

DE LA TEORÍA SINTÉTICA A LA BIOLOGÍA
ACTUAL: 80 AÑOS EN BUSCA DE UNA
BASE TEÓRICA

Proyecto Fin de Carrera

Guillermo Díaz Molina

Universidad Autónoma de Madrid

ÍNDICE

INTRODUCCIÓN: LA NECESIDAD DE UNA BASE TEÓRICA	3
I – LA BASE TEÓRICA OFICIAL: LA TEORÍA SINTÉTICA	4
• Origen de La Síntesis	4
• Cuerpo conceptual y evidencias	6
• Críticas a la teoría	8
II – EN BUSCA DE UN NUEVO MARCO TEÓRICO	13
• Las revoluciones y la biología actual	13
• Inadecuación de la Teoría Sintética	21
• Nuevas ideas para una nueva biología	24
III – CONCLUSIONES	26
AGRADECIMIENTOS	27
REFERENCIAS	27

INTRODUCCIÓN: LA NECESIDAD DE UNA BASE TEÓRICA.

La ciencia, como actividad intelectual humana, vive hoy un momento de enorme diversificación, especialización y complejización, siendo además un componente principal en la cosmovisión de nuestra sociedad, influyendo enormemente en el diseño y funcionamiento del sistema sociopolítico. El crecimiento que la ha llevado a tal posición actual se ha basado principalmente en la potenciación de su orientación práctica, en el inmenso desarrollo de la faceta que llamamos “técnica”. La aplicación de los conocimientos científicos para aumentar nuestras capacidades de desarrollo y de explotación del medio han sido una constante desde hace dos siglos, dando pie a la Revolución Industrial y cambiando para siempre el funcionamiento del mundo humano. Buenos ejemplos de ello son el nacimiento de la Química Industrial o el “boom” de las aplicaciones de la electricidad (Sánchez Ron, 2001). Este hecho ha provocado la separación entre “ciencia teórica” y “ciencia aplicada” de una manera más marcada de lo que pudo ser en tiempos de Newton o Lavoisier. Esto no ha evitado que ambas se complementen y progresen recíprocamente, pero sí ha llevado a la desconexión entre científicos, a la especialización académica y, en muchas áreas, a la relegación a un segundo plano del conocimiento básico. Esto es perjudicial en tanto que sólo el desarrollo teórico produce avances a largo plazo. Y cuando la técnica no está enmarcada en un conocimiento general, se corre el riesgo de no poder interpretar el porqué de los hechos empíricos de manera correcta, así como de investigar en la dirección equivocada o incurrir en peligros desconocidos.

Esta necesidad de una comprensión general incumbe por supuesto a la Biología. A pesar de ser una ciencia muy actual, muy práctica y con un enorme desarrollo (debido sobre todo al auge de la biotecnología), sigue dependiendo de su base teórica para explicar los descubrimientos, formar a los estudiantes y encauzar la investigación. Sin embargo, el desarrollo de la biología teórica no ha seguido el trepidante ritmo de las aplicaciones y la biología “puntera”, y es frecuentemente dejada de lado por los especialistas. El propósito de este trabajo es por ello revisar el estado de dicha base teórica, su validez hoy como cuerpo de disciplina y su capacidad de explicar e integrar los datos que sin cesar genera la investigación técnica, así como discutir y proponer alternativas a la misma.

I – LA BASE TEÓRICA OFICIAL: LA TEORÍA SINTÉTICA.

Origen de La Síntesis

La disciplina que contiene las argumentaciones teóricas de la biología es básicamente la Biología Evolutiva. En un contexto científico, la Evolución Orgánica se considera un hecho probado e indiscutible, hasta el punto de no conocerse detractores científicos de tal afirmación. La Biología Evolutiva se encarga de estudiar este hecho, y de ofrecer ideas para explicar el modo en que se produce. Normalmente se ha propuesto y se persigue una sola teoría principal, unificadora y universal. A esto se le llama Teoría Evolutiva. El “pensamiento evolutivo” comenzaría según algunos en la Grecia Clásica, o en el Renacimiento (Harris, 1985), pero el término “evolución” lo introduce Bonnet en el Siglo XVIII y debemos esperar hasta el siglo XIX, en el que Lamarck publica “Filosofía zoológica”, para encontrar una propiamente llamada teoría evolutiva, científicamente estructurada. A partir de ahí se suceden otras, y en 1859 Darwin publica “El origen de las especies por medio de la selección natural, o la preservación de las razas favorecidas en la lucha por la vida”, donde se expone la teoría evolutiva hoy considerada mayoritariamente como la primera válida. En estos aspectos históricos se deben aclarar ciertas confusiones que si bien pueden ser esperables en ámbitos periodísticos o populares, son inaceptables en el académico. A saber:

- La Evolución Orgánica es un hecho demostrado en ciencia, la Teoría de la Evolución es la vigente en cada momento, sujeta a falsación o discusión como cualquier otra.
- Lamarckismo, darwinismo o selección natural no son, por tanto, sinónimos de evolución.
- Lamarckismo no es sinónimo de herencia de caracteres adquiridos, ni darwinismo de selección natural. Son simplemente el conjunto de ideas que estos autores profesaban.
- Hay evolucionistas predarwinistas, y muchos (Galera, 2002; Harris, 1985).

- Hay teóricos de la selección natural predarwinistas (Harris, 1985).

Estas aclaraciones no son fruto de una pasión enciclopédica ni de una intención de “sacar punta”, son un intento de evitar la invariable concatenación del darwinismo en general con el hecho evolutivo.

Darwin, entonces, gestó una teoría evolucionista, incorporando conceptos habituales en su época como la herencia de caracteres adquiridos, pero dejando como idea principal a la selección natural, concepto sostenido también por más autores pero que él -con Hooker, Huxley y otros- difundieron entre gran parte de la comunidad científica. Se consideró durante tiempo la teoría más acertada, a pesar de las críticas de científicos como Jenkin, Mivart y otros; y del hecho de que no proponía base alguna para la variación o la herencia, pues Darwin no aprovechó las ideas de Mendel (Galera, 2000) y recurrió, finalmente a la pangénesis. Así fue hasta la aparición de la Teoría Sintética en el Siglo XX, que la sustituyó al completarla.

La Teoría Sintética (también llamada de otras muchas maneras, y oficialmente “Síntesis Evolutiva Moderna”) nace de la complementación de las ideas darwinianas de variación al azar, gradualismo y selección natural con la genética mendeliana, el para entonces reciente concepto de mutación genética y el aparato matemático de la genética de poblaciones. Bebe de la versión radical del darwinismo creada por Weismann (Olarieta Alberdi, 2010), llamada por Romanes “neodarwinismo”, que se reduce a “azar y selección”.

El “redescubrimiento” de los trabajos de Mendel en 1900 parte de Hugo de Vries, Carl Correns y Erich von Tschermak se consideró en un principio como un punto a favor del saltacionismo, y por ello fue rechazado por Karl Pearson y su escuela, la floreciente “biometría”. Bateson y otros sin embargo vieron que el mendelismo tenía mucho que aportar al estudio de la evolución. No mucho después los trabajos de Morgan y los “drosophilistas” se harían famosos, uniendo a Mendel con la Teoría Cromosómica de la Herencia y creando la genética clásica, a la que por ello ha llegado a llamarse “mendelmorganiana”. No obstante, la compatibilidad de estas ideas con el gradualismo y la selección natural seguía siendo origen de discusiones. Fisher vino a conciliar estos principios, elaborando modelos matemáticos de tipo estadístico que mostraban la plausibilidad de una variación

continúa como resultado de muchos *loci* discretos. A partir de ahí se sucedieron los nombres y las obras que son considerados los textos fundacionales de la Teoría Sintética, la Genética de Poblaciones y en definitiva la base teórica vigente de la biología:

- Theodosius Dobzhansky: “*Genetics and the Origin of Species*” (1937)
- Ernst Mayr: “*Systematics and the Origin of Species*” (1942)
- George Gaylord Simpson: “*Tempo and Mode in Evolution*” (1944)
- George Ledyard Stebbins: “*Variation and Evolution in Plants*” (1950)

A estas obras hay que añadir la aportación de Julian Huxley, con su obra “*Evolution: The Modern Synthesis*”, con la que introduce el término actualmente usado. Julian, como su abuelo, fue un entusiasta divulgador y un hombre con posiciones prestigiosas dentro y fuera de la ciencia. No es el padre de la teoría, pero sí quizá uno de sus mayores promotores.

Cuerpo conceptual y evidencias

Desde entonces, la teoría forjada se ha mantenido casi sin modificaciones hasta hoy en día, continuando en los manuales al lado de sus ampliaciones posteriores pero conservando unas asunciones básicas:

La naturaleza de los rasgos de los seres vivos, su estructura y biología, depende directa y linealmente de genes discretos y mayoritariamente independientes, compuestos por secuencias de bases de ADN residentes en los cromosomas nucleares. Dicha dependencia se puede ilustrar con la siguiente secuencia:

GENES → PROTEÍNAS → FENOTIPO

- *La variabilidad entre individuos* se fundamenta en la presencia de variaciones de genes denominados alelos, que siguen los patrones de herencia formulados por Mendel y completados por la genética de Morgan y compañía.

- *El origen de dicha variabilidad* es la generación de variantes alélicas debido a pequeñas mutaciones producidas al azar en el material cromosómico. Las mutaciones de gran calado sólo provocan trastornos sin viabilidad, no teniendo implicaciones evolutivas.

- *La variabilidad implica diferencias de "aptitud" o "fitness"*, pues los diferentes fenotipos se desenvuelven mejor o peor en su medio. Esto se correlaciona directamente con diferentes probabilidades de tener "éxito evolutivo", entendido como la capacidad de producir descendencia fértil.

- *La competencia* es omnipresente en las relaciones ecológicas, debido a la sobreproducción de individuos en un ambiente de recursos limitados. Esto produce una mortalidad diferencial y, lo que es más importante, una reproducción diferencial.

- *La selección natural* es el proceso y el resultado de esta reproducción diferencial, por la que paulatinamente la presencia de linajes con mayor aptitud se vuelve mayoritaria en la población.

- *La especiación* es resultado del aislamiento reproductivo, producido por acumulación de mutaciones genéticas y otros procesos.

La evolución es el resultado de las divergencias causadas por la especiación, acumuladas en escalas de tiempo mayores.

Estos principios fueron concretándose y ampliándose desde un principio, con gran desarrollo de los conocimientos sobre mutación espontánea y de las formulaciones matemáticas de la genética poblacional.

Sobre las evidencias, La teoría Sintética se fraguó en un ambiente científico reduccionista y positivista, que parecía tener la intención de pasar del naturalismo decimonónico a una ciencia pura, mecanicista, que no tuviese complejos al lado de la revolución llevada a cabo por los colegas físicos. Se dio especial importancia a las consideraciones teóricas, y la modelización, y desde el principio sufrió una enorme carencia de soporte empírico (Olarieta Alberdi, 2010; Sandín, 1997). Las "demostraciones" matemáticas conformaron a muchos científicos que dejaron de lado la necesidad de hechos observables, y obviaron las críticas o las teorías

alternativas. La seriedad que parecía aportar esta manera de ver la naturaleza generó, irónicamente, un cuerpo de doctrina altamente virtual en el que las asunciones crearon un conjunto de ideas coherentes y con valor propio, pero construidas sin una base real. Un buen ejemplo de ello es la “ley de Hardy-Weinberg”, considerada un éxito de la genética de poblaciones para explicar la distribución de alelos en una población: *“La modelización estadística finge y crea un espejismo: pretende hacer pasar las hipótesis como tesis. Sin embargo, la validez de un modelo no está determinada por su forma matemática de exposición sino por su comprobación empírica. Así, se habla en genética de poblaciones de la “ley” de Hardy-Weinberg cuando se debería decir el modelo de Hardy-Weinberg, es decir, una hipótesis sobre el funcionamiento de un fenómeno que debe ser corroborada con los datos empíricos correspondientes, lo cual es imposible porque los postulados sobre los que se construye dicho modelo no existen en la realidad, ni siquiera como aproximación”*. (Olarieta Alberdi, 2010).

Margulis también ha mostrado su disconformidad con esta modelización: *“el neodarwinismo es fundamentalmente defectuoso, no sólo porque se basa en conceptos reduccionistas ya desfasados, sino también por estar formulado en un lenguaje matemático inadecuado”* (Margulis, 2002).

Ese modelo se consideró rector de los procesos genéticos que producían la evolución. No se tenían en cuenta procesos tan conocidos como la poliploidización, para entonces ampliamente estudiada en plantas, donde supone el origen de al menos el 5% de las gimnospermas, el 45% de las dicotiledóneas y el 55% de las monocotiledóneas (Walbot, 1985). Todo parecía poder ser explicado por *“La Evolución es un cambio en la composición genética de las poblaciones. El estudio de los mecanismos de evolución es competencia de la Genética de Poblaciones”* (Dobzhansky, 1951).

Críticas a la teoría.

Así, campos enteros de investigación se relegaron al olvido, como la vieja pero entonces prometedora embriología, cuyos recientes hallazgos como los campos morfogénicos no casaban con las asunciones de la Síntesis. Esto fue desde la

desidia hasta el entorpecimiento, llegando Morgan al extremo de impedir la publicación de los trabajos de Child (Mitman, & Fausto-Sterling, 1989). En la elaboración de los fundamentos de la teoría, se puso empeño en eliminar teorías y concepciones que venían discutiéndose tiempo atrás, estimándose que ya no tenían nada que aportar. Tal fue el caso del saltacionismo, defendido por Goldschmidt, pues sus macromutaciones no encajaban en la visión del continuo en la variación, que requería de las pequeñas mutaciones puntuales. También con las ideas ortogénicas, o cualquier mecanismo interno, pues se reforzó la idea de un ambiente que dispone, en el que los seres persisten o no por su irremisible adecuación al mismo. Y por supuesto con el lamarckismo, ya denostado por Weismann pero al fin desbancado por una teoría con base física de la herencia.

Desde el primer momento la Teoría Sintética ha tenido lagunas explicativas, en parte por la falta de datos que se tenía en aquellos tiempos en algunos campos, principalmente en genética. Pero más allá de eso, ha recibido y sigue recibiendo críticas sobre la validez de sus argumentos más básicos. Normalmente se han dirigido a aspectos concretos, pero no han faltado autores mostrando su descontento por la teoría en general, como Grassé (1977), Eldredge (1997), Lewontin (1993), Margulis (2002) y muchos otros.

Ciertas críticas se han centrado en el papel de azar, como por ejemplo los cálculos probabilísticos de Hoyle (1992) sobre la formación o mejora de proteínas por mutaciones “al azar”. O el debate sobre la naturaleza pre o postadaptativa de la mutación y , con los famosos experimentos de Cairns (1991) en bacterias. Muchas de estas discusiones han sufrido de falta de entendimiento por el uso intensivo de este concepto a manos de los evolucionistas sintéticos, que se empeñaron en contraponerlo a la ortogénesis o la intencionalidad, cuando no era necesario y el debate debió centrarse en torno al azar probabilístico. (Ver Monod, 1971 y Olarieta Alberdi, 2010)

El gradualismo ha sido también objeto de controversia. Principalmente por la naturaleza del registro fósil, pero también por el funcionamiento de los sistemas genómicos. Los paleontólogos tuvieron más tradición fijista y defendieron la inmutabilidad de las especies, lo cual era normal porque la ausencia de formas intermedias era un problema que atormentó al mismo Darwin y que sigue sin

resultar coherente con la teoría, como han expuesto Eldredge (1997), Kerr (1995) o Schindewolf (1993): “Según la teoría de Darwin, la evolución tiene lugar exclusivamente por la vía de pequeña y continua formación y modificación de especies (...) Nuestra experiencia, obtenida de la observación del material fósil, contradice directamente esta interpretación”.

El gradualismo era para los sintéticos la correlación fenotípica de la naturaleza puntual de las mutaciones. No había macromutaciones ni cambios drásticos morfológicos en el panorama evolutivo. Contra ello iban las interpretaciones de Goldschmitdt, que trabajando con *Drosophila* observó macromutaciones que en su opinión eran un sustrato para una evolución rápida y saltacionista. En su libro “*The Material Basis of Evolution*”, opinaba que las numerosas variaciones pequeñas de Darwin planteaban inmensas dificultades. “En primer lugar, existe una tendencia a volver a una población promedio, aunque hayan aparecido mutaciones. En segundo lugar, en todos los experimentos de selección, nos encontramos con la gran dificultad de corregir cambios más allá de ciertos límites definidos: los intentos de ir más allá llevan casi invariablemente a la esterilidad y la extinción» (Goldschmitdt, 1940).

La naturaleza de la mutación también chocaba con las múltiples evidencias de las que ya entonces se disponía sobre herencia citoplasmática. Ésta no obedece a los postulados de la Teoría Cromosómica de la Herencia, ni con la visión impuesta por Weismann:

- el citoplasma forma parte del “cuerpo” de la célula, por lo que no existe separación estricta entre plasma y cuerpo.
- no se rige por el código genético de los cromosomas nucleares.
- contradice las leyes de Mendel (Birky, 1994).
- su división, y por tanto su reproducción, no se corresponde con la división nuclear ni con la de la célula.
- presenta una fuerte dependencia de factores ambientales.

La herencia citoplasmática fue marginada en los medios académicos oficiales. Para Huxley desempeñaba “un papel completamente secundario”. Dunn, Beadle, Muller y otros genetistas admitieron a regañadientes los supuestos de herencia extranuclear, después de dejar bien claro que su importancia dentro de la genética era mínima. Un colaborador muy próximo de Morgan, Sturtevant, fue uno de los genetistas más beligerantes en este punto, llevando a cabo durante veinte años una constante batalla, hasta que hacia 1940 se tuvo que rendir ante la evidencia: todos los seres vivos disponen de herencia citoplasmática, los animales en las mitocondrias, las plantas en los cloroplastos y las bacterias en los plásmidos (Olarieta Alberdi, 2010). Hoy en día los conocimientos en Epigenética siguen acumulándose, dando peso a este modo de herencia.

La concreción del concepto de aptitud o “*fitness*” fue siempre un punto débil en la teoría. Una respuesta recurrente era que entrañaba mucha dificultad medirla en condiciones naturales. Pero otra vez, el problema era que el concepto era puramente teórico. Puede parecer lógico, y más en ciertos entornos culturales, que las diferencias entre individuos implican diferentes capacidades desarrollarse en el medio. Pero que sea lógico no significa que sea cierto, y es necesario medirlo y ver si unas formas preponderan sobre otras por encima de la contingencia. Este tipo de experimentos, que deben buscarse más allá del dudosamente bien realizado de la polilla del abedul (Wells, 1999; Chauvin, 2000) suelen provenir de la ecología cuantitativa y *no pueden* demostrar nada pues al resultar una población cambiada, sólo es posible concluir que los rasgos prevalecientes son más aptos de dos maneras: o por que así le parece al investigador (basándose si se quiere en sus conocimientos sobre fisiología, pero siendo al final una apreciación subjetiva) o argumentando que si no fuesen más aptos no habrían prevalecido. Esto supone un razonamiento tautológico y por tanto escapa a los dominios del método científico. Este problema siempre ha afectado a los conceptos de “apto” y de selección natural, habiendo sido criticados por ello (Chauvín, 2000). En realidad no son *necesariamente* tautológicos, y podrían demostrarse por separado en base a otros conceptos, pero el caso es que siempre se han definido, explicado y enseñado así (Maynard Smith, 1984), y eso no ayuda nada a la construcción de una teoría demostrable.

Además del escaso interés por demostrar fehacientemente estos conceptos tan centrales, más críticas surgieron por el hecho de que ciertas evidencias daban a entender que la contingencia, la neutralidad y en definitiva la ausencia de selección alguna operaban extendidamente en la naturaleza. Así en el terreno de lo molecular, la teoría neutralista de Kimura (1998) proponía que el grueso de la variación génica se fijaba de manera neutral, no dando pie a un paulatino perfeccionamiento molecular. Esta teoría ha sido generalmente tenida en cuenta, pues no viene a negar que pueda haber selección, y se ha incorporado a el pensamiento actual. Pero aun así, al proceso se le ha denominado “selección neutral”, lo que da una idea de la fijación por el concepto de selección. Otros, como Gould o muy especialmente Goodwin (1999) han criticado el exceso de los “seleccionistas”, lo que se ha venido a llamar “el programa adaptacionista”. Se ha llegado a un punto en que la confianza ciega en la adaptación por selección natural ha hecho *suponerla* como explicación tras ciertos hechos, luego observados como de otra naturaleza. Un ejemplo interesante de la falla de las explicaciones adaptacionistas lo constituye la evolución de las serpientes. Las hipótesis tradicionales indicaban que la pérdida de miembros se había dado por una interacción adaptación-selección natural como respuesta a un modo de vida fosorial o acuático a partir de reptiles Mosasaurios, según las dos teorías posibles. Cohn y Tickle (1999) demostraron experimentalmente que la pérdida de miembros en los ofidios se debió a un proceso en el cual se expandieron los dominios de expresión de los genes *HoxC8* y *HoxC6*, con lo cual las hipótesis tradicionales perdieron su fundamento.

La crítica al adaptacionismo extremo ha sido asumida, excepto por los neodarwinistas más puros como Dawkins, pero de manera absorbente, como si no supusiera un desafío claro a los más centrales conceptos de la teoría. *“La crítica realizada al programa adaptacionista afecta a la teoría sintética. Y, por tanto, deben revisarse algunas de sus explicaciones y mecanismos explicativos en lo referente al origen de las adaptaciones para determinar si pueden seguir manteniéndose como principios explicativos generales o sólo como principios restringidos para ciertos fenómenos. De todas maneras la universalidad de la selección natural como mecanismo explicativo de las adaptaciones no es defendible”* (Dressino & Lamas, 2006).

II – EN BUSCA DE UN NUEVO MARCO TEÓRICO.

Las revoluciones y la biología actual.

La Biología es una ciencia reciente en gran parte, porque aunque tenga disciplinas veteranas, el grueso de sus campos de estudio, de sus aplicaciones y de sus descubrimientos no se remonta más allá de siglo y poco. En ese aspecto, cabe resaltar que tanto las ideas de Darwin como la Teoría Sintética fueron formuladas cuando no se conocían muchas de las cosas que incluso hoy parecen antiguas. Para las décadas de los 30 y 40, cuando fue creada y asentada la síntesis moderna, no se conocían apenas detalles sobre la organización física de los genes, ni sobre la mayor parte de la naturaleza de su funcionamiento. Desde entonces se han sucedido multitud de descubrimientos, muchos de los cuales han puesto contra las cuerdas a las concepciones teóricas disponibles, lo que incluye por supuesto a la teoría evolutiva. Esto ha generado debate y modificaciones, *como cabría esperar* en cualquier disciplina. El caso es que quizá en Biología tengamos el récord de aguante, pues la base tiene 150 años, la ampliación 80 y los supuestos básicos son asumidos hoy como esencialmente ciertos. Y como se ha señalado, *casi todo* lo que usa en los laboratorios ha sido descubierto después...

Si la teoría ha aguantado indemne no es porque sea perfecta y tenga una gran capacidad de asimilación, si no porque es bastante sencilla y muy teórica, pudiendo interpretarse casi cualquier fenómeno a su manera de forma "convinciente". Y porque ha ignorado o reinterpretado los datos que se han ido generando, lo que no ha creado más que un enorme clima de confusión. El modelo debe ser cambiado porque se queda antiguo y se muestra insuficiente: "*La Biología hoy, está donde estaba la Física a principios del siglo veinte, observa José Onuchic, codirector del nuevo Centro de Física Biológica Teórica de la Universidad de California, San Diego. "Se enfrenta a una gran cantidad de hechos que necesitan una explicación"* (Knigh, 2002).

Estos son algunos ejemplos de los hechos que no han sido debidamente asimilados por la Teoría Sintética:

- *Goldschmitdt, la embriología y el Evo-Devo.*

Las macromutaciones estudiadas por Goldschmitdt en *Drosophila* fueron menospreciadas por sus coetáneos como una posible fuente de variación genética en procesos evolutivos. Apenas podían causar teratologías o graves defectos que tornaban inviables a los individuos. El caso es que no todas eran tan “monstruosas” y este mecanismo podía resolver el problema lógico de las formas intermedias, que cojeaba y cojea en dos sentidos:

- *La gran ausencia de formas de transición en el registro fósil.* Éstas deberían ser muchas más que las habitualmente registradas, debido a que la mayor parte de los estadios deben ser intermedios si la evolución es gradual. En este aspecto, normalmente se invocan como muestras de formas intermedias casos como el *Archaeopteryx*, que es intermedio entre dinosaurios y aves. En este punto es importante reflexionar sobre qué debemos entender como “intermedio”, y que debe cumplir un resto para ser coherente con la teoría gradualista. Propongo un símil: un intermedio entre un círculo blanco y uno negro podría ser el símbolo del *yin yang*, pues supone una mezcla entre los dos, pero el genuino intermedio sería un círculo gris. ¿Cuál es el que hemos de encontrar? Pues depende de las exigencias de la teoría. El *Archaeopteryx* es un “mosaico”, que reúne rasgos de dinosaurio y rasgos de ave moderna. Pero los atributos por separado no son intermedios. La Teoría Sintética lleva a tal extremo las nociones de gradualismo y mutación puntual que necesita verdaderos intermedios. Su margen entre lo continuo y lo discreto está en el nivel de la sustitución de pares de bases.
- *El trasfondo genético del cambio gradual.* El comentado obcecamiento en la genética de poblaciones, y en la micromutación, ha forzado a rechazar hipótesis como las de Goldschmitdt, y a no evaluar la posibilidad de que el margen entre continuo y discreto pueda ser superior a un nivel genómico. Los experimentos en embriología y las mutaciones homeóticas así lo sugerían. Grandes alteraciones genéticas guardarían correlación con

innovaciones morfológicas. Pero apenas se ha llegado a aceptar y sigue sin aparecer en muchas obras. Hoy sabemos ya que los procesos embrionarios dependen de baterías de genes jerarquizados, y que alteraciones en los niveles superiores son capaces de entrañar grandes cambios morfológicos. Tal es el caso de los genes homeóticos, con implicaciones comprobadas como en la ya mencionada evolución de las serpientes (Cohn & Tickle, 1999) o en la separación entre los artrópodos y los insectos (que aconteció hace aproximadamente 400 millones de años), la cual se debió a la alteración de la expresión del gen *Ultrabithorax* (Ronshaugen *et al.*, 2002).

Las especies entonces, y los rangos por encima por tanto, no son producto consecuente de las variaciones continuas que se pueden observar en las categorías subespecíficas: *"Las subespecies no son especies incipientes, son callejones sin salida (...) Los caracteres de las subespecies son como gradientes, el límite de la especie se caracteriza por un salto, una discontinuidad sin intermedios en muchos caracteres"*. (Goldschmidt, 1940).

La moderna rama de estudio llamada *Evo-Devo* tiene por tanto bastante más que aportar que la genética de poblaciones a la hora de explicar los procesos evolutivos por encima del nivel de especie (es decir, prácticamente todos) que se dan en la naturaleza.

La ausencia de un "dogma central".

Quizá nada haya cambiado tanto en biología como los conocimientos sobre la información genética. La llamada "nueva genética" ha complejizado el estudio de la herencia, el funcionamiento del genoma y la generación de fenotipos y desarrollo. De las antiguas leyes mendelmorganianas se ha pasado a considerar un enorme surtido de procesos, descubiertos desde entonces y que han cambiado muy mucho la concepción que se tenía sobre la información genética.

El llamado "dogma central de la biología molecular" fue enunciado allá por 1958, y consolidado después en 1970 (Crick, 1970). En ese mismo año dejó de valer y tuvo que ser ampliado por el descubrimiento de la transcripción inversa por parte

de Temin y Baltimore. Aparte de la poco científica elección del nombre, era de esperar que tal concepto cambiase con el tiempo. En 1982, Prusiner vuelve a hacer que se amplíe tras descubrir los priones. Hoy por hoy, el número de maneras conocidas en que la información fluye dentro de la célula ha forzado a abandonar el intento de construir “dogmas” o relaciones lineales, y dado lugar a la aparición de campos de estudio como la proteómica y la glucómica. Ahora se tienen en cuenta muchos elementos portadores de información que son ajenos no ya al ADN, sino a los cromosomas, al núcleo e incluso a la célula. Especial importancia han cobrado las moléculas de ARN, antes circunscritas a los ARN mensajeros, transferentes y ribosómicos (también el mitocondrial, independiente) y ahora ampliadas a muchos nuevos tipos:

- ARN reguladores
 - Micro ARN (miARN)
 - ARN interferente pequeño (ARNip)
 - ARN asociados a *Piwi*.
- ARN antisentido
- ARN no codificante (ARNnc)
- Ribozimas
- ARN pequeño nuclear (ARNpn) y ARN pequeño nucleolar (ARNpno)

Hoy se siguen descubriendo nuevas funciones de las mismas, son ubicuas en el mundo vivo y son especialmente importantes en la regulación de la expresión génica, proceso en el que junto con la metilación y otros controles epigenéticos, controlan la diferenciación celular, fenómeno que muestra cómo sin alterar la secuencia de ADN, se pueden construir entes biológicos *radicalmente* distintos.

Otra revolución fue el descubrimiento indirecto de los transposones por McClintock, en 1950, y su hallazgo posterior, en bacterias. Tardaron en tenerse en consideración, teniéndose por excepcionales. Hoy, los genéricamente llamados elementos móviles o transponibles son una parte de obligado estudio en el análisis de cualquier genoma, al menos eucariota. Constituyen cerca del 50% de la secuencia de DNA nuclear de los genomas animales (Mouse Genome Sequencing Consortium,

2002; Human Genome Sequencing Consortium, 2001). y hasta el 90% en plantas (International Rice Genome Sequencing Project, 2005), siendo esta abundancia resultado obvio de su capacidad de copia y movimiento, pero no suponiendo una acumulación de “basura” como antes se solía decir (todavía se emplea este término a veces) sino toda una parte consustancial y funcional de los genomas, que no permanece inactiva como muestra por ejemplo el análisis de elementos funcionales en el genoma humano (proyecto ENCODE), el cual parece indicar que esta parte es transcrita de forma profusa, donde la mayoría de las bases están asociadas a, al menos, un transcrito primario (ENCODE Project Consortium, 2007), indicando que existe un gran reservorio de secuencias funcionales con potencial de transcripción que podría superar enormemente a la pequeña fracción “génica” –entre 1 y 2% en Homo (Human Genome Sequencing Consortium, 2001)-.

Este papel del ADN no codificante (ncDNA abajo) es tan variado que influye en muchos de los procesos de transferencia de información “ajenos al dogma” antes señalados. El panorama actual quedaría como propone James Shapiro (2010):

1. DNA + 0 == > 0
2. DNA + protein + ncRNA == > chromatin
3. Chromatin + protein + ncRNA == > DNA replication, chromatin maintenance/reconstitution
4. Protein + RNA + lipids + small molecules == > signal transduction
5. Chromatin + protein + signals == > RNA (primary transcript)
6. RNA + protein + ncRNA == > RNA (processed transcript)
7. RNA + protein + ncRNA == > protein (primary translation product)
8. Protein + nucleotides + Ac-CoA + SAM + sugars + lipids == > processed and decorated protein
9. DNA + protein == > new DNA sequence (mutator polymerases)
10. Signals + chromatin + protein == > new DNA structure (DNA rearrangements subject to stimuli)
11. RNA + protein + chromatin == > new DNA structure (retrotransposition, retroduction, retrohoming)
12. Signals + chromatin + proteins + ncRNA + lipids == > nuclear/nucleoid localization

En resumen:

DNA + protein + ncRNA + signals + other molecules < == > Genome structure and phenotype

Margulis y la simbiogénesis.

En 1967 Lynn Margulis propuso la teoría de la endosimbiosis, como explicación del origen de algunos orgánulos de las células eucariotas, y por tanto de su mismo origen. Se basaba en trabajos olvidados o ignorados varias décadas atrás. Uno era el de Merezkovsky, "*Simbiogenesis y el origen de las especies*". Era un botánico ruso, y su obra no tuvo traducciones al inglés, lo que impidió el conocimiento de sus teorías al respecto. El otro trabajo, del anatomista estadounidense Ivan Wallin, sí tuvo más difusión, pero fue sencillamente tachado de chifladura (Margulis, 2002).

Margulis ha ido proponiendo más "eventos endosimbióticos" para explicar más partes de la estructura eucarionte, proponiendo la "Teoría de la Endosimbiosis Serial". También, ha revisado mucha literatura dispersa, especialmente sobre microorganismos e invertebrados, compilando numerosos ejemplos de asociaciones simbióticas permanentes y de estructuras y rasgos de origen simbiótico. Cree que este tipo de procesos han sido y son abundantes y generalizados, lo que le ha llevado a enunciar una "nueva teoría evolutiva sobre el origen de las especies" que según ella ha de suplantarse al obsoleto neodarwinismo, la "Simbiogénesis".

La naturaleza abunda en ejemplos que apoyan esta idea. Desde los descendientes de antiguas fusiones, como la mentada célula eucariota, los líquenes, la *Euglena* y los cilios de algunos protistas, hasta las asociaciones como las bacterias del rumen o las de el tracto intestinal de las termitas, que se revelan tan íntimas que son *necesarias* para la existencia de al menos una de sus partes. Un ejemplo muy ilustrativo es el de las bacterias que producen -de manera necesaria- la angiogénesis intestinal, que es un proceso de desarrollo (Stappenbeck *et al.*, 2002)

Modos de evolución "excepcionales".

Muchos descubrimientos aislados, y estudios sobre hechos singulares, han dado lugar a propuestas y teorías que se han ido acumulando durante tiempo, siendo habitualmente adquiridas por los biólogos teóricos como "alternativas evolutivas". Es indispensable reflexionar sobre cuándo las evidencias pueden

permanecer como excepción en un marco general y cuando están desafiando la validez del mismo. Como la poliploidización, que ha producido especiaciones y no tiene *nada* que ver con las premisas sintéticas, pero ha “convivido” con la teoría sin cambiarla. Opino que hoy hay demasiadas evidencias sobre procesos evolutivos “diferentes” que o no casan o contradicen directamente la teoría sobre “cambios en las frecuencias génicas por selección y deriva”. Algunos ejemplos comprobados y otros sugerentes:

- La *transferencia larvaria* de Donald Williamson genera entusiasmo entre algunos zoólogos, pero hoy sigue siendo controvertida. No suele hablarse de ella, aunque ya ha sido presentada en algún manual (Gilbert *et al.*, 2006). Propone una explicación a la presencia de estadios larvarios (los hay en varios *phyla*), hecho fascinante pues formas *completamente* diferentes en morfología, fisiología, hábitos y nicho ecológico son generadas (y supuestamente debieron ser seleccionadas) partiendo de un mismo cigoto, y de un mismo genoma. La teoría consiste en que diferentes organismos, de taxones muy lejanos, “tuvieron sexo ilegítimo” y produjeron huevos quiméricos, reteniendo de forma variable las características de los progenitores, y mostrándolas en diferentes momentos de su ontogenia. Esto ha sucedido, según Williamson, de manera ciertamente excepcional, pero ha respaldado sus hipótesis con experimentos de laboratorio, consiguiendo ciertas “uniones” con bastante éxito entre *Ascidia* y erizos de mar. Hoy por hoy cree que la gran mayoría (si no todas) las especies con metamorfosis tuvieron este origen (Williamson, 2007). Acabe teniendo o no aceptación, es una teoría muy a tener en cuenta, pues la existencia de las larvas es sumamente incompatible con los razonamientos sintéticos.
- La *transferencia genética horizontal* (TGH), es un fenómeno por el cual un organismo, (o célula u orgánulo) traspasa información genética a otro -no descendiente- fuera de los modos de reproducción sexual clásica. Se descubrió en bacterias y es especialmente abundante en ese dominio (en el que se puede dar potencialmente entre *todos* los tipos bacterianos), pero hoy están comprobados ejemplos en y entre los cinco reinos (Ho, 2001). La TGH no es mendeliana, no se produce al azar y puede propagarse sin mediación de

la selección natural. La TGH, además, empezó desfigurando el “árbol de la vida”, y hoy pone serias dudas a su existencia (McInerney, 2008). El potencial evolutivo de este fenómeno es enorme, pues la transmisión de información mediante vectores como plásmidos o virus facilita y acelera la adquisición de innovaciones respecto a la herencia clásica (transmisión vertical), permitiéndola entre linajes diferentes y pudiendo darse entre varios individuos de la misma población, elevando mucho las probabilidades de permanencia de dichas innovaciones.

- Las *reorganizaciones cromosómicas* en su más amplio sentido, permiten cambiar la posición y el número de copias de los genes, con los consiguientes efectos sobre su expresión. Por ejemplo en la evolución de los distintos linajes de *Hominoidea*, encontramos multitud de inversiones para y pericéntricas, y en el caso de *Homo*, una fusión. Este tipo de eventos provoca cambios en la expresión de múltiples genes, causando generalmente cambios mayores que los esperables por sustituciones alélicas, como de hecho muestran los diversos síndromes por alteraciones cromosómicas. Otras reorganizaciones menos estudiadas son las propuestas por Neil Todd, hace ya más de cuarenta años, en su teoría de la “fisión cariotípica”: Los grandes cromosomas mediocéntricos pueden fisionarse para dar acrocéntricos más pequeños. Elaboró esta idea para explicar las enormes diferencias en el número de cromosomas que podían observarse entre especies muy cercanas, hecho que contradecía las hipótesis admitidas por los zoólogos, los cuales le ignoraron arguyendo que su idea era como “creer en los milagros”. La idea fue retomada mucho después por Robin Kolnicki, para explicar los dispares cariotipos de las cinco familias de lémures de Madagascar, que muestran de veinte a setenta cromosomas. La fisión cariotípica es sencillamente el proceso más explicativo para estos hechos, incompatibles con el gradualismo darwiniano, y para colmo podría tener su origen en un evento endosimbiótico, según especulaciones de Margulis (2002).
- *El lamarckismo*, que nunca fue invalidado por las tesis de Weissman, basadas en una barrera inventada. Todo el universo microbiano unicelular supone una excepción a este concepto, al ser *soma* y germen exactamente lo mismo.

Todo el universo vegetal también, con su capacidad para generar líneas germinales a partir de somáticas a lo largo de toda la ontogenia. E incluso el universo animal, en donde la línea germinal aparece después y a partir de la línea somática. Esto, la TGH y la actividad de los elementos móviles (en especial los retrovirus) permiten la “herencia de caracteres adquiridos”, y dado que además la activación y la inserción de estos últimos no se produce al azar, sino que se puede desencadenar a partir de factores externos, pueden entenderse como un mecanismo de respuesta al ambiente, proporcionando mecanismos lamarckianos. Así lo sugieren numerosos experimentos, desde los falsamente fraudulentos de Kammerer (Vargas, 2009) hasta los de Ted Steele sobre el sistema inmune.

Inadecuación de la Teoría Sintética.

El propósito de este trabajo es argumentar porqué la Teoría Sintética es hoy una teoría inadecuada y desfasada, incapaz de absorber coherentemente los nuevos datos que ofrecen la genética, la biología del desarrollo o la ecología. No puede renovarse porque las fallas incumben a todos sus planteamientos, y se necesita de una teoría nueva. Los esfuerzos por protegerla y por incluir de manera forzosa algunos de los avances de los últimos años han creado una situación de incongruencia, y han perjudicado la comprensión de fenómenos de importancia crucial, como por ejemplo el estudio de la parte no codificante de los genomas, debida a las interpretaciones deformadas de Dawkins.

Muchos científicos piensan que no se puede considerar errónea una teoría sin plantear otra alternativa, y así se lo exigen a los disidentes. En mi opinión son asuntos separados, y declarar como erróneo lo que es erróneo supone siempre un avance. Otra manera de ver esto es la que acostumbran a usar los físicos hoy en día. Su disciplina ha llegado a un grado de madurez, poder explicativo y capacidad predictiva envidiables, pero también ha sufrido unos cambios de paradigma tan profundos que ya se no buscan verdades y mentiras. Los físicos saben que sus modelos son transitorios, y que pueden resultar obsoletos en cualquier momento

por algún hallazgo. No son tan conservadores como en Biología y no tienen problema en cambiar de modelo si es necesario.

En biología hay ciertas cuestiones que necesitan nuevos modelos, ya que los proporcionados por la base teórica -la Síntesis, dentro de la cosmovisión darwinista- se han revelado inadecuados:

- *El modelo genético reduccionista* no es sostenible. Hoy es casi imposible definir lo que es un gen porque los diferentes fragmentos genómicos distinguibles en función pueden estar solapados y fragmentados, e interaccionan en redes con variados niveles de dependencia (GRNs, *genetic regulatory networks*). Su expresión no obedece al esquema “un gen, una proteína”, pues las proteínas resultan de la acción de varios procesos y de muchas moléculas, y de varias secuencias codificantes en muchos casos, y sino es así, *no se produce*. Una misma secuencia codificante puede dar lugar a muchas proteínas diferentes, mediante mecanismos de *splicing* alternativo, presentes hasta en la mitad de los genes humanos descritos (Landry *et al.*, 2003). Y a esto hay que sumar otras modificaciones post-transcripcionales como el *editing* y el *trans-splicing*. Pero si el esquema “un gen, una proteína” es simplista, qué se puede esperar de “un gen, un carácter”... La relación entre genoma y fenotipo se muestra hoy más difusa que nunca. La mayoría de los rasgos son poligénicos, y los genes están sujetos a la interpretación del entorno genético en que se encuentran, como demuestra que secuencias idénticas den productos diferentes en distintos tejidos u organismos. Los genes estructurales han tenido un protagonismo exagerado, y el “ADN basura” y los elementos extragenómicos (Moléculas portadoras de información, orgánulos, etc...) un olvido inmerecido: así lo muestra el hecho de que con los mismos genes se construyan distintos tipos celulares, o que los mismos genes den lugar a un pichón y luego a una paloma, o que *casi* los mismos genes den lugar a un humano o un ratón. Esto muestra que la regulación y la *gestión* de los genes por parte de los elementos reguladores es realmente la fuente de variabilidad: “*Los genes, piedra angular del desarrollo y funcionamiento de los organismos, no pueden explicar por sí solos qué hace a las vacas vacas y maíz al maíz. Los mismos genes se han manifestado en organismos tan diferentes como, digamos, ratón y medusa. Es más, nuevos hallazgos de una variedad de investigadores han puesto en claro que es el exquisito control por*

el genoma de la actividad de cada gen –y no los genes per se- lo que más importa” (Pennisi, 2004).

- *La naturaleza de los genomas* secuenciados y estudiados hasta ahora muestra una absoluta falta de concordancia con lo que podríamos esperar en base a los supuestos sintéticos de divergencia por mutaciones puntuales y sustitución de alelos. La complejidad fenotípica y las relaciones filogenéticas conocidas no guardan correlación alguna con el tamaño de los genomas (“paradoja del valor *C*”), ni con el número de genes. Lo que nos muestran los genomas es una gran cantidad de material genético formado por secuencias repetidas y elementos móviles, cuya presencia, número y distribución sí se correlacionan con los esquemas filogenéticos. Este hecho no encaja con los mecanismos ofrecidos por la teoría actual y por ello “*se plantea que es necesario un nuevo marco conceptual para entender el papel del ADN repetitivo en los sistemas genéticos/epigenéticos y que las “narrativas” neodarwinistas han sido el obstáculo fundamental para dilucidar los efectos de esos enigmáticos componentes de los cromosomas”* (von Sternberg, 2009).

El hecho es que están relacionados con los saltos organizativos de procariota a eucariota, de unicelular a pluricelular, de invertebrado a vertebrado, de vivíparo a mamífero... y su estudio ha servido para afianzar las relaciones filogenéticas entre algunos taxones, debido a su especificidad. Tal es el ejemplo de las secuencias *Alu* de primates, las *LINE-1* de mamíferos y de las familias de retrovirus endógenos (ERVs) en general (Ver revisiones de Sandín, 2005; Sentís, 2002 y López *et al.*, 1999).

- *La naturaleza de las relaciones ecológicas* se revela muy diferente de la aportada por la teoría convencional, pues de Darwin hasta Dawkins siempre ha primado la visión de un mundo vivo gobernado por “la competencia”. Este concepto es de hecho un punto clave en la teoría, que necesita del mismo. Por ello se han gastado tantos esfuerzos en discutir la posibilidad del comportamiento cooperativo, o la naturaleza de las simbiosis. Más allá de la simpatía o no que estos conceptos despierten en los diferentes científicos, es importantísimo tener en cuenta que en ciencia se precisan términos concretos y objetivos, y que aparte del uso de símiles para la divulgación deben buscarse siempre conceptos definibles para poder someterlos a falsación. No se deben atribuir cualidades humanas o psicológicas a entes sin consciencia, porque entonces se pierde la validez científica. El origen de

este problema radica en la enorme componente social que acompañó siempre al darwinismo desde su misma génesis, y al recurrente uso por parte del mismo de conceptos pseudocientíficos (Sandín, 2000; Margulis, 2002; Olarieta Alberdi, 2010). Así, “competencia” se ha usado profusamente en ecología como un tipo de relación entre organismos. Aunque no es demasiado apropiado, puede darse por válido en tanto que sea definible, pero en ningún caso “competidor” o “competitivo” puede ser un término atribuible a un ente biológico inconsciente.

Volviendo a la teoría convencional, ésta propone la competencia como relación ecológica fundamental. Aparte de los muchos ejemplos de asociaciones e integraciones en todo el mundo vivo, y de la extraordinaria importancia de los mismos como motores evolutivos (Margulis, 2002), los conocimientos actuales sobre la extrema diversidad, ubicuidad y cantidad de microorganismos presentes en todos los ecosistemas y organismos apuntan a que las relaciones tróficas e incluso genéticas son en su mayoría de tipo asociativo, y que los conceptos de depredación o parasitismo pierden sentido ante la idea de que los organismos no son seres autónomos ni aislados.

Nuevas ideas para una nueva biología.

Al principio del trabajo he expuesto la importancia, en ciencia, de tener una base teórica. Ante la inadecuación de la Teoría Sintética para explicar los fenómenos biológicos, un primer paso sería prescindir de ella para poder interpretar con nueva óptica los datos que la creciente capacidad técnica nos ha brindado y sin duda brindará. Un segundo paso, es buscar modelos y teorías adecuados para los mismos. Y un tercero, no necesario pero sí muy deseable, es encontrar una base teórica general unificadora.

La biología evolutiva comprende el estudio de todos los procesos evolutivos posibles, y por ello mismo, todos los campos de estudio relacionados deben aportar sus progresos a la misma. Así, los diferentes procesos evolutivos descubiertos en microorganismos, en plantas o en insectos deben ser tenidos en cuenta y encontrar su lugar en la teoría general, en vez de desarrollarse aparte como excepciones de una teoría “zoocentrista” como la sintética.

Por ello, se necesita un nuevo marco conceptual que englobe y acoja correctamente a todos los fenómenos asociados a la evolución que no han tenido su lugar en la teoría convencional: las mutaciones homeóticas, las reorganizaciones cromosómicas, la actividad de los elementos móviles, la endosimbiosis, la fisión cariotípica... Hay tantos “modos de evolución” en el rico mundo vivo que parece que no pueden obedecer a ningún principio general.

Lo cierto es que hay teorías que sí ofrecen un modelo adecuado para todos estos fenómenos. La “Teoría General de Sistemas” de Ludwig von Bertalanffy es la mejor candidata a base teórica fundamental, pues trata el funcionamiento de los sistemas complejos. Y las células, los organismos y los ecosistemas son sistemas complejos. Este mismo autor ya la propuso como modelo en Biología, así como Ilya Prigogine, con sus estructuras disipativas.

Respecto al cambio, los sistemas complejos sólo pueden salir de su estado desorganizándose o “saltando” a un nivel de complejidad mayor (es lo que ocurre en un “punto” de bifurcación de Prigogine). Esto remarcaría la condición cuantizada y no gradual del cambio evolutivo.

Los cambios en el nivel de organización suponen el establecimiento de un sistema cualitativamente nuevo, que ha de ser funcional para poder continuar siendo un sistema estacionario alejado del equilibrio termodinámico.

La más sencilla manera de lograr un salto cualitativo a un estado funcional es por adición de otro sistema ya funcional en sí. A este respecto, la Simbiogénesis de Margulis (2002) o la más general –y antigua- Integración de Sistemas Complejos de Sandín (1997) suponen teorías sumamente atractivas. La adquisición de “paquetes” con sentido e información propias como genes, virus, genomas u organismos completos es una manera de no tener que pasar por formas transitorias carentes de funcionalidad, y que además puede ser realizada por varios individuos de una misma generación, evitando la posibilidad de perderse por causas estocásticas.

Concretamente, la actividad de trasiego y creación de información por parte de los elementos móviles (olvidada por algún motivo en la teoría de Margulis), y muy especialmente las de los retrovirus, se muestra como una de las fuerzas evolutivas más potentes y explicativas, habiendo conformado la estructura de los

genomas. Así lo vislumbraron McClintock y Fred Hoyle, y así lo creen hoy Sandín (1995), Shapiro (2010), Villareal (2004) o Forterre (2006).

III – CONCLUSIONES.

La Biología se encuentra en un periodo de gran relevancia y expansión, debido a la gran cantidad de descubrimientos esenciales que se han realizado en las tres últimas décadas, en concreto en biología molecular. Éstos le han conferido una creciente importancia social por los avances que han implicado en áreas como medicina o biotecnología.

La Teoría Sintética es la base teórica oficial que pretende dar coherencia transversalmente a los fenómenos biológicos. Pero se ha revelado anacrónica e inadecuada para explicar correctamente los hechos y no permite una interpretación coherente de los nuevos datos, entorpeciendo la investigación.

Por ello hace falta un nuevo marco teórico que dé sentido a los mismos y guíe la investigación por caminos más fructíferos y seguros. Como ejemplo, se hace necesaria una correcta reinterpretación de la naturaleza y papel de los virus endógenos para comprender problemas como el SIDA o el cáncer, y para discutir la peligrosidad potencial de nuevas aplicaciones como la terapia génica, los transgénicos o los xenotransplantes. En general, una teoría que permita integrar los conocimientos de las diferentes áreas de estudio e incluso los de otras disciplinas para dar una ciencia biológica completa al servicio de la sociedad venidera.

AGRADECIMIENTOS

En primer lugar agradezco sus aportaciones a todos los proscritos de la Biología, la Ciencia y el Pensamiento en general, hayan o no contribuido a las revoluciones que han provocado el genuino avance, por haberme hecho pensar en tan variados temas, forzándome a buscar la crítica y las nuevas ideas. Y por hacer a la ciencia tan polémica y divertida! En segundo lugar, a mi compañero Daniel Heredia, por las escasas pero intensas y fructíferas discusiones en estos temas, y por su genial Proyecto Fin de Carrera, lleno de buenas ideas y fuente de inspiración para el mío. En tercer lugar, aunque parezca poco académico, a la bendita y maravillosa Internet, que aun con sus defectos, supone en mi opinión la mayor revolución acontecida en el mundo del conocimiento. Por último, y muy especialmente, a Máximo Sandín por su labor creadora de mentes inquietas, por sus teorías y sobre todo por sus clases y su compañía todos estos años de facultad.

REFERENCIAS

Birky Jr., C. W. (1994): "Relaxed and stringent genomes: Why cytoplasmic genes don't obey Mendel's laws". *The Journal of Heredity*, Vol. 85.

Cairns, J. & Foster, P. L. (1991): "Adaptive reversion of a frameshift mutation in *Escherichia coli*". *Genetics* 128: 695-701.

Chauvin, R. (2000). Darwinismo: El Fin de un Mito. *Espasa Calpe*.

[The] Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium (2005): "Initial sequence of the chimpanzee genome and comparison with the human genome". *Nature* 437, 69-87.

Cohn, M.J. & Tickle, C. (1999): "Developmental basis of limblessness and axial patterning in snakes". *Nature*, 399: 474-479.

Crick, F. (1970): "Central Dogma of Molecular Biology". *Nature* 227, 561-563.

Dobzhansky, T. (1951): Genetics and the origin of species. *Columbia University Press*. New York.

Dressino, V. & Lamas, S. G. (2006): "Problemas del programa adaptacionista y su influencia en la teoría sintética". *Episteme*, v. 11, n. 24, p. 403-418.

Eldredge, N. (1997): "Síntesis inacabada". *Fondo de cultura económica*. México.

[The] ENCODE Project Consortium (2007): "Identification and analysis of functional elements in 1% of the human genome by the ENCODE pilot Project". *Nature*, 447:799-813.

Forterre, P. (2006): "The origin of viruses and their possible roles in major evolutionary transitions". *Virus Research*. Volume 117, Issue 1, Pages 5-16.

Galera, A. (2000): "Los guisantes mágicos de Darwin y Mendel". *Asclepio*, Vol. LII, 2 (2000), 213-222.

Galera, A. (2002): "Modelos evolutivos predarwinistas". *Arbor*, TOMO CLXXII, Nº 677: 1-16.r

Gilbert, S. F. & Singer, S. R. (2006): *Developmental Biology*, Eighth Edition. Sunderland, MA: Sinauer Associates.

Goldschmidt, R. (1940): *The Material Basis of Evolution*. New Haven. Yale University Press.

Goodwin, B. (1999): *Las manchas del leopardo: La evolución de la complejidad*. Tusquets.

Grassé, P. (1977): *La evolución de lo viviente*. Hermann Blume.

Harris, C. L. (1985): *Evolución: génesis y revelaciones*. Hermann Blume.

Ho, M. (2010): *Ingeniería genética: ¿sueño o pesadilla?*; Gedisa.

Hoyle, F. & N. C. Wickramasinghe, N. C. (1992): *La evolución de la vida desde el espacio exterior*. Fondo de Cultura Económica, México. ISBN: 968-16-3551-5.

[International] Human Genome Sequencing Consortium (2001): "Initial sequencing and analysis of the human genome". *Nature*, 409:860-921.

Kerr, R. (1995): "Did Darwin get it All Right?". *Science* **267**: 1421.

Kimura, M. (1968): "Evolutionary rate at the molecular level". *Nature* 217 (5129): 624 - 626.

Knight, J. (2002): "Physics meets biology: Bridging the culture gap". *Nature*, 419: 244-246.

Landry J, *et al.* (2003): "Complex controls: the role of alternative promoters in mammalian genomes". *Trends in genetics*, 10: 640-647.

Lewontin, R. C. (1993): *The doctrine of DNA. Biology as ideology*. Penguin Books. London, New York.

López, M. C. *Et al.* (1999): "Elementos móviles: ¿Ventaja evolutiva o parasitismo molecular?" *Ars Pharmaceutica*, 40:1; 5-24.

Margulis, L. & Sagan, D. (2003): *Captando genomas*. Kairós.

Maynard Smith, J. (1984): *La teoría de la evolución*. Hermann Blume.

- McClintock, B. (1984): "The significance of responses of the genome to challenge". *Science* 226: 792-801.
- McInerney, J. (2008): "The prokaryotic tree of life: past, present...and future?". *Trends in Ecology & Evolution*, Volume 23, Issue 5, 276-281.
- Mitman, G. & Fausto-Sterling, A. (1989): "Whatever happened to Planaria? C.M. Child and the physiology of inheritance", En "The Right Tool for the Right Job: At Work in Twentieth-Century Life Sciences" (A.E. Clarke & J.H. Fujimura, eds.). *Princeton University Press*.
- Monod, J. (1971): El azar y la necesidad. *Barral*, Barcelona.
- Mouse Genome Sequencing Consortium (2002): "Initial sequencing and analysis of the mouse genome". *Nature*, 420:520-562.
- Olarieta Alberdi, J. M. (2010): "Lysenko. La teoría materialista de la evolución en la URSS". *Nómadas. Revista crítica de ciencias sociales y jurídicas. Theoria UCM*. ISSN 1578-6730. (<http://www.ucm.es/info/nomadas/trip/lysenko.html>)
- Pennisi, E. (2004): "Searching for the Genome's Second Code". *Science* 306: (5696) 632-635.
- [International] Rice Genome Sequencing Project (2005): "The map-based sequence of the rice genome". *Nature*, 436:793-800.
- Ronshaugen, M. *et al.* (2002): "Hox protein mutation and macroevolution of the insect body plan". *Nature*, 415: 914-917.
- Sánchez Ron, J. M. (2001): El jardín de Newton. La ciencia a través de su historia. *Crítica*.
- Sandín, M. (1995): Lamarck y los mensajeros. La función de los virus en la evolución. *Istmo*.
- Sandín, M. (1997): "Teoría Sintética: crisis y revolución". *Arbor*, Tomo CLVIII, N.º 623-624.
- Sandín, M. (2000): "Sobre una redundancia: el darwinismo social" *Asclepio*, Vol. LII, Fascículo 2.
- Sandín, M. (2005): "La transformación de la evolución". *Boletín de la Real Sociedad Española de Historia Natural. Sección Biológica*. Tomo 100 (1-4), 139-167.
- Schindewolf, O. (1993): "Basic Questions in Paleontology: Geologic Time, Organic Evolution and Biological Systematics". *The University of Chicago Press*.
- Sentís, C. (2002): "Retrovirus endógenos humanos: significado biológico e implicaciones evolutivas". *Arbor*, TOMO CLXXII, N.º 677: 135-166.
- Shapiro, J. A. (2010): "Mobile DNA and evolution in the 21st Century"; *Mobile DNA* 2010, 1:4 (<http://www.mobilednajournal.com/content/1/1/4>)

Stappenbeck, T.S. *et al.* (2002): "Developmental regulation of intestinal angiogenesis by indigenous microbes via Paneth cells". *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.*; 99(24): 15451–15455.

Vargas, A. O. (2009): "Did Paul Kammerer discover epigenetic inheritance? A modern look at the controversial midwife toad experiments". *Journal of Experimental Zoology, Molecular and Developmental Evolution*, 312B.

Villarreal, L. P. (2004): *Viruses and the Evolution of Life. ASM Press.*

Von Sternberg, R. (2002): "On the Roles of Repetitive DNA Elements in the context of a Unified Genomic-Epigenetic System". *Annals of the New York Academy of Sciences*, 981: 154-188.

Walbot, V. (1985): "On the life strategies of plants and animals". *Trends in Genetics* 3: 165-169.

Wells, J. (1999): "Second Thoughts about Peppered Moths. This classical story of evolution by natural selection needs revising". *The Scientist*, Vol:13, Nº 11, p. 13.

Williamson, D. I. (2007): "The Origin of Larvae". *American Scientist*, 95 (6): 509-517.