

Planeta vivo: El origen y la evolución temprana de la vida en la Tierra

Living planet: the origin and early evolution of life on Earth

CARLOS BRIONES LLORENTE

Laboratorio de Evolución Molecular. Centro de Astrobiología (CSIC-INTA, asociado al NASA Astrobiology Institute). Torrejón de Ardoz, Madrid

Resumen Nuestro planeta es, por lo que sabemos hasta la fecha, el único lugar del cosmos donde existen seres vivos. El estudio del origen y la evolución temprana de la vida en la Tierra es un campo de investigación interdisciplinar muy activo, que está logrando responder a algunas de las muchas incógnitas planteadas desde hace un siglo y medio, cuando Charles R. Darwin sugirió que toda la biodiversidad observada podría ser el resultado de la evolución a través del tiempo a partir de una única forma de vida. Los primeros resultados de la química prebiótica iniciaron en 1953 el estudio sobre el origen de la vida como una disciplina experimental. Actualmente estudiamos en los laboratorios distintas etapas evolutivas desde las primeras biomoléculas hasta esa especie ancestral, que denominamos LUCA, de la que derivamos todas las demás. Diversas evidencias experimentales apoyan la hipótesis del “Mundo RNA”, según la cual esa molécula fue anterior al DNA y a las proteínas y podría postularse como el punto de partida de la evolución darwiniana. En cualquier caso, muchas son las preguntas que aún debemos responder en la investigación sobre la emergencia de la vida en la Tierra... y quizá fuera de ella.

Palabras clave: Química prebiótica, superficies minerales, Mundo RNA, metabolismo, evolución, virus, células, astrobiología

Abstract *Our planet is, as far as we know, the only place in the universe where living beings exist. The study of the origin and early evolution of life on Earth is a very active, interdisciplinary research field. We are currently addressing some of the questions raised since, a century and a half ago, Charles R. Darwin suggested that the biodiversity observed could be the outcome of evolution from a single form of life. The first achievements of prebiotic chemistry initiated in 1953 the study of the origin of life as an experimental discipline. Nowadays, many laboratories investigate different evolutionary stages from the first biomolecules to LUCA, the common ancestor of all current species. Several experimental evidences support the “RNA World” hypothesis, which proposes that this molecule originated before DNA and proteins and that RNA could therefore represent the starting point of Darwinian evolution. In any case, there are still many open questions to be addressed in the study of the emergence of life on Earth and perhaps beyond.*

Keywords: *Prebiotic chemistry, mineral surfaces, RNA World, metabolism, evolution, virus, cell, astrobiology*

INTRODUCCIÓN

La Astrobiología es una ciencia joven en la que convergen distintos campos de la física, la química, la geología, la biología y la ingeniería. A través de esta aproximación interdisciplinar se trata de responder a distintas cuestiones relacionadas con el origen, evolución y presencia de la vida en el Universo. El origen de la vida es en sí mismo un tema de investigación

apasionante, que encierra preguntas complejas como cuándo ocurrió la transición de la materia inanimada a la viva, cómo se produjo ese salto cualitativo, si tuvo lugar en la Tierra o fuera de ella, y si el paso de la química a la biología puede haber sido un hecho frecuente en diferentes lugares del universo.

El mundo molecular anterior a las células no deja fósiles que puedan ser analizados para re-

construir el origen de la vida. Así, lo que hoy sabemos sobre aquella época de hace más de 3.500 millones de años es el resultado de las pruebas indirectas derivadas de dos aproximaciones complementarias. La primera línea de investigación es la denominada *bottom-up* o “de abajo hacia arriba”, y consiste en intentar llegar a la biología a partir de una química progresivamente más compleja. Para ello se sigue el camino iniciado por el famoso experimento de química prebiótica de Stanley L. Miller, con el que demostró que los aminoácidos que constituyen las proteínas podían obtenerse *abióticamente* a partir de los gases potencialmente presentes en la atmósfera terrestre primitiva (Miller, 1953).

La segunda vía es la conocida como *top-down* o “de arriba hacia abajo”, y se basa en la comparación de los genomas y metabolismos de los organismos actuales en busca de características comunes que pudieron existir en una especie celular de la que hemos derivado todas las demás, denominada “progenote” o LUCA –del inglés *Last Universal Common Ancestor*–. Podemos considerar que esta segunda aproximación fue iniciada por Charles R. Darwin hace un siglo y medio. En efecto, a pesar de que en esa época se desconocía la naturaleza del material genético y los mecanismos moleculares que operan en los seres vivos, tanto en el párrafo final de “El origen de las especies” (Darwin, 1859) como en la correspondencia que mantuvo con otros científicos de su época, Darwin ya sugirió que la biodiversidad que observaba podría ser el resultado de la evolución a través del tiempo a partir de una única forma de vida.

Para investigar sobre *el origen* resulta necesario, en primer lugar, definir de una forma operativa lo que entendemos por *vida*. A pesar de que todas las definiciones de vida resultan incompletas y cuestionables, una de las más utilizadas en investigación es la que ha propuesto el NASA Astrobiology Institute: “Un ser vivo es un sistema químico automantenido, que evoluciona como resultado de su interacción con el medio”. Esta definición incluye las características principales de la vida y engloba a todos los seres vivos celulares. No obstante esta definición –y oras muchas– deja a entidades replicativas acelulares muy relevantes en biología, como los virus y los viroides, en el límite entre lo vivo y lo no vivo. Una frontera, precisamente, muy interesante para investigar sobre el origen de la vida. Por otra parte, una cuestión adicional que debemos introducir es que en los seres vivos se distingue entre el fenotipo –las características visibles o cuantificables de los organismos, como su forma o el tipo de metabolismo que poseen– y el genotipo –la información genética que es responsable del fenotipo observado–.

LOS MATERIALES DE PARTIDA: LA QUÍMICA PREBIÓTICA Y LOS MUNDOS MINERALES

Desde la formación de la Tierra, hace aproximadamente 4.550 millones de años (Ma), hasta que hace entre 4.200 y 3.900 Ma aparecieron las primeras rocas sedimentarias, la actividad geológica de nuestro planeta, junto con el intenso bombardeo meteorítico al que estaba sometido, producía temperaturas y presiones incompatibles con la existencia de agua líquida. Por tanto, se considera que la vida difícilmente pudo originarse en la Tierra durante el eón *Hadeano*, hace más de 3.900 Ma. Un dato relevante es que el desbalance isotópico del carbono presente en rocas sedimentarias de 3.800 Ma encontradas en Isua, Groenlandia, podría indicar un sistema “biológico” de fijación de CO₂ (Mojzsis y col., 1996). Si esto fuera así, algún tipo de vida fotosintética se habría desarrollado en tan solo 100 Ma, un intervalo que varios autores consideran demasiado corto. En cualquier caso, se sabe que hace 3.500 Ma la vida ya existía, y además había dado lugar a una gran variedad de morfologías celulares y relaciones ecológicas. Esto lo podemos afirmar porque se han detectado y caracterizado microfósiles con esa antigüedad en los sílex de Apex –grupo Warrawoona, Australia Occidental– cuya morfología es compatible con la de las cianobacterias filamentosas actuales (Schopf y Packer, 1987). También en Warrawoona, y en rocas de la misma época, se han encontrado estromatolitos fósiles similares a las comunidades de especies unicelulares que forman actualmente los tapetes microbianos.

Con ello, la pregunta que surge es: ¿cómo se pudo pasar, en relativamente poco tiempo, de un planeta convulso e inhóspito a una vida plenamente establecida? Siguiendo la escuela de pensamiento iniciada por Darwin, Alexandr I. Oparin y John B. S. Haldane publicaron en los años 20 del siglo pasado sendas obras que trataron científicamente al problema del origen de la vida (Oparin, 1924; Haldane, 1929). Tres décadas después se produjo el siguiente hito fundamental: la primera aproximación *experimental* al origen de la vida. El experimento que inauguraría el campo de la química prebiótica fue realizado por Stanley L. Miller en el laboratorio de Harold Urey, y permitió demostrar que varios monómeros biológicos –incluidos los aminoácidos que constituyen las proteínas– podían obtenerse a partir de los gases provenientes del vulcanismo que formaban la atmósfera terrestre primitiva (Miller, 1953). Así, gracias al aporte de energía suministrado por descargas eléctricas, CH₄, NH₃, H₂O y H₂ reaccionaban para formar, en ausencia de cualquier actividad biológica, una mezcla de los monómeros esenciales para la vida que comenzó a denominarse “sopa prebiótica”. El éxito y popularidad de las diferentes variantes de este experimento fue enorme, sobre todo cuando se comprobó que el meteorito Murchison –una condri-

ta carbonácea caída en Victoria, Australia, en 1969– contenía entre su materia orgánica los aminoácidos que Miller había sintetizado en el laboratorio. No obstante, se ha demostrado que si la atmósfera primitiva no era tan reductora, y en concreto contenía CO o CO₂, la eficiencia de la síntesis de aminoácidos en “experimentos tipo Miller” disminuye notablemente. Por tanto, hoy en día el papel de este proceso en el origen de la vida se cuestiona en función de las discrepancias existentes en los modelos de atmósfera primitiva.

En la década siguiente, otro experimento relevante de química prebiótica permitió al español Joan Oró sintetizar abióticamente la adenina, una de las cuatro bases nitrogenadas que forman los nucleótidos –monómeros de los dos ácidos nucleicos naturales, DNA y RNA–. Desde entonces, diferentes líneas de investigación han llevado a obtener gran cantidad de moléculas pequeñas y bio-monómeros a partir de precursores químicos sencillos. En muchos de estos experimentos ha sido imprescindible contar con catalizadores inorgánicos en el proceso, desde iones metálicos en disolución hasta las superficies de distintos minerales o rocas. Con ello se ha puesto de manifiesto a necesidad de realizar abordajes experimentales en la intersección entre la geología, la química inorgánica y la bioquímica. En una de estas líneas de trabajo se ha demostrado que filosilicatos como la montmorillonita permiten catalizar la formación de cadenas de RNA de hasta 50 nucleótidos de longitud a partir de precursores monoméricos activados (Huang y Ferris, 2006).

La relevancia de la montmorillonita –y en menor medida de la mica y la piritita– para la aparición de las macromoléculas biológicas enlaza los trabajos actuales con la hipótesis de Graham Cairns-Smith en los años 60 sobre un *Mundo de arcilla*. En él, un cierto tipo de “herencia” primitiva anterior al material genético podría haber estado basada en la transmisión, durante su crecimiento, de las irregularidades presentes en cristales de silicatos (Cairns-Smith, 1965). En este contexto, también resultan relevantes los trabajos de Gunter Wächtershäuser sobre el *Mundo de hierro y azufre*, en el cual las superficies de piritita y otros sulfuros metálicos pudieron catalizar la polimerización de péptidos a partir de aminoácidos, y además haber albergado alguna forma de metabolismo primitivo (Wächtershäuser, 1988).

EL ORIGEN DE LA VIDA: MUNDO RNA Y MUNDOS PRE-RNA

A pesar de los éxitos experimentales obtenidos en el ámbito de la química prebiótica, desde la síntesis de los primeros monómeros o bio-polímeros cortos hasta el origen del primer sistema que pudiera ser definido como un “ser vivo” hubo de recorrerse un largo camino. Durante las últimas décadas se

ha trabajado intensamente para intentar entender cómo pudo ser la evolución que llevó de las primeras moléculas biológicas a LUCA, es decir, desde las raíces del árbol de la vida hasta ese punto de su tronco en que se separaron las ramas que han originado toda la biodiversidad actual. A lo largo del tronco común de la vida debieron producirse varios procesos, cada uno de los cuales constituye un importante reto científico: el final de la síntesis de monómeros biológicos, la elección de la quiralidad, el origen de las membranas biológicas, la aparición de la primera población de moléculas capaces de auto-replicarse, el establecimiento del código genético, la construcción de redes metabólicas, o la progresiva formación de un genoma suficientemente complejo como para permitir la evolución de una “célula mínima” viable.

En este campo existe una paradoja central que resulta difícil de resolver. En todas las células actuales, la información genética está almacenada en el DNA, el flujo de información genética se produce en sentido DNA→RNA→Proteína, y la mayor parte del metabolismo y funciones celulares la realizan las proteínas. Las proteínas están codificadas por el DNA, y a su vez la replicación del DNA no puede llevarse a cabo sin proteínas con actividad “DNA polimerasa” (Figura 1). Entonces, ¿qué apareció primero, el DNA o las proteínas? Esta era una pregunta sin respuesta hasta el comienzo de la década de 1980. Desde entonces, diferentes evidencias experimentales apuntan a que la primera macromolécula biológica no fue ninguna de esas dos, sino la que en la biología actual actúa como intermediaria en la expresión del mensaje genético: el RNA. La hipótesis del “Mundo RNA” (Gilbert, 1986) mantiene que antes de la aparición de las proteínas y el DNA, el RNA podría haber desempeñado tanto funciones catalíticas –como hacen en las células determinadas enzimas de

Fig. 1. Representación esquemática del flujo de información genética en los seres vivos. Los procesos que tienen lugar en las células se muestran con flechas continuas, mientras que los realizados sólo por ciertos virus se indican con trazo discontinuo. La replicación del DNA y del RNA, la transcripción y la retrotranscripción son catalizadas por proteínas con la correspondiente actividad enzimática, mientras que la traducción se realiza por complejos agregados de RNA y proteínas denominados ribosomas.

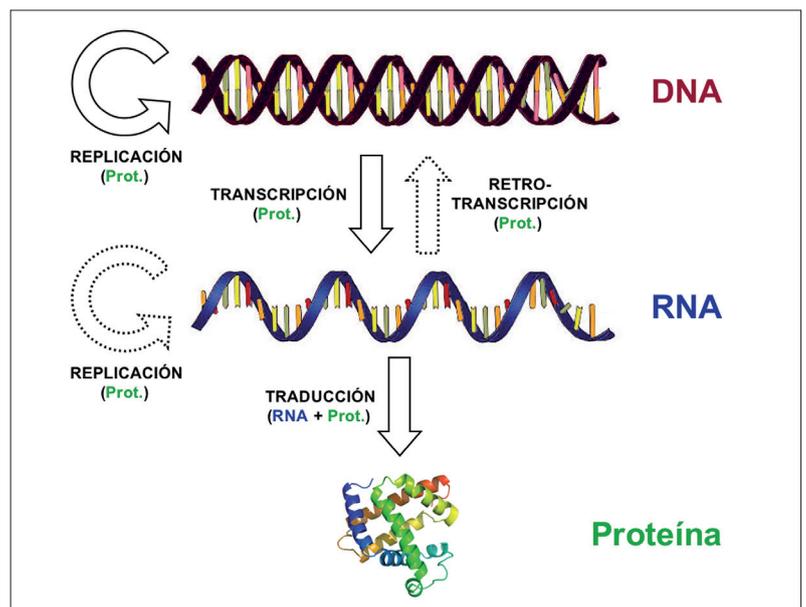
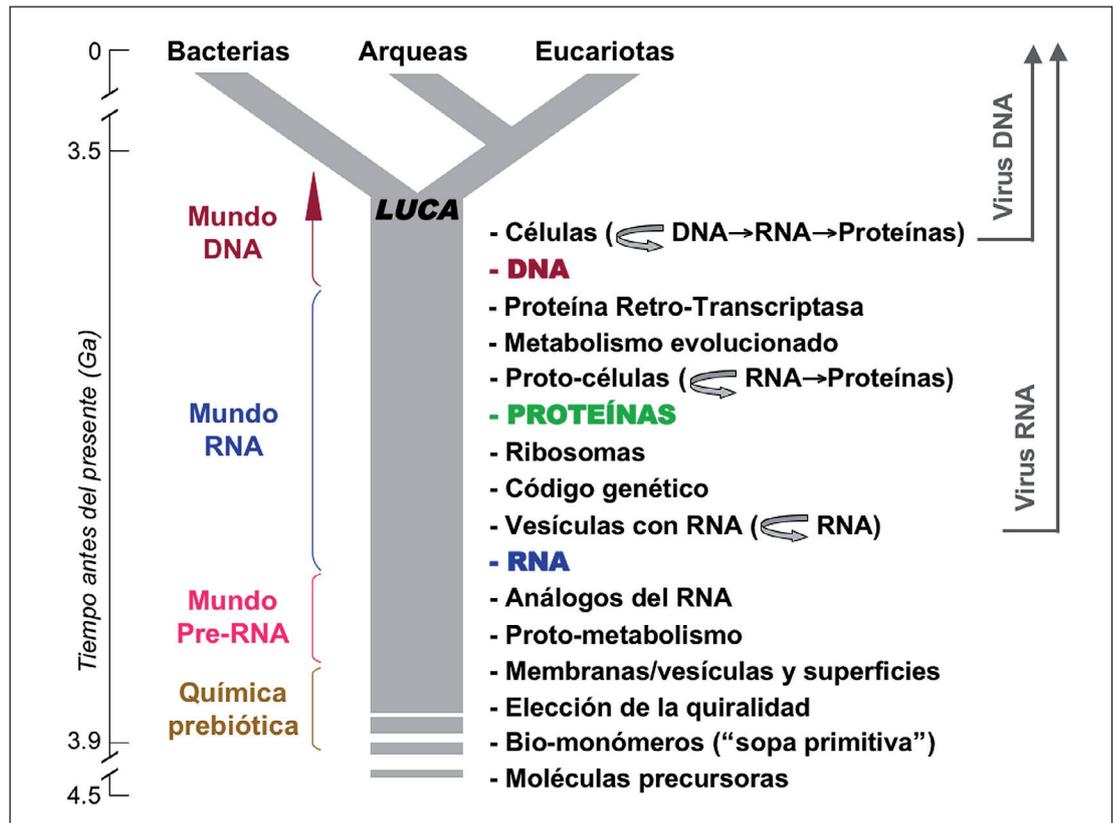


Fig. 2. Principales procesos que tuvieron lugar antes de la aparición de LUCA, según la hipótesis del “Mundo RNA”. Se muestran las distintas etapas evolutivas a lo largo del tronco común del árbol de la vida, así como los puntos en los que se podría situar el origen de los primeros virus con genoma de RNA y de DNA.



RNA llamadas “ribozimas”– como de archivo de información genética –tal como ocurre en muchos virus actuales incluido el de la gripe o el del sida–. Esto es posible porque el RNA es la única de las tres macromoléculas con suficiente versatilidad como para funcionar simultáneamente como genotipo y fenotipo, las dos caras de la moneda de la vida. De esta forma, el RNA habría sido anterior a las proteínas y al DNA (Figura 2), algo que resulta plausible cuando se examinan con detalle las características moleculares de los seres vivos actuales. No obstante ha de destacarse que, por el momento, no se ha logrado encontrar o sintetizar ninguna molécula de RNA capaz de replicarse a sí misma, y que por tanto pudiera postularse como sustrato –su secuencia– y agente –su actividad RNA polimerasa– de la evolución darwiniana.

Si el Mundo RNA fue realmente el protagonista de la evolución precelular, estaría caracterizado porque las ribozimas RNA polimerasas originaban copias de un RNA molde en las que aparecían muchos errores o mutaciones, debido a la ausencia de actividades correctoras de pruebas en tales replicasas primitivas. La investigación con virus actuales cuyo genoma es de RNA nos está ayudando mucho a comprender cómo pudo ser la dinámica de esos primeros *replicones* capaces de evolucionar como respuesta a las presiones selectivas presentes en fases iniciales de la vida. Además, en los laboratorios de biología molecular se realizan experimentos de *evolución in vitro* con los cuales es posible simular el comportamiento de poblacio-

nes de moléculas de RNA y realizar en un período de pocas semanas procesos análogos a los que se produjeron en nuestro planeta a lo largo de millones de años (Joyce, 2002). Mediante evolución *in vitro* se ha logrado obtener moléculas artificiales de RNA con actividad RNA polimerasa aunque, como se señalaba en el párrafo anterior, todavía ninguna “RNA auto-replicasa” capaz de copiar por completo otra molécula molde con la misma secuencia que la del catalizador.

Además de este hecho, el modelo del Mundo RNA tiene otros problemas que resolver para poder proponerse como el punto de partida de la evolución biológica. Algunas de esas limitaciones del RNA como primer bio-polímero informativo están relacionados con su baja estabilidad en disolución, y con su rápida degradación a temperaturas elevadas. La trascendencia del primer punto disminuye si consideramos que un mundo RNA anterior a la aparición de las proteínas no podía estar amenazado por las enzimas degradadoras de RNA o “RNasas” que abundan en la actualidad. Sin embargo la labilidad del RNA a temperaturas elevadas sería un inconveniente si los primeros seres vivos aparecieron a temperaturas superiores a los 60°C, como mantienen los partidarios del “origen caliente” de la vida (Stetter y col., 2006).

Por otra parte, la baja eficiencia en la síntesis abiótica de la ribosa –el azúcar que junto con un grupo fosfato y una base nitrogenada constituye cada ribonucleótido del RNA (Figura 3)– parecía otra limitación insalvable, hasta que recientemente

se ha descrito un sistema alternativo para obtener los monómeros del RNA a partir de un único precursor sencillo (Powner y col., 2009). Otro problema tiene que ver con el hecho de que mediante polimerización abiótica sobre arcillas, o en sistemas que contienen lípidos, se han obtenido oligómeros de RNA de hasta 40-50 nucleótidos, mientras que las ribozimas más sencillas con capacidad RNA polimerasa seleccionadas mediante evolución in vitro son relativamente complejas y tienen 180 nt de longitud. Como un posible mecanismo que medie en ese “salto evolutivo” necesario para el origen del Mundo RNA se ha desarrollado un modelo de evolución modular basado en la unión o ligación inicial de moléculas cortas y de secuencia aleatoria de RNA. Mediante este mecanismo se permitiría la progresiva adición de módulos funcionales de RNA a una molécula progresivamente más larga y compleja que llegaría a adquirir actividad RNA polimerasa (Briones y col., 2009).

En paralelo, ante las aparentes limitaciones del RNA como primera macromolécula capaz de portar información heredable, y dado que el DNA probablemente surgió con posterioridad a él, durante las últimas décadas una línea de investigación importante en química orgánica y bioquímica ha sido la síntesis de análogos de los ácidos nucleicos naturales. Entre estos polímeros, resultarán relevantes para el origen de la vida los que sean más estables que el DNA y el RNA, y que además estén formados por monómeros más fácilmente sintetizables que los nucleótidos en condiciones prebióticas. En algunos de ellos el esqueleto azúcar-fosfato del RNA y del DNA se ha sustituido por polímeros de glicerol o de ciertos azúcares más pequeños que las pentosas. Otro análogo muy investigado desde que se sintetizó a principios de la década de 1990 es el denominado ácido nucleico peptídico o “PNA”, que posee un esqueleto longitudinal parecido al de las proteínas del cual sobresalen las bases nitrogenadas en la conformación adecuada para interactuar específicamente con los ácidos nucleicos naturales (Figura 3).

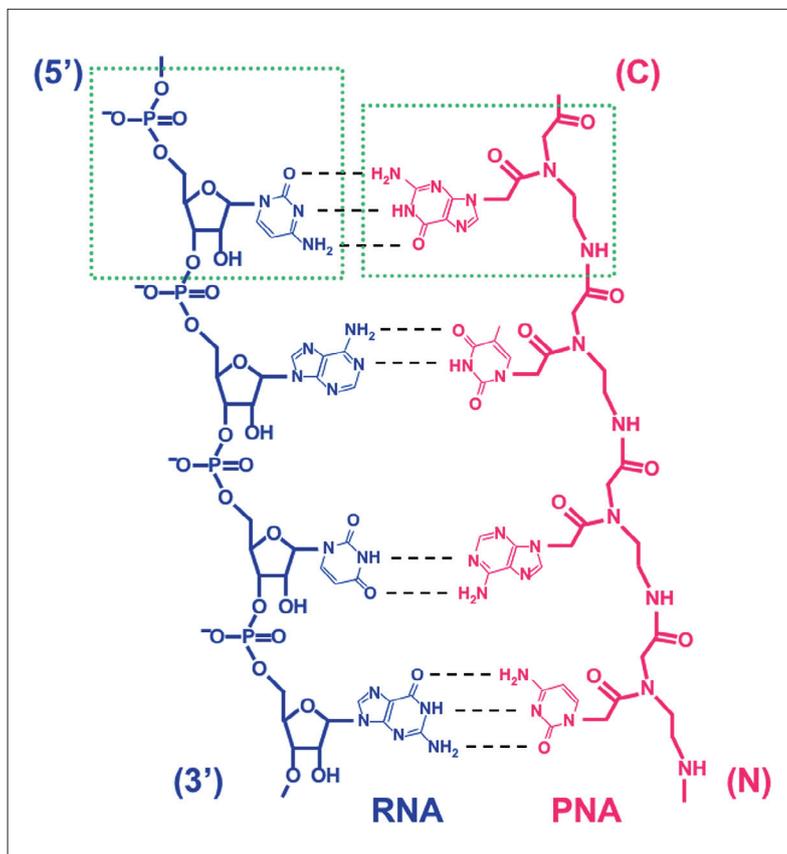
Por tanto, tal vez algún polímero informativo similar al PNA u otros análogos protagonizó un “Mundo pre-RNA” capaz de resistir las rigurosas presiones selectivas de hace unos 3.800 Ma, y posteriormente transferir al RNA la información seleccionada hasta entonces (Joyce, 2002; Delaye y Lazcano, 2005). Al igual que en otras etapas del camino hacia la vida, en el ámbito de los análogos de ácidos nucleicos es tentador pensar en distintos *orígenes* más o menos simultáneos de otras tantas moléculas con información heredable. No obstante, ha de recordarse que ninguno de estos posibles polímeros pre-RNA prevalece en la biología actual, por lo que se asume que su declive ya se había producido mucho antes de la aparición de LUCA.

LOS COMPARTIMENTOS Y EL METABOLISMO

Como ya demostró C.R. Darwin, la vida conlleva evolución. El genetista Theodosius Dobzhansky sintetizó este hecho en el enunciado que da título a uno de sus trabajos: “Nada en biología tiene sentido si no es a la luz de la evolución” (Dobzhansky, 1973). Tal evidencia sólo la cuestionan hoy en día los partidarios del creacionismo o “diseño inteligente”, con prejuicios basados en sus propias creencias y no en argumento científico alguno. Así, el origen de la vida debió suponer también el punto de partida de la evolución. Y, tal como hemos indicado, quizá el RNA fue la primera molécula capaz de evolucionar. Pero, para intentar entender el origen de la vida y de la evolución, necesitamos dos ingredientes adicionales, tan necesarios como la replicación de una molécula informativa: la existencia de un compartimento capaz de diferenciar el individuo de su entorno, y la disponibilidad de un metabolismo gracias al cual el “ser vivo” intercambiaría materia y energía con el medio.

La vida actual está siempre compartimentada, y es sabido que la célula constituye la unidad estructural y funcional de los organismos. Así, asumimos que ya en las primeras etapas de la vida algún tipo de compartimento debió permitir la individualización de la entidad capaz de evolucionar frente al medio en el que lo hacía. Esto permitiría un comportamiento termodinámico muy diferente dentro del ser vivo –en el cual la materia se ordenaba y la

Fig. 3: Representación esquemática del RNA y el PNA, mostrando su capacidad para interactuar específicamente a través de puentes de hidrógeno entre sus bases nitrogenadas. Se señala un monómero de cada uno de los polímeros: un ribonucleótido del RNA –que se une a sus vecinos mediante enlaces éster-fosfato– y una unidad de N-(2-aminoetil)glicina del PNA –que se enlaza mediante enlaces peptídicos a los monómeros contiguos–.



entropía descendía– y en su entorno. Además, la existencia de un compartimento evitaba la dilución de las biomoléculas de esa proto-célula en el medio, con lo que se mejoraban los parámetros cinéticos y se garantizaba el mantenimiento de la red de interacciones químicas necesarias para la supervivencia del sistema replicativo.

La compartimentación de los sistemas químicos progresivamente más complejos pudo lograrse gracias a la existencia de microambientes en la superficie o el interior de determinados minerales o rocas. En este sentido, resulta sugerente la propuesta de un sistema de compartimentos minerales formados por sulfuros de hierro y asociados a las surgencias hidrotermales submarinas, que podrían haber albergado las reacciones metabólicas necesarias para las primeras etapas de la evolución precelular (Martin y Rusell, 2003).

Alternativamente, los primeros compartimentos pudieron estar formados por sustancias anfífilas, que en un medio acuoso originarían espontáneamente vesículas capaces de encerrar al sistema evolutivo tal como ocurre en la biosfera actual con los lípidos que forman las membranas biológicas. Moléculas más simples que los lípidos de nuestras membranas, como por ejemplo ciertos ácidos grasos de cadena corta, se han propuesto como candidatos plausibles para formar las primeras bicapas y vesículas (Segré y col., 2001). La existencia de una membrana –en la cual podrían insertarse algunas moléculas capaces de aumentar su permeabilidad, como péptidos cortos de secuencia aleatoria– permitiría el intercambio de sustancias entre el ser vivo y su entorno, y con ello la aparición de los primeros gradientes moleculares utilizables para la producción de energía química.

Un sistema semipermeable de separación entre el ser vivo y su entorno lleva consigo, por tanto, la posibilidad de acoplar los flujos de materia con sistemas de obtención de energía (Mitchell, 1961). Se permitiría así el establecimiento de un proto-metabolismo capaz de garantizar la viabilidad y autonomía del sistema evolutivo. De hecho, la propia replicación de una molécula informativa como el RNA requiere de algún tipo de metabolismo basal que garantice el aporte constante hacia el interior del compartimento de los ribonucleótidos necesarios para que actuara la hipotética ribozima RNA-polimerasa de la que hablábamos en el apartado anterior. La aparición de las primeras rutas metabólicas en las que se asociaran funcionalmente distintas reacciones químicas iría haciendo progresivamente más compleja y robusta la red de interacciones necesarias para extraer energía de los distintos tipos de moléculas presentes en el medio, y también para garantizar la disponibilidad de monómeros requeridos en el mantenimiento del flujo de la información genética (Shapiro, 2007).

Durante décadas, una profunda controversia ha mantenido separadas dos escuelas científicas en el

ámbito del origen de la vida: los partidarios de la “replicación temprana”, con el modelo del Mundo RNA como bandera, y los que postulaban un “metabolismo primordial” anterior a la evolución de moléculas con información heredable. Afortunadamente, en los últimos años se está produciendo la esperada síntesis entre ambas aproximaciones, y actualmente se investiga con vesículas que contienen moléculas de RNA y poseen potencialidad para ser metabólicamente viables (Ricardo y Szostak, 2009).

LUCA Y LA EVOLUCIÓN DE LOS PRIMEROS ORGANISMOS

Si pudiéramos trazar la genealogía de todas las especies que constituyen la biodiversidad actual comprobaríamos que la totalidad de los seres vivos compartimos el primero de nuestros ancestros: LUCA. Aunque nunca podremos conocer a LUCA en detalle, sí sabemos que esa especie era un microorganismo con membrana lipídica y sin núcleo definido. En ella ya se había establecido el sentido del flujo de información genética como DNA→RNA→Proteína, y su metabolismo central era el mismo que compartimos todos los organismos actuales.

La existencia de nuestro antepasado común se demostró gracias a la comparación de la secuencia de nucleótidos de determinados genes –fundamentalmente, el que codifica el RNA de la subunidad menor de los ribosomas– en todas las especies conocidas (Woese y col., 1990; Pace, 1997). Esta metodología, que fue posible hace sólo tres décadas gracias a los avances producidos en la secuenciación automática de ácidos nucleicos, permitió determinar sin ningún género de dudas que todos los organismos compartimos ese ancestro común sugerido por Darwin, a partir del cual hemos evolucionado en tres grandes ramas diferentes correspondientes a los grandes dominios filogenéticos actuales: Bacteria, Archaea y Eukarya (Figura 4).

Bacterias y arqueas son seres vivos unicelulares que carecen de núcleo definido y poseen organización de tipo “procariótico”. El dominio Eukarya engloba a todos los eucariotas: organismos unicelulares o pluricelulares cuya información genética está almacenada en un núcleo celular diferenciado, y que en general poseen un complejo sistema de membranas y orgánulos especializados. Hoy en día se asume que el núcleo eucariótico se originó por internalización de una arquea dentro de una bacteria. Por su parte, el origen de las mitocondrias –orgánulos fundamentales para el metabolismo presentes en prácticamente todos los eucariotas– y los cloroplastos –orgánulos fotosintéticos de plantas y algas– se debió a eventos posteriores de “endosimbiosis” de distintos tipos de bacterias en el citoplasma eucariótico (Margulis y Chapman, 1998).

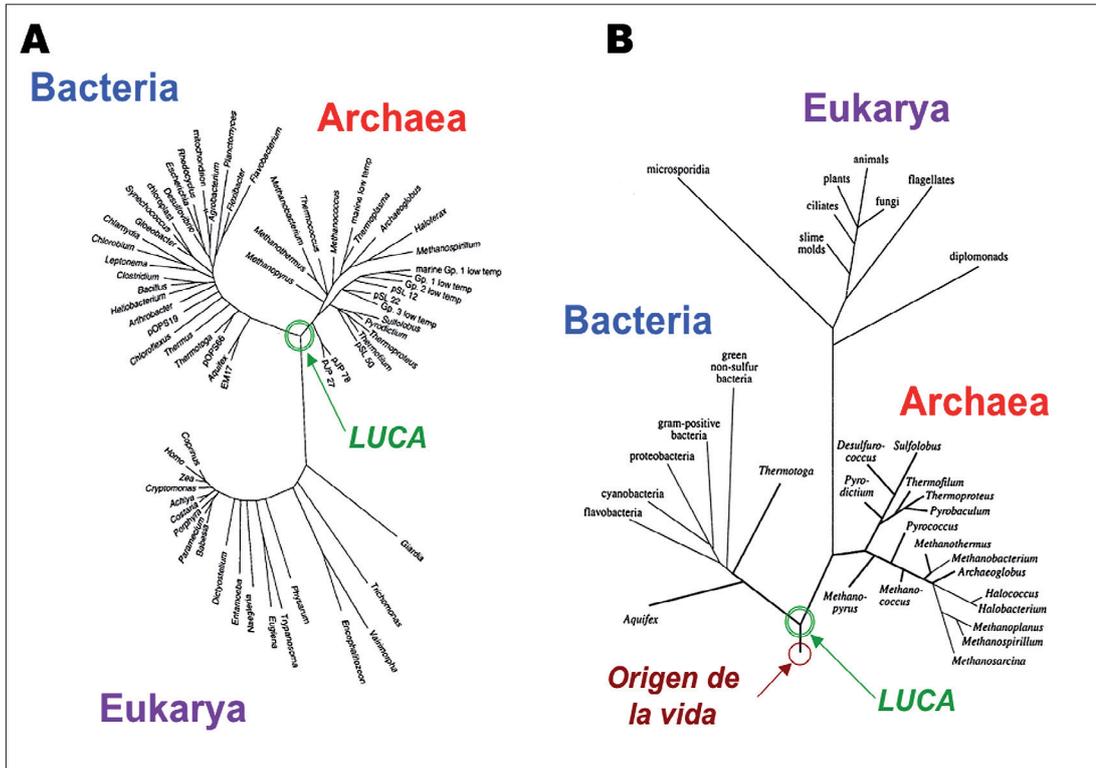


Fig. 4. Dos ejemplos del árbol filogenético universal de los organismos celulares. **A:** Árbol sin raíz obtenido por comparación de secuencias del RNA ribosomal de la subunidad menor, en el que se muestra la división de los seres vivos en tres dominios que radian desde LUCA (basado en Pace, 1997). **B:** Una de las tres posibles topologías del árbol filogenético con raíz, que sugiere que la evolución a partir de LUCA habría dado lugar a las Bacterias por un lado, y por otro a un ancestro común de Eucariotas y Arqueas del que ambos dominios divergirían posteriormente. En este esquema se muestra con trazo más grueso las ramas que llevan a los organismos hipertermófilos, lo que para sus autores es indicativo de un “origen caliente” de la vida (basado en Stetter y col., 2006).

La división en tres dominios, basada en el genotipo de los organismos, puede superponerse a la clasificación tradicional basada en el fenotipo, que distingue cinco reinos. Así, los dominios Bacteria y Archaea corresponden a grupos muy diferentes genéticamente dentro del reino *Monera* –los todavía conocidos como “procariontes”– mientras que el dominio Eukarya engloba a los reinos *Protoctista* –eucariotas unicelulares–, *Fungi*, *Plantae* y *Animalia*. Hongos, plantas y animales constituyen la llamada “corona terminal” de los eucariotas, y los árboles filogenéticos muestran que todas las especies de estos tres reinos nos encontramos genéticamente muy próximas, en el contexto del árbol de la vida global (Figura 4). Evidentemente, situarnos en la corona terminal no implica que *Homo sapiens* u otra especie de animales, plantas u hongos esté “más evolucionada” que las demás, dado que cualquier eucariota, bacteria o arquea, es el resultado de una historia evolutiva que comenzó hace algo más de 3.500 Ma.

EN BUSCA DE VIDA FUERA DE LA TIERRA

Como se ha mostrado en los apartados anteriores, distintas líneas de investigación interdisciplinar nos están permitiendo avanzar hacia el origen de la vida, y también hacia la comprensión de los mecanismos evolutivos implicados en la adaptación de los seres vivos a las condiciones presentes en diferentes entornos de nuestro planeta. En este sentido ha resultado fundamental el descubrimiento y caracterización de microorganismos *extremófilos*,

que viven en condiciones físico-químicas muy alejadas de las que tradicionalmente se consideraban “normales”. Hoy en día sabemos que casi independientemente de su temperatura, presión, salinidad, grado de acidez o dosis de radiación, en cualquier lugar de la Tierra en el que exista un mínimo de agua líquida y una fuente de energía utilizable –luz visible, compuestos orgánicos reducidos, o ciertos minerales oxidables como la pirita– los seres vivos pueden desarrollarse. Este hecho resulta decisivo para estudiar la capacidad de adaptación de la vida, y también para plantear la búsqueda de seres vivos fuera de nuestro planeta. Así, la Astrobiología tiene como uno de sus objetivos la búsqueda de vida en lugares con condiciones realmente extremas: los planetas Marte y Venus –con los que compartimos la teórica “banda de habitabilidad” del Sistema Solar–, los satélites Europa y Titán... e incluso algunos planetas fuera de nuestro Sistema Solar en los que se está detectando la presencia de agua.

Por tanto, gracias al creciente conocimiento sobre el origen, evolución y diversidad de la vida terrestre, en los laboratorios podemos diseñar instrumentos *biosensores* embarcables en misiones espaciales para buscar *biomarcadores* –señales de vida presente o pasada– en otros cuerpos del Sistema Solar. Si la vida existe en entornos extraterrestres actualmente, o si dejó huellas moleculares reconocibles a pesar de haberse extinguido en el pasado, los biosensores podrían ser capaces de detectarla e incluso analizar hasta qué punto se parece a la que conocemos en la Tierra. El hipotético descubrimiento fuera de nuestro planeta de un segundo ejemplo de “vida” nos permitiría avanzar hacia una de las cuestiones más tras-

cendentales que están implícitas en el estudio del origen: ¿la emergencia de la vida puede ser un hecho frecuente en los lugares cuyas condiciones físico-químicas lo permiten? O, expresado de otra forma: ¿habitamos en uno de los muchos “planetas vivos” que existen en el Universo?

BIBLIOGRAFÍA

Briones, C., Stich, M., Manrubia, S.C. (2009). The dawn of the RNA world: Toward functional complexity through ligation of random RNA oligomers. *RNA*, 15, 743-749.

Cairns-Smith, A.G. (1965). The origin of life and the nature of the primitive gene. *J. Theoret. Biol.*, 10, 53-88.

Darwin, C.R. *The origin of species by means of natural selection*, Londres, John Murray, 1859. [Versión reciente en español: C. R. Darwin, *El origen de las especies*, Espasa Calpe, Madrid, 2009]

Delaye, L., Lazcano, A. (2005). Prebiological evolution and the physics of the origin of life. *Phys. Life Rev.*, 2, 47-64.

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

Gilbert, W. (1986). Origin of life: The RNA world. *Nature*, 319, 618.

Haldane, J.B.S. (1929). The origin of life. *Rationalist Annual*, 148, 3-10.

Huang, W., Ferris, J.P. (2006). One-step, regioselective synthesis of up to 50-mers of RNA oligomers by montmorillonite catalysis. *J. Am. Chem. Soc.*, 128, 8914-8919.

Joyce, G.F. (2002). The antiquity of RNA-based evolution. *Nature*, 418, 214-221.

Martin, W., Russell, M.J. (2003). On the origins of cells: a hypothesis for the evolutionary transitions from abiotic geochemistry to chemoautotrophic prokaryotes, and from prokaryotes to nucleated cells. *Phil. Trans. R. Soc. Lond. B*, 358, 59-85.

Margulis, L., Chapman, M.J. (1998). Endosymbioses: cyclical and permanent in evolution. *Trends Microbiol.* 6: 342-346.

Miller, S.L. (1953). A production of amino acids under possible primitive Earth conditions. *Science*, 117, 528-529.

Mitchell, P. (1961). Coupling of phosphorylation to electron and hydrogen transfer by a chemi-osmotic type of mechanism. *Nature*, 191, 144-148.

Mojzsis, S.J., Arrhenius, G., McKeegan, K.D., Harrison, T.M., Nutman, A.P., Friend, C.R.L. (1996). Evidence for life on Earth before 3,800 million years ago. *Nature*, 384, 55-59.

Oparin, A.I. *Proskhodenie zhisni*, Moscovskii Rabotchii, Moscú, 1924. [Primera traducción al inglés: A.I. Oparin, *The origin of life*, MacMillan, New York, 1938; Versión en español: A.I. Oparin, *El origen de la vida*, Akal, Madrid, 1989]

Pace, N. (1997). A molecular view of microbial diversity and the biosphere. *Science*, 276, 734-740.

Powner, M.W., Gerland, B., Sutherland, J.D. (2009). Synthesis of activated pyrimidine ribonucleotides in prebiotically plausible conditions. *Nature*, 459, 239-242.

Ricardo, A., Szostak, J.W. (2009). El origen de la vida. *Investigación y Ciencia* 398: 38-46.

Segré, D., Ben-Eli, D., Deamer, D.W., Lancet, D. (2001). The lipid world. *Orig. Life Evol. Biosph.*, 31, 119-145.

Schopf, W., Packer, B.M. (1987). Early Archean (3.3-billion to 3.5-billion-year-old) microfossils from Warrawoona group, Australia. *Science*, 237, 70-73.

Shapiro, R. (2007). El origen de la vida. *Investigación y Ciencia*, 371, 18-25.

Stetter, K.O. (2006). Hyperthermophiles in the history of life. *Phil. Trans. R. Soc. Lond. B*, 361, 1837-1842.

Wächtershäuser, G. (1988). Before enzymes and templates: theory of surface metabolism. *Microbiol. Rev.*, 52, 452-484.

Woese, C.R., Kandler, O., Wheelis, M.L. (1990). Towards a natural system of organisms: Proposal for the domains Archaea, Bacteria and Eucarya. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 87, 4576-4579. ■

Este artículo fue solicitado desde E.C.T. el día 12 de enero de 2010 y aceptado definitivamente para su publicación el 1 de junio de 2010.