

El Último Ancestro Común*

Antonio Lazcano Araujo

*Facultad de Ciencias, Universidad
Nacional Autónoma de México,
E-mail: alar@hp.fciencias.unam.mx*

1. Introducción

Aunque Charles Darwin afirmó en 1859 *"es probable que todos los seres vivos que hay en la Tierra desciendan de un mismo ancestro"*, no dió muchos detalles sobre cuáles podrían ser las características de ese ancestro cuya existencia era necesario reconocer como parte de su esquema evolutivo.

Uno de los primeros en emprender esta tarea fue Ernst Haeckel, un naturalista alemán cuya devoción por la obra de Darwin corría paralela a su preocupación por romper con el esquema taxonómico tradicional que dividía a los seres vivos en plantas y animales. Convencido de que los microorganismos formaban un grupo aparte de donde habían surgido tanto el Reino Animal como el Vegetal, Haeckel no sólo formalizó en 1866 su propuesta de un tercer reino, el de los Protista (cuyas fronteras, hay que decirlo, modificó varias veces a lo largo de su carrera, pero siempre dejando dentro a las bacterias) sino que también afirmó que los ancestros de plantas y animales habían sido microorganismos como las euglenas, pequeños protistas que en presencia de la luz llevan a cabo la fotosíntesis y en la obscuridad son heterótrofas (Figura 1); es decir, se comportan a veces como plantas, a veces como animales.

* Fuente: <http://www.biblioweb.tic.unam.mx/libros/microbios/Cap22/>

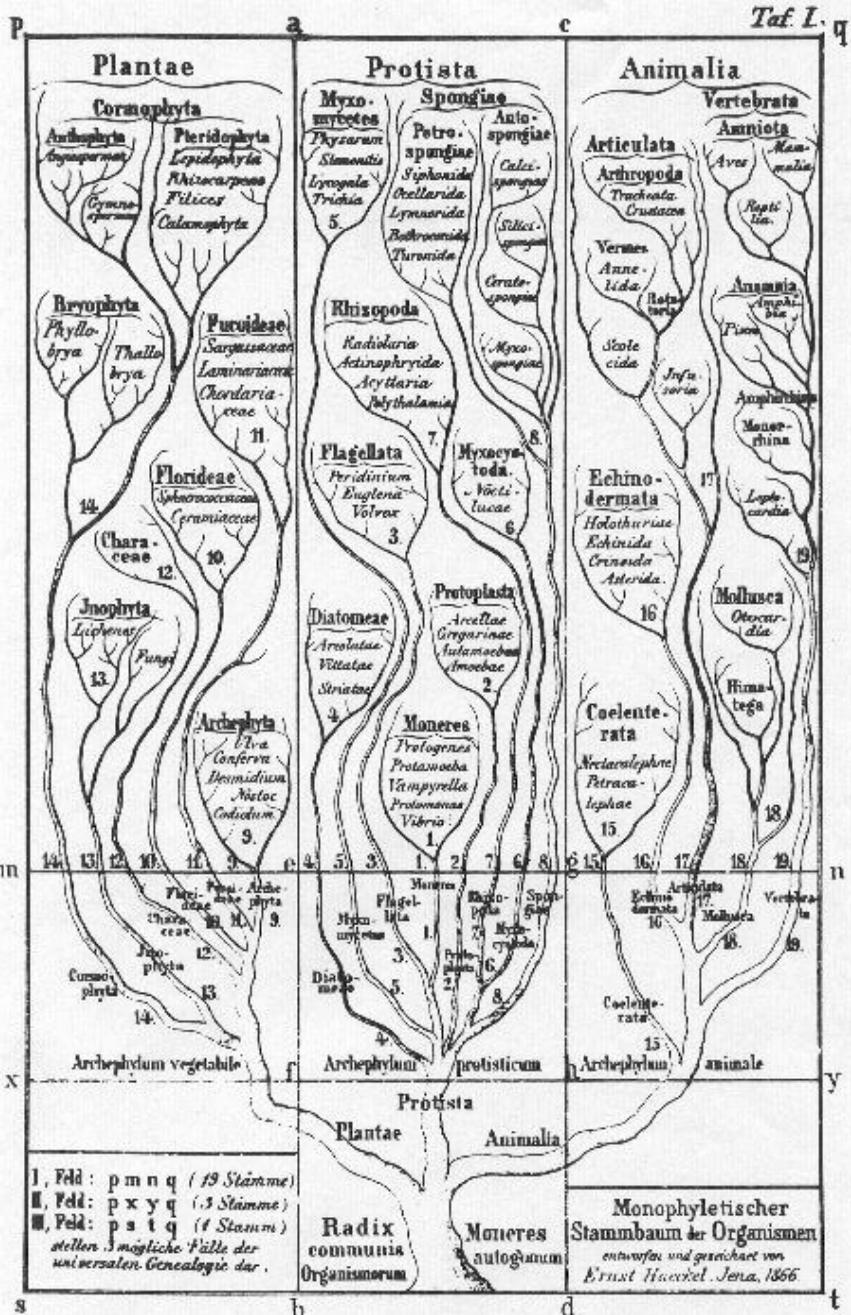


Figura 1 Árbol evolutivo de Ernst Haeckel

No fue sino hasta 1925 cuando Edouard Chatton, un microbiólogo francés que unía a su profundo conocimiento de los protistas una sensibilidad considerable hacia los estudios de la bioquímica, comenzó a hablar de las bacterias y cianobacterias como grupo particular de microorganismos, al que llamó protistas procariontes, y que separó de las algas, los protistas y los hongos, a los que bautizó como protistas eucariontes. Atrás de la nomenclatura que propuso Chatton, que muy pronto se simplificó, subyacía una barrera biológica mucho más profunda que la que separa a las plantas de los animales o a los microbios de los organismos visibles a simple vista: los procariontes, que se definen como aquéllos organismos que carecen de núcleo, y los eucariontes, que presentan al menos una membrana nuclear bien definida (Figura 2) (Margulis y Schwartz, 1985).

¿De dónde surgieron las dos clases de organismos? Al igual que Haeckel, muchos biólogos suponían que los procariontes eran los organismos más antiguos, pero no fue sino hasta 1967 cuando Lynn Margulis propuso que las células eucariontes eran en realidad minúsculas comunidades microbianas que habían resultado de una serie de eventos endosimbióticos, es decir, que las células nucleadas habían sido precedidas por procariontes que luego se asociaron simbióticamente.

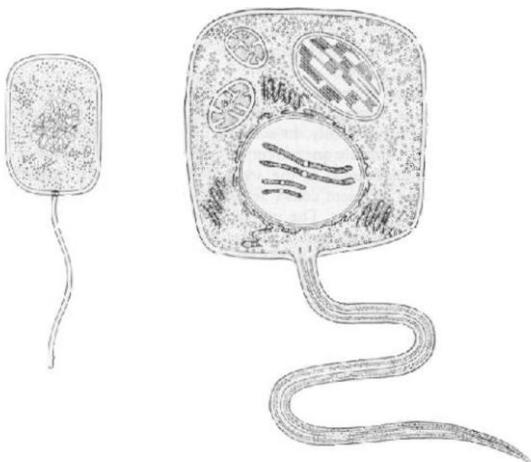


Fig. 2. Procariontes y eucariontes

Aunque la idea de que mitocondrias y cloroplastos eran descendientes de bacterias de vida libre había circulado en algunos medios científicos desde finales del siglo XIX, Margulis (1993) no sólo revivió en forma independiente la teoría endosimbiótica, sino que la articuló y apoyó con una serie de evidencias morfológicas, bioquímicas, genéticas e incluso geológicas tan contundentes, que sus puntos de vista termina-

ron por ser aceptados incluso por sus críticos más severos.

Cuando Margulis propuso por primera vez su teoría endosimbiótica no estaba clara la naturaleza biológica del hospedero que había alojado a las bacterias que luego se convirtieron en mitocondrias, cloroplastos y undulipodia, es decir, no se tenía una idea precisa sobre el origen del nucleocitoplasma. Los micoplasma, que son parásitos que carecen de pared celular, parecían ser buenos candidatos, debido a que su metabolismo es estrictamente fermentativo (como es el del citoplasma eucarionte), ya que la ausencia de pared hubiera facilitado el ingreso de los endosimbiontes.

La idea de la endosimbiosis fue ganando cada vez más adeptos, y muy pronto se convirtió en una de las bases de la clasificación de los seres vivos en cinco grandes reinos. Así, a pesar de que para entonces era cada vez más evidente la existencia de algunas diferencias en los procesos de replicación y expresión genética entre los procariontes y los eucariontes, hacia mediados de la década de los 1970's la mayoría de los biólogos pensaban que todos los componentes de las células nucleadas provenían de un mismo linaje bacteriano (Figura 3). Como veremos más adelante, el estudio de la estructura y evolución de los ribosomas cambió radicalmente ésta situación, abriendo un debate cuyo final no es fácil adivinar.

II. Los grandes linajes celulares

En 1904 George H. F. Nutall, un destacado fisiólogo británico de origen estadounidense publicó un libro en donde resumía años de trabajo durante los cuales había comparado las reacciones inmunológicas entre los sueros sanguíneos de distintas especies animales, con el propósito de construir árboles evolutivos basados no en información paleontológica o anatómica sino molecular. Sin embargo, no fue sino hasta 1965 cuando Emile Zuckerkandl y Linus Pauling publicaron un trabajo en donde describían con todo cuidado cómo la comparación de secuencias de aminoácidos o de nucleótidos permitía no sólo la construcción de filogenias moleculares, sino también datar los procesos de especiación incluso en ausencia de información paleontológica.

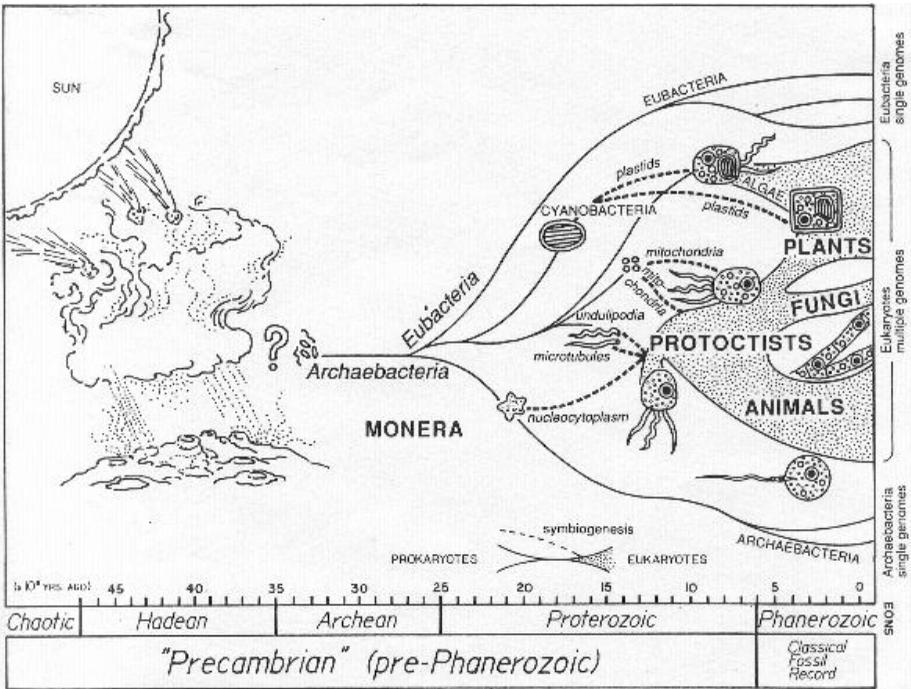


Fig. 3 De la sopa primitiva a los cinco reinos

Durante cerca de diez años este enfoque permitió no solamente comparar proteínas como las hemoglobinas, el citocromo C, las ferredoxinas y otras más, sino también construir árboles evolutivos que podían incluir organismos tan distintos entre sí como las bacterias, los hongos y los mamíferos marinos, lo cual hubiera sido imposible con los criterios morfológicos tradicionales.

En 1977 Carl R. Woese y algunos de sus colaboradores de la Universidad de Illinois, en los EEUU, publicaron un trabajo que resumía el resultado de las comparaciones de fragmentos del ARN de la subunidad pequeña de los ribosomas de diez especies de metanógenas, pequeños procariontes estrictamente anaerobios y sin citocromos que, como su nombre lo indica, liberan metano como resultado de un proceso quimiosintético que les permite formar compuestos orgánicos a partir de dióxido de carbono. Al fragmentar el ARN ribosomal de las metanógenas con enzimas que partían la molécula y comparar los trozos resultantes con los de *Bacillus*, enterobacterias, y cianobacterias (que

son tres tipos de bacterias bastante distantes entre sí) el grupo de Woese descubrió, para su sorpresa, que la distancia evolutiva entre estos tres grupos de bacterias era mínima respecto a la que las separaba del conjunto de las metanógenas. Es decir, la comparación de los fragmentos del ARN ribosomal permitía deducir la existencia de una divergencia biológica extraordinariamente antigua que dividía a los procariontes en dos grupos alejados entre sí. Pocos meses más tarde Woese y George E. Fox, otro de sus colaboradores, publicaron un trabajo adicional que no sólo confirmaba los resultados anteriores, sino que mostraba también cómo la comparación de los ARN ribosomales de distintos eucariontes (conocidos como ARNr 18s, por sus dimensiones) con los del ARNr 16S de las metanógenas, por una parte, y bacterias como *Escherichia coli* y *Bacillus firmus* por otra (Figura 4). Es decir, la comparación de los fragmentos del ARNr 16/18S mostraba que los organismos estudiados, lejos de dividirse en plantas y animales o en procariontes y eucariontes, en realidad se agrupaban en tres grandes linajes o reinos primarios que divergían de un ancestro común (Woese y Fox, 1977). ¿Qué ocurrió durante la historia temprana de la vida, que llevó a la separación de los seres vivos en éstos tres grandes líneas evolutivas? ¿Cómo conciliar éstos árboles evolutivos con los esquemas taxonómicos tradicionales? ¿Cuál era la naturaleza de los ancestros de estos tres grandes grupos de organismos? ¿Cuándo y dónde vivieron éstos ancestros?

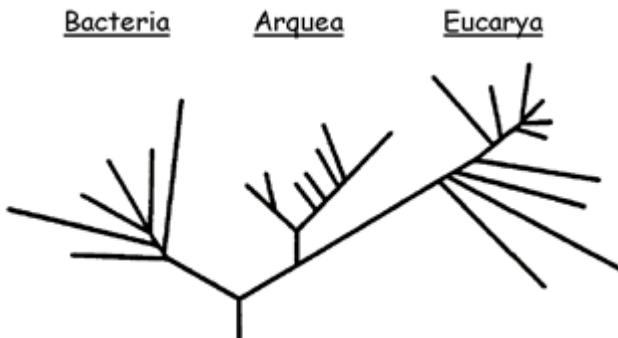


Fig. 4. Los tres linajes celulares

III. La búsqueda del progenote

Aunque al principio la mayoría de los microbiólogos pareció no prestar atención a los resultados obtenidos por el grupo de Woese, éste comenzó a estudiar otros procariontes extremófilos, como las halófilas, que viven en medios aerobios de una enorme salinidad, y otros como *Sulfolobus* y *Thermoplasma*, que viven a temperaturas elevadas y condiciones muy ácidas. El análisis del ARN ribosomal, que para entonces ya se podía llevar a cabo comparando con precisión y rapidez todos y cada uno de los monómeros que forman éstas moléculas, mostró que ambos grupos pertenecían al mismo linaje que las metanógenas (que fue bautizado como el grupo de las arqueobacterias, para distinguirlas de las procariontes con los que estamos familiarizados, o eubacterias) lo que vino a reforzar la hipótesis de que los seres vivos estaban divididos en tres grandes reinos primarios que habían divergido en épocas muy tempranas.

Como argumentaron Woese y Fox desde 1977, es evidente que aunque los tres linajes celulares están separados por una enorme distancia evolutiva, todos ellos provienen de un ancestro común --pero la existencia de diferencias nada desdeñables, por ejemplo, en las modificaciones que sufren las bases de los ARNr y ARNt en cada uno de estos tres linajes les llevó a sugerir que el ancestro común era una entidad mucho más simple que cualquier procarionte actual, en donde operaba una versión aún rudimentaria de la expresión de la información genética. Es decir, Woese y Fox supusieron que en el punto de la trifurcación de los tres linajes celulares había existido una entidad biológica hipotética a la que llamaron *progenote* y en la cual, a diferencia de lo que ocurre con los organismos contemporáneos, la separación evolutiva entre genotipo y fenotipo aún no se había completado del todo.

No era fácil aceptar esta idea. Es evidente que los organismos contemporáneos debieron haber sido precedidos por sistemas mucho más simples, pero la probabilidad de que el último ancestro común de las eubacteria, las arqueobacterias y el nucleocitoplasma de los eucariontes fuera un progenote resultaba difícil de conciliar con la complejidad de los procesos moleculares básicos de cada uno de los linajes. Por otro lado, aunque se pueden proponer esquemas evolutivos que con-

duzcan a la separación simultánea de tres o más linajes, los eventos de especiación suelen ser dicotómicos, es decir, de un grupo ancestral se derivan dos. Por último, el grupo de Wolfram Zillig, un biólogo molecular alemán, demostró mediante reacciones inmunológicas cruzadas no sólo que las ARN polimerasas de los eucariontes eran más parecidas en número y estructura a las de las arqueobacterias, que cualquiera de ellas a la de las eubacterias. Ello sugería la existencia de una afinidad evolutiva entre arqueobacterias y el nucleocitoplasma, es decir, que ambos provinieran de una misma rama. Sin embargo, el árbol de los ARNr 16/18S obtenido por Woese y Fox carece de raíz, es decir, no posee una polaridad que nos indique el orden temporal en que divergieron los tres linajes. En otras palabras, la representación gráfica de las relaciones entre las secuencias de los ARNr no permite deducir cuál de los tres fenotipos es el más antiguo.

La biología evolutiva es hija de la biología comparada. Es decir, la comparación de las diferencias y similitudes que existen entre los tres linajes permite, en principio, conocer no sólo la relación evolutiva que guardan entre ellos, sino también las características de su ancestro, al que Walter Fitch designó como *cenancestro*, un neologismo acuñado haciendo uso de un prefijo griego derivado de la palabra koiné, que quiere decir común. Aunque hace una década las bases de datos no poseían la riqueza de las de nuestros días poseían la información suficiente para intentar asomarse a los rasgos del último ancestro común a las arqueobacterias, eubacterias y eucariontes.

A pesar de las limitaciones de ésta metodología (y que incluyen, en forma destacada, el problema del transporte horizontal de genes), los resultados fueron notables: todo indicaba que el cenancestro poseía, entre otros,

- (a) un sistema de transcripción y traducción de tipo moderno, que incluía ribosomas con proteínas, factores de transcripción y una ARN polimerasa ADN-dependiente oligomérica;
- (b) metabolismo energético dependiente de ATPasas asociadas a membranas;
- (c) biosíntesis de aminoácidos, nucleótidos, y coenzimas; y
- (d) presencia de un genoma de ADN (Lazcano et al., 1992). Todo indica

que el último ancestro común a los tres linajes celulares (y, por lo tanto, a todos los seres vivos) tenía la complejidad equivalente a la de cualquier procarionte contemporáneo, y no era un progenote.

IV ¿Un ancestro hipertermófilo?

Un árbol evolutivo sin raíz, como el que resulta de la comparación de las secuencias de ribonucleótidos de los ARNr 16/18S, no permite ni deducir el orden temporal en que han ocurrido los cambios evolutivos, ni cuál de los tres linajes es el más antiguo. Estas preguntas pueden encontrar respuesta si se encuentra un organismo adicional que, por no pertenecer a ninguno de los tres linajes, se constituya en un grupo externo que permita deducir la polaridad de los procesos evolutivos. Sin embargo, todos los organismos conocidos pertenecen a alguno de los tres grandes reinos primarios, como los llamaron Woese y Fox, por lo cual no es posible establecer comparaciones con grupos externos.

La solución a este problema estaba disponible desde hace unos cuarenta años, cuando Margaret Dayhoff hizo notar que un árbol de genes se puede enraizar con sus homólogos siempre y cuando las secuencias que lo componen sean un subconjunto que haya resultado de una duplicación génica que haya tenido lugar antes de la divergencia de los componentes del árbol. Es decir, mientras que hay genes, a los que llamamos ortólogos, que han ido divergiendo como resultado de los procesos de especiación de los organismos que los portan (como ocurre, por ejemplo, con el citocromo C), otros más, llamados parálogos, divergen luego de una duplicación de genes que no coincide con un evento de especiación. Debido a que los genes del 16/18S ARN ribosomal son ortólogos, ninguno de ellos sirve como grupo externo para enraizar un árbol construido con estas secuencias. (En realidad, se conoce una excepción, los plasmodia, eucariontes unicelulares patógenos, pero la similitud entre las secuencias es tal que no permite resolver en detalle la posición de la raíz del árbol).

Sin embargo, hace más de diez años dos grupos de investigadores, uno estadounidense (Gogarten et al., 1989) y otro japonés (Iwabe et al., 1989) se percataron de manera independiente y simultánea que existían dos conjuntos de genes parálogos que eran el resultado de un proceso de duplicación y divergencia que se habían dado antes de la

separación del cenocastro en los tres grandes linajes. Estos genes parálogos son, por una parte, los de las dos subunidades hidrofílicas (α y β) de las ATPasas, que fueron estudiadas por Gogarten et al., y por otra los dos factores de elongación (EF-Tu y EF-G), que participan en la síntesis de proteínas y que fueron analizados por el grupo de Iwabe et al. (1989). Los árboles construidos con los dos tipos de secuencias de las ATPasas mostraban que las arqueobacterias y los eucariontes eran grupos hermanos, y lo mismo ocurre con las filogenias construidas con los factores de elongación. La consistencia entre ambos árboles permitía concluir que de los tres linajes celulares las bacterias eran el grupo más antiguo, mientras que los eucariontes y las arqueobacterias formaban una rama que mostraba su cercanía filogenética (Figura 5).

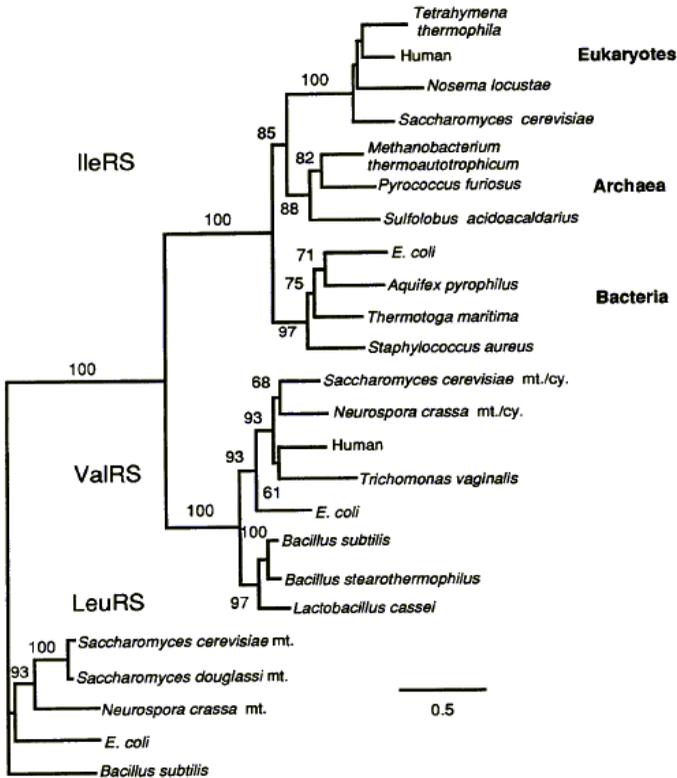


Fig 5 Un árbol universal enraizado con genes parálogos

Estos resultados, que corroboraban la relación entre el nucleocitoplasma, eucariontes y las arqueobacterias que Zillig y otros habían propuesto desde tiempo atrás, parecieron resolver el problema de la naturaleza del cenancestro: se trataba, claramente, de una eubacteria. Sin embargo, la disponibilidad de los árboles enraizados inauguró dos controversias igualmente estridentes sobre la evolución celular que persisten hasta nuestros días. Uno de estos debates tiene que ver con las grandes categorías taxonómicas en las que podemos agrupar a los seres vivos: si bien es cierto que la teoría endosimbiótica sobre el origen de los eucariontes permite reconstruir sin problema las fronteras que separan a los cinco grandes reinos de la vida según el esquema que propuso Whittaker y desarrollaron Margulis y Schwartz (1985), no era fácil conciliar esta visión de la biósfera con el esquema de los tres linajes celulares que se deduce del estudio del ARNr 16/18S.

Al aceptar el enraizamiento del árbol universal, Woese, Kandler y Wheelis (1990) decidieron abandonar las taxonomías tradicionales y adoptar una visión nueva que separaba a los seres vivos en tres grandes dominios: las Archaea (las arqueobacterias), las Bacteria (formado por las eubacterias), y los Eucarya (constituído por todos los organismos con células nucleadas). El trabajo de Woese, Kandler y Wheelis fue de inmediato rechazado por Lynn Margulis, Ernst Mayr y otros evolucionistas y taxónomos, que señalaron no solamente su carácter reduccionista, sino también las dificultades para conciliar esta visión de la biósfera con el transporte horizontal de genes, la nomenclatura tradicional, y los niveles de organización biológica que hacen de una célula eucarionte, por ejemplo, un sistema mucho más complejo que un procarionte.

El otro gran debate abierto por el enraizamiento del árbol del ARNr muy pronto se extendió a los estudios sobre el origen de la vida misma. Si bien es cierto que ya Woese y algunos de sus colaboradores habían señalado que en las filogenias del ARNr 16/18S los organismos termófilos e hipertermófilos se colocaban en la parte inferior de las ramas de las eubacterias y las arqueobacterias, la posición basal de los hipertermófilos se hizo perfectamente evidente en el árbol propuesto por Gogarten, Iwabe y sus colegas (Figura 5).

La interpretación más sencilla (pero no necesariamente correcta) de la distribución filogenética de los hipertermófilos era que el cenancestro también había sido uno de ellos. Más aún, la extrapolación del estilo

de vida hipertermófilo a lo largo del tronco del árbol ha llevado a algunos a afirmar que el origen de la vida mismo debe haber tenido lugar en ambientes extremos como los que existen en las chimeneas submarinas o en la cercanía de los volcanes.

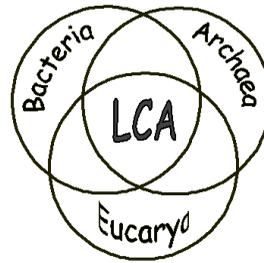
Sin embargo, existen interpretaciones alternativas: en primer lugar, aunque no tenemos evidencia alguna del ambiente en el que surgió la vida, es evidente que en un ambiente caliente los compuestos orgánicos que eventualmente dieron origen a los primeros seres vivos hubieran tenido vidas medias muy cortas; en segundo lugar, los hipertermófilos son organismos antiguos, no primitivos; es decir, a nivel molecular sus procesos esenciales son básicamente los mismos que los de los mesófilos, lo que abre la posibilidad de que la hipertermofilia sea una adaptación secundaria. Y, por último, no hay que olvidar que mientras que las filogenias moleculares están basadas en secuencias de aminoácidos o nucleótidos, los primeros seres vivos seguramente carecían de proteínas, ribosomas, y de muchas más de las estructuras cuyos componentes macromoleculares aparecieron en el curso de la evolución biológica; es decir, son productos de un regimen evolutivo en el que operan mecanismos darwinistas totalmente distintos a los que operarían en el mundo fisicoquímico de las moléculas sintetizadas abióticamente, en donde la persistencia (o no) de los compuestos depende únicamente de su estabilidad (Miller y Lazcano, 1995).

Uno de los argumentos más sólidos en contra de la naturaleza hipertermófilica del último ancestro común, empero, proviene de un modelo de evolución molecular desarrollado por Nicolas Galtier y sus colegas de las universidades de Montpellier y de Lyon. Aunque todas las filogenias moleculares están construídas con algoritmos que suponen que la probabilidad de substitución de los nucleótidos es esencialmente la misma, Galtier y sus colaboradores hicieron uso de análisis estadísticos muchos más refinados y supusieron un proceso en donde en cada rama de cada linaje las substituciones son variables. Por otra parte, este grupo francés ya se había percatado de que el ARNr de los hipertermófilos es mucho más rico en enlaces G:C, que forman tres puentes de hidrógeno, que en el parejas A:U, en donde sólo hay dos puentes de hidrógeno. Al analizar sus bases de datos extrapolando al pasado con su modelo de substitución de ribonucleótidos, pudieron reconstruir una secuencia ancestral de ARNr 16S para el último ancestro común que tenía valores de G:C típicamente mesófilos.

V. Genómica comparada y la búsqueda del cenancestro

La reconstrucción de estadios ancestrales ha adquirido una perspectiva totalmente novedosa con la disponibilidad, a partir de 1995, de un número creciente de genomas celulares completamente secuenciados. Como habían afirmado desde 1965 Zuckerkandl y Pauling, la historia evolutiva de un organismo está contenida en su genoma --pero a menudo esta información es difícil de interpretar, debido a una serie de fenómenos biológicos que van desde la falta de preservación de la estructura primaria de los genes, hasta la existencia de niveles de redundancia de las secuencias cuya naturaleza no entendemos del todo, pasando por el transporte horizontal, una de las peores pesadillas que pueden enfrentar los biólogos.

Fig. 6. Definición del complemento génico del cenancestro en un espacio definido por los genomas.



Como se observa en la Figura 6, los genes del cenancestro estarían definidos por el conjunto de secuencias presentes en la intersección de los conjuntos que representan los genomas de las Archaea, las Bacteria y los Eucarya. Sin embargo, en la práctica esta reconstrucción se ha visto limitada por (a) el hecho de que los genomas secuenciados no representan la diversidad biológica real; (b) los distintos niveles de conservación de los genes, que distan mucho de ser los mismos para todas las secuencias; (c) los problemas para anotar, es decir, identificar a las secuencias presentes en las bases de datos; (d) la presencia de secuencias altamente conservadas cuya función es aún completamente desconocida por no disponer de datos experimentales; (e) la pérdida polifilética independiente de secuencias, funciones y rutas metabólicas.

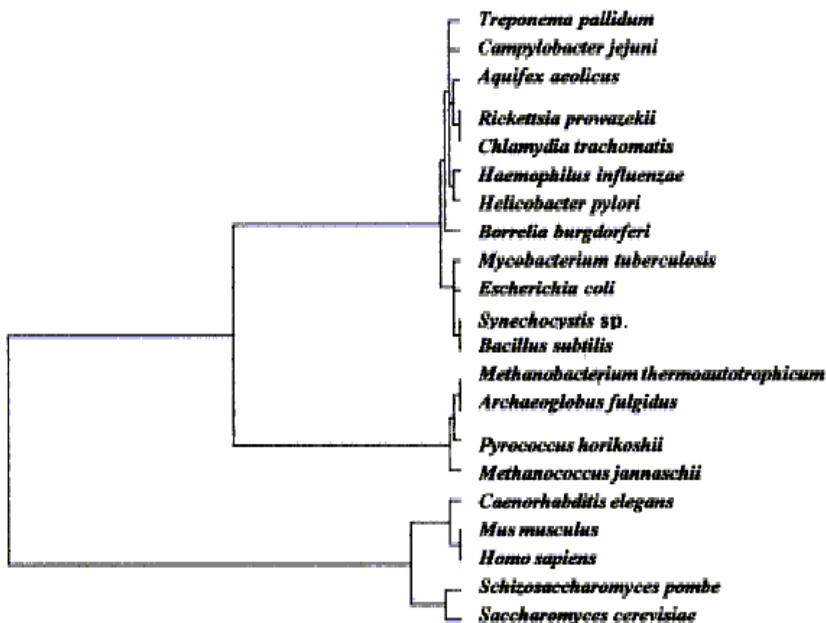
licas que han sufrido diversos organismos, sobre todo parásitos y simbioses; y (f) el movimiento lateral de los genes, que en algunos casos pueden traspasar las fronteras que separan a los grandes dominios.

Ante un inventario de dificultades como éste parecería ser imposible definir con precisión los rasgos del cenacestro; sin embargo, los resultados son alentadores. Por ejemplo, el transporte horizontal de secuencias es un fenómeno real (que subyace, por ejemplo, la bien conocida resistencia a antibióticos que se observa con una frecuencia cada vez más alarmante entre muchos patógenos de humanos y animales) que puede oscurecer la reconstrucción del pasado evolutivo.

Sabemos, por ejemplo, que incluso los operones del ARNr pueden llegar a sufrir este fenómeno, pero el hecho de que se mantenga la identidad de los grupos de microorganismos (es decir, las espiroquetas siguen siendo indistinguibles como tales, no hay bacterias Gram positivas que se hayan transformado en Gram negativas, etc.) sugiere que existen limitaciones biológicas al intercambio de genes. En 1999, por ejemplo, tres grupos de trabajo demostraron, en forma independiente, que la representación gráfica del contenido total de secuencias (es decir, fenogramas) en los genomas secuenciados (Figura 7) mostraba como, a pesar del transporte horizontal, no sólo los tres dominios, sino incluso las distintas líneas biológicas que las constituyen, se pueden identificar sin problemas (Snel et al., 1999; Tekaia et al., 1999a; Fitz-Gibbon y House, 1999)). Es decir, a pesar de la promiscuidad con la que los seres vivos han intercambiado genes a lo largo de la evolución, la reconstrucción del pasado es posible.

Claro que los resultados no siempre son del todo compatibles. Al comparar las secuencias de los tres dominios resulta sorprendente la falta de conservación de los distintos tipos de ADN polimerasas (sobre todo si tenemos presentes que uno de los rasgos que solemos definir como esenciales en la caracterización de los seres vivos es la reproducción, que a nivel molecular depende precisamente de la actividad enzimática de estas enzimas) y su distribución biológica. Ello ha llevado al grupo de Arkadi Koonin, del National Institute of Health de los EEUU, por ejemplo, a sostener que el último ancestro común poseía un genoma de ARN, o tal vez de ARN/ADN, mientras que Patrick Forterre, de la Université de Paris-Sud, en Francia, propone un complejo esquema de transporte lateral de genes que involucra a los tres linajes y a sus virus. En cambio, un grupo de la Facultad de Ciencias de la UNAM, que ha

podido identificar la presencia de dominios catalíticos de distintas ADN polimerasas en los tres linajes, cree haber identificado partes de la ADN polimerasa ancestral, que probablemente se derivó, como lo sugiere su homología con algunas ARN polimerasas, de una molécula que originalmente estaba involucrada en la replicación de genomas de ARN que poseían células más sencillas que precedieron al cenacestro mismo. Estas conclusiones, de hecho, son congruentes con los resultados preliminares obtenidos por Fredj Tekaia, Bernard Dujon, y Antonio Lazcano, que muestran que las secuencias más conservadas comunes a los genomas celulares disponibles codifican para secuencias que sintetizan, degradan o interaccionan con ARN --es decir, que se pueden reconocer, al menos en parte, evidencias de un pasado biológico anterior a la aparición del ADN mismo.



VI. Conclusiones

Al igual que ocurre con otras áreas del conocimiento, pocas tareas resultan tan complejas y difíciles en las ciencias biológicas como la reconstrucción del pasado. Si bien es cierto que en el marco de la teoría evolutiva es fácil aceptar la existencia de sistemas ancestrales más simples de los cuales descendemos los organismos actuales, su estudio no es una tarea fácil, sobre todo si, como ocurre con el caso del cenozoico, hay que remontarse a épocas precámbricas. La reconstrucción de estadios ancestrales es una tarea multi e interdisciplinario que tiene que recurrir, necesariamente, a actitudes eclécticas que apelen a metodologías que incluyen desde las discusiones sobre el medio ambiente primitivo, hasta la anotación automatizada de las secuencias de genomas completos. Los resultados pueden ser a veces confusos. Por ejemplo, la conservación de las secuencias de las ATPasas implica la existencia de membranas de lípidos y fosfolípidos, aunque desconocemos cual era la naturaleza química de éstas últimas. A pesar de estas dificultades, resulta asombroso que, por otro lado, existan secuencias, estructuras y funciones, como las que participan en lectura y expresión de la información genética, que parecen haberse conservado a lo largo de miles de millones de años. La lectura de éstas crónicas moleculares que se han mantenido desde épocas Precámbricas nos permite asomarnos, aunque sea en forma limitada, al interior de los procesos biológicos de los microorganismos que antecedieron a todas las formas de vida que existen hoy en nuestro planeta, aunque no nos permiten predecir hacia dónde va la biósfera. Después de todo, no hay que olvidar que los evolucionistas somos como el ave goofus que describió Jorge Luis Borges, y que vuela con la cabeza hacia atrás, porque no le interesa saber hacia dónde va, sino de donde viene. ●