que la vida es antientrópica²⁶ porque es un sistema abierto que consume energía; -- aún falta por responder una pregunta crucial ¿Cómo se genera tal arreglo antientrópico, de dónde surge? así Prigogine afirma que la multiplicación de estructuras muy ordenadas parece incompatible con el segundo principio de la -- termodinámica; aquel implica en efecto, como hemos visto, que todo sistema macroscópico no puede evolucionar más -- que con aumento de entropía, es decir, con degradación del orden que lo caracteriza. Reconoce además que existen estructuras no termodinámicas como las astronómicas.

Un acumulo estelar esférico muestra que no ocurre -- una evolución espontanea hacia una distribución uniforme en un sistema de estrellas. Estas estrellas deben en efecto ser consideradas como partículas que actúan entre sí -- por fuerzas de gravitación de largo alcance para las que no cabe una descripción termodinámica. No presentan ninguna tendencia hacia la homogeneidad.

En principio se sostuvo la idea de que la vida era resultado de una "fluctuación al azar" que luego se amplificaba de tal forma que la vida surgiría a partir de un -- sistema termodinámico que tiende a la homogeneidad.

Un organismo biológico pormás simple que sea, tiene una organización producto de una historia durante la cual se acumuló una gran cantidad de información a expensas de una cantidad también muy grande de energía.

Antes de que apareciera la vida en la tierra, el mar era una especie de sopa donde abundaban las moléculas or-

gánicas del tipo de las que hoy constituyen a los seres - vivos. Fué natural que algunos científicos postulares en tantos millones de años y dado el enorme volumen de este mar prebiológico y la enorme cantidad de sustancias adecuadas que poseía las circunstancias fortuitas hicieron que se "armara" algo vivo, y así comenzara la vida en el planeta.

Había sido como si pusieramos las piezas de un reloj en una bolsita y jugáramos con ellas, tirándola adoptaría distintas distribuciones, y pasaríamos millones de años - tratando de ver si de repente, al azar, en alguno de esos ordenamientos se armara un reloj.

3.7 En contra de esta teoría Harold Morowitz²⁷ hizo el siguiente cálculo, tomo como base la bacteria Escherichia coli, uno de los seres más simples, y cálculo la energía contenida en las uniones de sus moléculas. El cálculo no era complicado: al saber cuántas proteínas, cuántos azúcares, cuántos lípidos, cuántos fosfatos, cuántos ácidos

nucleicos, etc. contiene una bacteria, y los tipos de enlaces que tienen los átomos que constituyen dichas moléculas pudo hacer una estimación de la energía -- que debe contener la bacteria para ser catalogada como algo viviente. Luego supuso que todos los átomos que componen una E. coli están sueltos en el volumen que ocupa dicha bacteria. Se preguntó entonces cuál era la probabilidad de que, en un sistema en equilibrio una fluctuación diera fortuitamente una E. coli.

El equilibrio es una situación en la que no hay trabajos netos. Cada vez que aparece una desviación del estado de equilibrio, una fluctuación, se crea un gradiente; dicho gradiente genera una fuerza, esa fuerza crea un trabajo y ese trabajo consiste en conducir de nuevo al equilibrio.

La pregunta de Morowitz era: ¿Cuál es la probabilidad de que, todos los carbonos libres, oxígenos, hidrógenos, azufres, necesarios para formar una bacteria, lleguen a organizarse de repente en una fluctuación del estado de equilibrio y aparezca una bacteria? Para hallar la respuesta calculó, qué cantidad de energía mínima "que alejamiento fortuito del equilibrio", se necesita para ser de

moléculas muertas una E. coli esa fluctuación, como cualquier fluctuación de un estado de equilibrio tiene una -- probabilidad. Morowitz calculó qué probabilidad había de que se alcanzara la energía necesaria para formar un ser vivo tan simple como una E. coli, la respuesta fué: $P = (10)^{-10^{11}}$ este es número tan pequeño que aunque desde el origen del universo se ensayara la posibilidad de producir una simplísima E. coli, esta posibilidad pertenece al orden de $10^{99999986}$ o sea, es imposible. En síntesis, había que dejar de lado la idea de que la vida pudiera haber -- surgido como una fluctuación de un estado de equilibrio. Esa era, por aquel entonces, la mejor teoría disponible -- para explicar científicamente el origen de la vida en la tierra.

Los primeros pasos de la termodinámica fueron dados a través de los modelos de equilibrio, y los de la fisiología también.

Pero es claro que los modelos de equilibrio no llevan más que a imposibilidades como la que se ve en el cálculo de Morowitz.

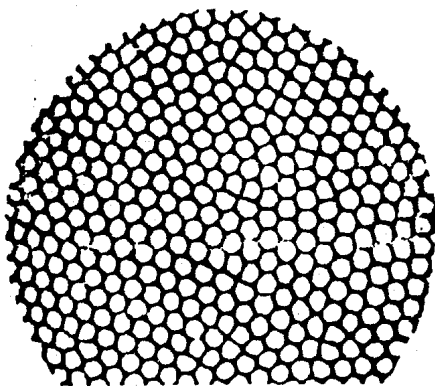
Pero esto no explica por qué un ser vivo ha llegado a estar organizado tan por encima del nivel energético y organizativo circundante.

La vida parece alejarse del estado de equilibrio y -- llevar a sus sistemas y subsistemas al borde de una crisis donde un pequeñísimo cambio o grado de alejamiento ya no tenderá a restablecer el equilibrio, sino a provocar un -- cambio a otro estado.

Prigogine hizo notar que estas situaciones tienen -- particularidades apasionantes.

Tomemos como ejemplo el fenómeno que él mismo dió: - el fenómeno de Benard.

Si ponemos una caja petri con agua sobre una fuente de calor homogéneo, llegará un momento en que el agua se ordenará en celdas exagonales. Este ordenamiento es indispensable cerca del equilibrio, donde el movimiento de las moléculas es caótico. Pero al intercalar el sistema en un flujo de calor desde la fuente al agua y de ahí al medio, se obtiene esa estructura con toda regularidad (Fig. 19



Lo que es improbable-imposible cerca del equilibrio, es por el contrario una ley causal en la crisis.

Prigogine hizo notar que dicho fenómeno se debe a la no linealidad de las respuestas del sistema. Hay fenómenos físicos que mantienen una cierta linealidad aún en situaciones muy alejadas del equilibrio (frente a grandes fuerzas) y otros que la pierden a poco de alejarse de ese punto. Los procesos químicos son de este último tipo: llegan en seguida a puntos críticos e inestabilidades. Como los

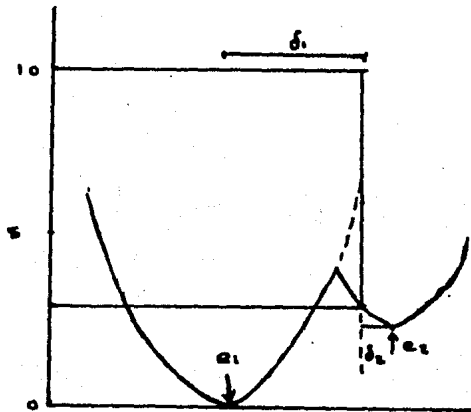
sistemas biológicos son máquinas químicas y están muy alejados del equilibrio, son más propensos a las crisis y a los desequilibrios.

Una crisis significa que el sistema ya no tratará de reestablecer el equilibrio primitivo. Los flujos y fuerzas que mencionábamos en la sección anterior ya no estarán -- orientados a disipar los gradientes. Cuando un sistema entra en crisis pierde su estructura y se colapsa. Desde el punto de vista de la organización que tiene en sistemas en ese momento, una crisis es el borde del caos, pero para un observador externo, que está estudiando todo el proceso, no siempre después de una crisis sobre viene un caos, sino que se puede producir otro tipo de estructura con otro tipo de funcionamiento.

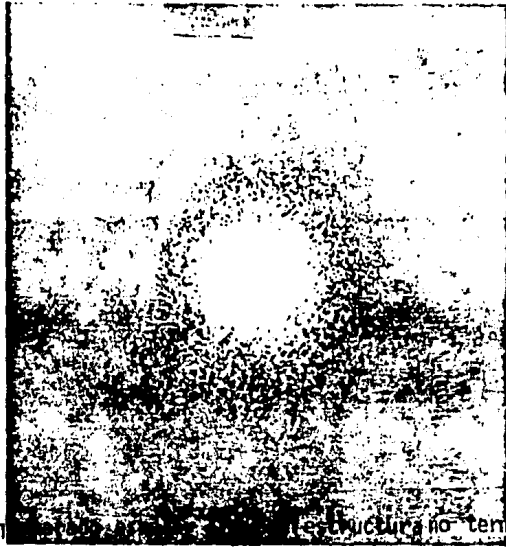
Esta nueva estructura y este nuevo funcionamiento -- van a seguir, lógicamente, otras reglas, y estos, desde el punto de vista biológico, es muy importante. Cuando -- uno aleja al sistema del equilibrio, este llega a un punto crítico en el que ya no tiende más a recuperar el equilibrio anterior, sino que va a ascender a alcanzar otro. Es como si se pateara una pelota hacia la montaña. La pelota va a tender a volver al valle desde donde se patea. Pero si se patea muy fuerte, va a llegar un momento en que la pelota ya no va a tratar de volver sino que se va a ir al otro lado del valle. El sistema tuvo una transición y ahora funciona de otra manera, tratará de alcanzar otro equilibrio, representado aquí por el fondo del otro valle. -- Después de la transición a otro estado estacionario, el --

sistema producirá una cantidad de entropía mucho menor que la que estaría produciendo si tendiera a volver al equilibrio anterior.

Resumamos: Cuando los grados de alejamiento del equilibrio son muy grandes, la no linealidad lleva a un desequilibrio. En el desequilibrio se entra en crisis. Cuando un sistema entra en crisis y cambia su estructura, pasa también a funcionar de otra manera en la cual disipará menos entropía (Fig.20)



Como esto implica un cambio conceptual muy importante, sobre todo para la Biología, se hicieron esfuerzos por desarrollar las bases teóricas de dichos fenómenos, y se trataron de estudiar transiciones no ya en sistemas hidrodinámicos como en el caso de Benard, sino en sistemas químicos. Así, hoy son famosos los trabajos del grupo de Prigogine y los experimentos de Zhabotinsky



Con... (estructura no-termodinámica)

En ellos se obtuvieron procesos químicos que se mantienen gracias a un flujo continuo de reactivos y productos que, cuando se los perturba y aleja del equilibrio, - adoptan ordenamientos, formas espaciales que son muy características y que tienen una relación estricta con el - tipo de perturbación sufrida (tienen una historia: memoria de la perturbación).

Estos conceptos constituyeron una herramienta un poco más adecuada para entender los sistemas biológicos. Un señor de cuarenta años no es igual que un embrión, nada - más que mucho más grandes pues los procesos de desarrollo y crecimiento no son lineales. Tampoco el proceso evolutivo es lineal pues nosotros no somos esponjas gigantes cas sino que, evidentemente, somos otra cosa.

Aquí deberíamos mencionar nuevamente a Morowitz, -- quien formuló un teorema para un sistema intercalado en - el flujo de energía entre una fuente y un sumidero. (todo flujo de energía -dijo- origina en ese sistema intermedio

por lo menos un ciclo de material). Podemos ilustrar esto fácilmente con el ciclo del agua en la biósfera: el paso de energía solar (sol-biósfera-espacio extraterrestre) hace que el agua se evapore, se formen nubes, llueva y nieve, se formen ríos y el agua vuelva al mar. Notemos que no es el suministro de energía lo que crea este ciclo del agua y su organización (nubes, hielo, agua), sino el flujo. -- Tan importante es la provisión de calor como su disipación de lo contrario el agua se evaporaría, o se congelaría totalmente, y el ciclo cesaría.

Hasta aquí el estado actual de nuestros conocimientos los flujos de energía producirían una transformación no lineal que conduce a una crisis y pasa a funcionar de otra manera generándose, así, un nuevo nivel de organización.

3.8 EL PROBLEMA GEOMETRICO

Los diferentes estados del espacio y la geometría --
riemanniana.²⁸

Sin embargo, esta explicación lo es solo en apariencia; pues, deja intocado el problema crucial: ¿Por qué -- ciertos sistemas responden linealmente y otros no? ¿Por qué unos generan nuevos niveles de organización y otros -- no? ¿Cuál es el papel de la geometría interna de los constituyentes del sistema?

Al no tocar el siguiente problema: ¿Cómo la asimetría atómica, molecular y macromolecular se articula con la organización macroscópica? se deja a la no linealidad como "DEUX EX MACHINA", que todo lo explica y cobra así un carácter supranatural. Postulamos que el nudo gordiano de -- este problema se puede resolver si retomamos el principio de Curie, que nos explica a toda asimetría como producto de otra asimetría.

Esta es la hipótesis crucial que debemos probar a futuro: la asimetría de los procesos macroscópicos es causada no sólo por el flujo de energía, sino por la asimetría del espacio original, que se amplifica para producir un -- nivel superior más ordenado de esta manera tendríamos una multiplicidad de asimetrías anidadas autogeneradas a partir de espacios asimétricos de nivel inferior. Para ejemplificar este concepto geométrico-matemático, podemos --- usar la teoría cantoriana de los conjuntos numéricos así los números naturales generan a los números racionales y estos últimos contienen a los primeros, a su vez los ra--

cionales generan mediante ciertas operaciones a los irracionales que junto con los anteriores forman los números reales. Existiendo un arreglo donde los conjuntos numéricos más simples están contenidos en los más complejos, -- existiendo un proceso de transformación de unos en otros.

El considerar a la vida como un estado diferente del espacio, desarrollado a partir de espacios más simples y asimetrías menos marcadas es algo perfectamente coherente. De la misma manera que los cristales de nieve son un despliegue de las características moleculares del agua, de esta manera retornamos al problema planteado por Pasteur, los cristales diferentes son sólo muestra de la diferente disposición de estereoquímica de las moléculas, y la presencia de una sola variedad estereoquímica en los seres vivos es tan sólo la prueba de que la vida es en sí misma - un espacio ordenado asimétrico. Postularemos que tales espacios deben hallarse múltiplemente conectados, el espacio de orden superior reordena y resignifica al nivel molecular. Ya en la célula, en cuanto espacio ordenado, ciertas moléculas por sus características geométrico-espaciales - cobran un significado especial como hormonas, neur@transmisores, etc. Así también los cambios cromosómicos deben resignificar a los genes contenidos en su estructura geométrica en la evolución. El todo no es igual a las sumas de las partes, ya que las propiedades del conjunto superan con mucho las propiedades individuales. En tal sistema la ubicación e interacción de los componentes se da geométricamente, las propiedades de las partes están determina

das por la configuración geométrica del conjunto. Es la configuración del espacio la que determina el significado de los procesos puntuales. Al afirmar esto desechamos el mecanismo newtoniano que hoy predomina en la Biología, para proceder con un enfoque relativista Riemanniano en el que se estudia el espacio en su evolución, tomando como métrica, la invariante que nos permite determinar el orden de precesión y sucesión que determina dicho proceso evolutivo.

Así Verdnasky nos dice: "comenzaremos con la hipótesis experimental de que el espacio interno de la materia viviente es diferente del que existe dentro de los cuerpos naturales inertes a la biósfera. El estado del primer espacio no está confiado a los límites de la geometría euclidiana. El tiempo puede expresarse en este espacio por un vector polar, la existencia de simetrías preferentes, y sus concomitantes desigualdades fisicoquímicas, apuntan hacia una nueva geometría, diferente de la de Euclides; una geometría especial del espacio interno de la materia viviente, es posible que esta sea una de las geometrías del tipo que describió Riemann".

Pasteur tenía razón. En fechas más recientes la experimentación ha puesto de manifiesto que el espacio biocatalítico que gobierna los procesos vivientes dentro del cual se inscribe el genoma es un espacio transfinito con respecto a las geometrías simples, individuales de los procesos bioquímicos internos de la célula. Su naturaleza topológicamente superior gobierna y transforma los proce-

so químicos de la célula, llevándolos del ámbito a una forma geométrica ópticamente activa y asimétrica ($m+1$), como anteriormente describimos, la topología genética del núcleo celular no es más que una geometría metaestable, solo existe en ciertas condiciones paramétricas; un flujo saludable de la energía metabólica, acompañado de la debida proporción de iones de potasio y de sodio (K^+/Na^+). Sin estas condiciones paramétricas favorables, la geometría interna del núcleo celular comienza a variar. En circunstancias entrópicas, a medida que disminuye gradualmente el nivel general de energía celular el ordenamiento cromosómico del núcleo sufre cambios geométricos degenerativos; el crecimiento de los tejidos se vuelve anárquico y desordenado, y las condiciones paramétricas normales que mantienen la integridad de los tejidos se descomponen completamente. A esto le llamamos cáncer.

Frente a la entropía negativa de una biósfera en evolución, a medida que el flujo energético de ésta aumenta gradual y considerablemente, la mayor disponibilidad de energía propicia la formación de geometrías cromosómicas estables y más diferenciadas que dan lugar a la especiación.

Pero más que estudiar el espacio biológico en sí mismo, debemos estudiar el proceso a través del cual un espacio da origen a otro espacio de orden superior. Estos estudios solo podrán desarrollarse mediante una apreciación correcta de los flujos energéticos y de los espacios a través de los cuales se ordena y amplifica su asimetría,

para generar mediante un salto cuántico un nuevo sistema más ordenado. Dichos estudios deberán analizar la vinculación del orden celular con el subcelular y molecular al futuro se verán desarrollados con la aplicación de la resonancia magnética nuclear a tejidos y animales integros. Así mismo, la utilización de microscopios de lazer de rayos X nos permitirán "visualizar las moléculas y desarrollar una verdadera ingeniería molecular, que construya enzimas sobre diseño y luego las codifique en el material genético, también se podrá hacer ingeniería cromosómica - utilizando adecuadamente las propiedades del campo cromosómico". Por todo lo anterior es muy conveniente abandonar el paradigma newtoniano en la biología para transitar a una reconceptualización relativista y riemanniana. Debemos hacer hoy, en el terreno de las ciencias biológicas, lo que la Física hizo al adoptar la teoría de la relatividad de Eistein que desechó el espacio euclidiano y tiempos absolutos para reconceptuarlos en el terreno de la configuración geométrica del espacio.

3.9 EL ESTUDIO DE LAS HIPOTESIS ANTES MENCIONADAS TENDRIA INCLUSO GRANDES REPERCUSSIONES PARA EL DESARROLLO DE PROCESOS INDUSTRIALES²⁹

A este último respecto, es de recordarse que la cinética química clásica considera que la velocidad con que se produce una reacción depende del número de choques que se producen entre los reactivos; es decir, entre las sustancias o elementos que van a dar origen al nuevo compuesto. Desde ese punto de vista, el camino más obvio para -- acelerar una reacción es aumentar el número de choques mediante el aumento de la temperatura, de la presión o de -- ambas cosas. Ello significa, por supuesto, una cierta inversión de energía.

Todo esto es correcto, sin embargo, no se puede decir que basta con aumentar el número de choques para aumentar la eficiencia de la reacción.

Es cierto que existe proporcionalidad entre el número total de choques y el número de choques que producen -- la reacción. Pero no todo choque entre las moléculas de -- los reactivos produce la reacción, porque las moléculas -- no son iguales en todas sus partes, como las bolas de billar. La cinética química clásica no toma en cuenta que -- las moléculas son asimétricas de varias maneras, incluyen do el hecho de que poseen polaridad.

Ciertas famosas investigaciones en el campo de la resonancia magnética, y otras no tan famosas en el campo de la bioquímica, han mostrado hechos muy interesantes. Primero, que los sistemas celulares son sistemas altamente --

ordenados, asimétricos y polarizados lo cual reviste grandes consecuencias para la comprensión de la Fisiología celular y la Bioquímica enzimática. Segundo, que aún en las moléculas más sencillas, e incluso en los átomos más sencillos, se observa polaridad y asimetría.

Como ejemplo es de recordarse el ya mencionado estudio que se hizo de la desintegración beta del isótopo del cobalto. Como cualquier elemento radioactivo que tiene -- descompensación entre su masa y su número atómico, el cobalto emite de su núcleo partículas cargadas eléctricamente semejantes a los electrones. En este experimento se colocaron átomos de un isótopo radioactivo de cobalto dentro de un campo magnético, de tal manera que los átomos quedaron perfectamente orientados, de acuerdo a su polaridad, con los polos del campo magnético. En cada polo se colocó un contador Geiger. Se encontró que la emisión de las partículas beta por el núcleo no es simétrica, sino -- que hay mayor emisión por uno de los polos. Lo que implica es que la naturaleza del átomo es asimétrica y que podemos orientar los átomos dentro de un campo magnético de tal forma que queden perfectamente alineados. La importancia de estos hallazgos podría ser enorme para la industria química. El simple choque caótico de moléculas de diversas sustancias no garantiza la formación eficiente del -- producto de reacción. De todos los choques que se producen, un porcentaje relativamente alto no producirá la reacción, porque el contacto entre las moléculas puede darse en "áreas" no adecuadas de esas moléculas. La temperatura

por sí misma no hace más eficiente la reacción química -- porque únicamente aumenta el número de choques y no el número de choques eficientes. La energía de activación -la energía mínima necesaria para provocar una reacción- estaría incluyendo cierta cantidad de energía que no se utiliza en realidad para producir la reacción.

Lo más conveniente para el estudio de las reacciones químicas sería colocar los reactivos dentro de campos magnéticos que ordenaran en un sólo sentido a las moléculas, de tal forma que el acercamiento entre los reactivos altamente polarizados permita que el producto se forme a velocidades incluso miles de veces más altas que las hasta -- ahora alcanzadas. Esto podría lograrse en reactores similares a los reactores de confinamiento magnético utilizados para producir la fusión termonuclear. Todavía más, se han encontrado evidencias en la física de plasmas de que el ordenamiento polar de las moléculas es un proceso autoordenado; es decir que la polarización de varias moléculas genera la polarización de las demás moléculas en un proceso parecido al de una onda de propagación. La consecuencia práctica es que, una vez localizada la manera de iniciar el proceso, se necesitaría muy poca energía térmica para activar la polarización y después el mismo proceso ocurre en cadena, sin aplicar más energía. Aún cuando para iniciar la reacción con un campo magnético de intensidad muy alta se necesitaría invertir no sólo mucha energía, sino mucho capital, el mero hecho de que multiplicara miles y quizá millones de veces la eficiencia con que

se produce la sustancia de interés industrial retribuiría con creces la inversión inicial.

Pero, en tanto la investigación tecnológica alcanza resultados en ese campo, la asimetría polar de las moléculas podría dar explicación válida al funcionamiento de -- las enzimas en la célula, que éstas necesitan muy poca -- energía térmica para favorecer las reacciones que regulan.

La célula es un sistema polarizado (asimétrico). Por lo tanto, no estaría muy lejos de la realidad que los sistemas enzimáticos funcionaran con arreglo a este principio. Las enzimas son catalizadores biológicos que aumentan la velocidad de reacción a bajas temperaturas, y que diferencian entre compuestos químicamente iguales pero -- esencialmente diferentes (estereoisómeros). A la luz de la polarización de las moléculas y de la célula misma, -- quizá las enzimas funcionen como "resonadores magnéticos" que orienten a las moléculas reaccionantes de tal modo -- que el acercamiento entre ellas baste para producir una reacción inmediata para formar el producto. Otro elemento que apoya este modo de ver los sistemas enzimáticos, -- es el hecho de que se ha encontrado dentro del citoplasma una gran compartimentalización geométrica entre las diferentes áreas funcionales de la célula y su correspondiente complejo enzimático. Por ejemplo, hay complejos enzimáticos que degradan y utilizan las grasas para producir -- energía, que se encuentra en las cercanías de la membrana mitocondrial (el organelo celular encargado de la respiración y la producción de energía), y otros complejos situa

dos en un lugar cercano del citoplasma que se encargan de la formación de las propias grasas de la célula. Aun cuando los "ladrillos" para una y otra función sean los mismos, estos dos complejos no se mezclan.

Lo más asombroso es que no hay pared física que separe estas dos actividades.

Ello puede explicarse por la formación de flujos altamente ordenados dentro del citoplasma que mantengan los diversos comportamientos funcionando de manera adecuada y mantenidos gracias al gran flujo energético que tiene la célula. De hecho, ello guarda similitud con las estructuras altamente ordenadas, llamadas solitones, de los plasmas muy calientes y que son producto del alto flujo energético.

Volviendo a los problemas de la industria química, - el hecho de que la síntesis industrial de amoníaco requiera elevadas temperaturas y altas presiones, y que en los microorganismos se sintetice a temperatura de 37 grados centígrados y presión atmosférica, nos da idea de cuál -- puede ser la magnitud de la revolución técnica originada al aplicar los mismos principios que rigen las funciones enzimáticas a la industria química. Los microorganismos -- fijadores de nitrógeno (Azotobacter y Clostridium pasteurianu, entre otros) sólo gastan el equivalente energético de 8 a 15 moléculas de ATP --moléculas altamente energéticas a través de las cuales se hacen transferencias de energía dentro de la célula- gracias a su complejo enzimático nitrogenado, que incluye, hasta donde se conoce en estos

momentos, una actividad de nitrogenasa (con subunidades que contienen elementos como molibdeno y hierro), que orienta a la molécula de nitrógeno y otra actividad de hidrogenasa que incorpora las moléculas de hidrógeno al nitrógeno para formar amoníaco.

Por lo anterior, puede apreciarse fácilmente la importancia que tiene investigar los procesos biológicos desimétricos. Su estudio se torna imprescindible, para la Biología moderna pues estamos urgidos de un nuevo enfoque que nos permita abordar los procesos no lineales y cooperativos que constituyen la esencia de la vida. Aún está por efectuarse en nuestra disciplina, una revolución similar a la que Einstein realizó al mostrar a la mecánica clásica como un caso particular de la relatividad. Comprender la vida como un estado altamente organizado del espacio, donde cada organelo y cada molécula cobran significado en función de como contribuyen a delimitar la geometría de ese espacio, es la tarea a realizar. Esto tendrá grandes repercusiones en el terreno de la biotecnología y la ingeniería genética, pero también repercutirá sobre toda la química y sobre gran variedad de procesos industriales.

Para ello se requiere de nuevo instrumental científico como la aplicación de la resonancia magnética nuclear, o de la microscopía de rayos-x, al estudio de la vida. Recientemente Manuelidis 30 ha utilizado la litografía de rayos-x suaves para estudiar la estructura tridimensional de los cromosomas en interfase, obtenidos de núcleos humanos.

Este autor concluye que:

- 1.- Las dimensiones de cromosomas observados por litografía de rayos-x suaves están de acuerdo con éstas observadas por medio de M E.

- 2.- En el método de litografía de rayos-x presenta el orden y alineamiento de cromosomas en interfase de núcleos intactos.
- 3.- En núcleos intactos, estas formaciones, son resueltos mas ambiguamente por este método que por técnicas de M E.
- 4.- Hilos cromosomales definidos en interfase y grupos de cromosomas presentan juegos idénticos de formas como se ven en núcleos sin ruptura (intactos).
- 5.- El alineamiento estructural tridimensional es mantenido en núcleos que contienen, principalmente A D N de alto peso molecular e histonas.
- 6.- El modelo es consistente con el concepto que cromosomas discretos están en posiciones asignadas tridimensionalmente en el núcleo en interfase, tales posiciones cromosomales pueden ser seguidas y son mantenidas en esta orientación tridimensional específica en el núcleo cuando ésta procede de la profase a través del estado de anafase, como se ve por M E de harrido,

Como se aprecia en el trabajo anterior, el material genético no se halla ubicado al azar dentro del núcleo celular sin duda la microscopía de rayos-x abre nuevas perspectivas de investigación pero, no sólo hace falta nuevo instrumental científico, también hacen falta - nuevos conceptos para abordar estos problemas de manera coherente, - muestra intención ha sido mostrar la insuficiencia de los conocimientos previos; se trata de un pequeño paso, bien lo sabemos, pero si logramos sembrar la inquietud en alguien, habremos cumplido nuestro objetivo.

BIBLIOGRAFIA

1. ARANA, Federico: 1980, Continuidad y evolución de la vida. Ed. Mc Graw Hill, México, Pág. 66-71.
2. ARANA, Federico: Op. Cit. Pág. 74.
3. SAVAGE: 1982, Evolución. Ed. C.E.C.S.A., México, Pág. 41.
4. WATSON, J.D.: 1974, Biología Molecular del Gen. ed. Fondo Educativo Interamericano, S.A., México, Pág. 13-15.
5. SAVAGE: op. Cit. Pág. 41.
6. WATSON, J.D.: Op. Cit. Pág. 17-19.
7. MONOD, Jacques y otros: 1976, Biología Molecular. ed. CONACYT, México, Pág. 10-16.
8. FREELAND Judson, Horace: 1981, El ADN clave de la vida. ed. CONACYT, México, Pág. 18-22, 79-80, 83-84, 101-103.
9. SAVAGE: Op. Cit. Pág. 20-21.
10. KLEIN, Aaron: 1976, Los hilos de la vida. ed. UNIVERSITARIA DE BUENOS AIRES, Argentina, Pág. 203-208.
11. ARANA, Federico: Op. Cit. Pág. 77-82.
12. CLEARY Shaffer, Carol: 1982, La Evolución. Revista fusión nuclear. Vol. I, No. 5, enero-febrero. Pág. 36-47.

13. WILSON, A., Savich, V., y Waxson, L. 1974: "The importance of gene rearrangement in evolution: evidence from studies on rates of chromosomal, protein and anatomic evolution." Proceedings of the National Academy of Sciences of The United States. 71:3028-3030 (Agosto).
14. WILSON, A., Bush, Case, S. y King, M. 1975: "Social structuring of mammalian populations and rate of chromosomal evolution." Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States. 72:5061-5065 (Diciembre).
15. LEVIN, A., Wilson, A. 1976: "Rates of evolution in seed plants: net increase in diversity of chromosomal number and species number Through time." Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States 73:2086 (Junio).
16. BUSH, G.L., Case, S.M., Wilson, A.C. y Patton, J.L. 1977: "Rapid speciation and chromosomal evolution in mammals." Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States. 74:3942-3946 (Septiembre).
17. CLEARY, Shaffer, Carol: 1982, La Evolución, Revista fusión nuclear. Vol. I, No. 5, enero-febrero, Pág. 36-47.
18. LIMA de Faria. 1976: "The Chromosomal Field". Hereditas 83:1-22.
19. SEDAT, J. y Manuelidis, L. 1977: "A direct approach to the structure of eukariotic chromosomes." Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative

- tative Biology. 42:331-50.
20. DURRANT, A: 1961, The environmental induction of heritable change in *linum*. *Heredity*, 17-27.
 21. CLEARY, Shaffer, Carol: 1982, La Evolución, *Revista Fusión Nuclear*. Vol. I, No. 5, enero-febrero, Pág. 36-47.
 22. LABORIT, Henry: 1972, *Biología y estructura*, ed. Tiempo Nuevo, - Caracas, Pág. 59-67.
 23. VERNADSKY W.I.: 1944, Problems of Biogeochemistry, II Transactions of the Connecticut Academy of Arts and Sciences. Vol. 35, Pág. 483-517.
 24. HAMERMAN, W.: 1977 "The overlooked importance of Pasteur." *Fusión energy Foundation newsletter*. 2:4-26 (mayo).
 25. SCHROEDINGER, Erwin: *Qué es la vida, Lecturas universitarias*. - Antología de Biología, UNAM. Pág. 236-240.
 26. PRIGOGINE, Ilya: 1976, *La termodinámica de la vida, Biología molecular*, CONACYT, México, 207-209.
 27. CEREIJIDO, Marcelino: 1983, *Termodinámica y origen de la vida, Homenaje a Oparin*, Col. Correspondencia, UAM México, Pág. 100-103.
 28. SHAFFER Cleary Carol: 1982, *La Evolución. Revista Fusión Nuclear*. Vol. I, No. 5, enero-febrero, Pág. 36-47.
 29. ARAUJO, Delia: 1982, *La Asimetría y el futuro de la biología*. - *Revista Fusión Nuclear*, Vol. I, No. 5, enero-febrero, Pág. 58-59

30. MANUELIDIS L., Sedat J., Feder R; Soft x-ray Lithographic Studies of interfase cronones, Ann, NY Acad. Sci, 1980; 342: 304-25.

ABREVIATURAS

TEM - microscopía electrónica de transmisión.

SEM - microscopía electrónica de barrido,

HVEM - microscopía electrónica estereo de alto voltaje.

EM - microscopía electrónica