

eVOLUCIÓN

Boletín de la Sociedad Española de Biología Evolutiva
Vól. 14(11) Septiembre 2020



SESBE^e
Sociedad
Española de
Biología
Evolutiva

Sumario

Carta del Presidente	3
Aportaciones de la paleogenómica al estudio de la evolución humana	5
<i>Carles Lalueza, Institut de Biologia Evolutiva, Barcelona</i>	
La evolución, herramienta básica para estudiar los virus SARS-CoV-2	17
<i>Fernando González Candelas, Universitat de València</i>	
Diseño inteligente. 40 años de pseudociencia amerizados en la modernidad líquida posverdadera	35
<i>Vicente Claramonte Sanz, Universitat de València</i>	
Estado actual de la teoría de la evolución en la normativa educativa curricular española.....	47
<i>Ánxela Bugallo-Rodríguez y Lucía Vázquez-Ben, Universidade de A Coruña</i>	
An interview with Eörs Szathmáry.....	60
<i>Mauro Santos, Universitat Autònoma de Barcelona</i>	
En recuerdo de Ignacio Ribera (1963-2020)	73
La SESBE lanza el Premio Pere Alberch bianual a la mejor tesis doctoral	77
Congreso SESBE Sevilla 2020	79
Congreso EVOKE 2021	84

Carta del Presidente de la SESBE



Toni Gabaldón

Parece que fue ayer cuando nos juntamos en Sevilla en el último y exitoso congreso de la SESBE a principios del pasado mes de febrero (puedes leer un resumen en este número de eVOLUCIÓN), y desde entonces todo ha cambiado. Entonces aquel coronavirus “de Wuhan” se nos antojaba muy lejano. Ahora el SARS-Cov2, las mascarillas, las noticias de contagios diarios, etc., son algo desgraciadamente cotidiano. Desde estas líneas quiero expresar mi deseo de salud a todos y todas. Además de ser un problema sanitario que ha impactado todos los ámbitos, incluido el de la investigación, esta pandemia ha puesto la evolución en primera línea. Patógenos que saltan de unas especies a otras, variabilidad poblacional, relación entre genotipo y fenotipo, adaptación, resistencia, propagación, supervivencia, son todos ellos conceptos que requieren una aproximación evolutiva. Son numerosos los grupos de investigación de socios de la SESBE que han puesto sus cono-

cimientos y recursos en pos de entender y combatir este patógeno, y desde la SESBE nos sentimos orgullosos. También de aquellos que han explicado y divulgado a la sociedad los aspectos evolutivos de esta pandemia. Como ejemplo, en este número de eVOLUCIÓN tenéis un interesante artículo de Fernando González Candelas.

Pese al largo confinamiento y las nuevas dificultades, la SESBE no ha cesado en sus iniciativas, que quiero resumir en las próximas líneas. En primer lugar, quiero recordar que tras la asamblea celebrada en el congreso de Sevilla renovamos la junta directiva con la salida de Cori Ramón, Inés Álvarez, Susanna Manrubia, y Amparo Latorre, y la entrada de Isabel Al mudí, Ricarda Riina, Pau Carazo, y Ester Lázaro. Debemos agradecer a las personas que dejan la Junta por todo el trabajo que han realizado y a las que entran por dar un paso adelante. En la asamblea también se presentó a Antoni Fontdevila

como editor en jefe del boletín eVOLUCIÓN. Fruto de su trabajo y el de todo el equipo editorial es este número. Como ya presenté anteriormente, esperamos que este nuevo formato contribuya de manera más eficiente a la divulgación de la evolución en general, y de las actividades de la SESBE en particular. Una de las iniciativas discutidas en la asamblea y que ha sido una de las primeras acciones de la Junta Directiva, es el establecimiento del Premio Pere Alberch a la Mejor Tesis Doctoral en Biología Evolutiva a fin de promover y premiar la investigación de excelencia en esta disciplina. El premio será otorgado cada dos años y va dirigido a doctoras/es en biología y áreas relacionadas que hayan defendido su tesis con un importante impacto en el área de la Biología Evolutiva. Con este premio la Sociedad quiere también rendir un modesto pero sentido homenaje a Pere Alberch (Badalona 1954- Madrid 1998), que sin duda es una de las figuras recientes más destacadas en el campo de la evolución. Otras iniciativas en las que estamos trabajando incluyen el establecimiento de un sistema de mentoría para jóvenes investigadores/as y una serie de videos cortos de divulgación sobre evolución, entre otras. Si tienes ideas al respecto, quieres contribuir en alguna de estas iniciativas, o quieres promover el lanzamiento de otras iniciativas que encajen dentro de

los objetivos de la SESBE, no dudes en ponerte en contacto con nosotros. El factor limitante actual es la falta de socios/as dedicando esfuerzo a transformar en hechos las muchas iniciativas que hemos discutido. Como dije anteriormente, una prioridad de la SESBE es aumentar su base de socios/as y promover mecanismos para que estos se puedan implicar más directamente en las acciones de la sociedad.

Por último, quisiera poner la vista en un horizonte que todos ansiamos y que nos permita encontrarnos y abrazarnos de nuevo. El próximo congreso de la SESBE tendrá lugar en Vigo, a principios de 2022. Emilio Rolán y otros miembros del comité organizador están ya trabajando en su organización. Además, en verano de 2023 la SESBE acogerá el congreso bianual de la ESEB, nuestra sociedad homóloga a nivel europeo, en un congreso que tendrá lugar en Barcelona. Son tiempos de gran incertidumbre respecto a la organización de congresos y la SESBE está ya estudiando posibles medidas de contingencia y alternativas en el caso de que existan limitaciones de algún tipo. Desde la SESBE, continuaremos evolucionando y adaptándonos a este entorno cambiante.

Toni Gabaldón

Presidente de la SESBE

Aportaciones de la paleogenómica al estudio de la evolución humana

Carles Lalueza-Fox, Institut de Biologia Evolutiva, Consejo Superior de Investigaciones Científicas-Universitat Pompeu Fabra
carles.lalueza.fox@gmail.com

En la última década, la aparición de las plataformas de secuenciación de segunda generación y la mejora de las técnicas de extracción del material genético, que han permitido recuperar fragmentos de ADN muy cortos que antes se perdían, ha conllevado la obtención de numerosos genomas antiguos que han revolucionado el conocimiento de nuestro propio proceso evolutivo. Desde hace unos pocos años, disponemos de genomas completos (un concepto que se refiere siempre a la fracción “cartografiable” del genoma humano) no solo de otras especies o linajes humanos como los neandertales o los llamados denisovanos, sino también de un

número cada vez mayor de individuos del pasado pertenecientes a un amplio abanico de horizontes culturales y regiones geográficas.

La información genómica obtenida permite obtener evidencias sobre adaptación, hibridación, demografía, migraciones o estructura social, que a su vez también pueden explorarse a través de observaciones arqueológicas o paleontológicas en el registro fósil, e incluso, en períodos más recientes, con datos históricos y lingüísticos. De forma indirecta pues, la paleogenómica ofrece también la oportunidad de contribuir a una visión multidisciplinar del pasado humano.

“Los humanos modernos no africanos tenían un 2-2,5% de secuencias genéticas que derivaban de los neandertales”

Límites temporales

A pesar del éxito en la recuperación de información parcial de humanos arcaicos del Pleistoceno Medio de hace unos 430.000 años y procedentes de Sima de los Huesos en Atapuerca, Burgos, España (Meyer et al. 2016), es preciso mencionar que la mayoría de restos fósiles de estas cronologías, e incluso posteriores, no contienen suficiente ADN de la especie de interés que permita su recuperación. Los límites temporales de la técnica no están claros, aunque la preservación del ADN depende de factores ambientales, de forma notable la baja temperatura. La identificación bioinformática marca otro de los límites de la paleogenómica: a medida que el material genético se degrada, los fragmentos son cada vez más cortos. En la actualidad se descartan los fragmentos menores de 30 nucleótidos; así, aunque haya muestras muy antiguas que conserven fragmentos cortos de ADN, quizás no seremos capaces de identificarlos con certeza. Como consecuencia de estas dificultades, el número de yacimientos antiguos que han proporcionado información genética es limitado en términos temporales y geográficos, y, de éstos, tan solo unos pocos han proporcionado datos del genoma nuclear (el genoma

mitocondrial, aparte de ser mucho más pequeño, es más accesible al estar representado por centenares de copias en cada célula). Incluso si asumimos que en el futuro podrá recuperarse ADN que, en ausencia de fósiles visibles, se encuentra en muestras más abundantes como son los propios sedimentos de los yacimientos arqueológicos (procedente quizás de rastros de orina o de sangre), hay que asumir que siempre tendremos una información genética parcial de las complejidades de la evolución humana, cuyo linaje se separó del de los chimpancés hace unos 6 millones de años.

Afortunadamente, una posible solución a estas limitaciones es el hecho de que las proteínas del esmalte dentario se conservan varios millones de años (al menos dos o tres, nuevamente dependiendo de las condiciones térmicas). Esta aproximación permitirá en el futuro obtener información molecular temporal detallada -y por tanto, generar filogenias ancestrales- de algunas de las ramas principales de la dispersión de los homíninos (llamamos así a todas las especies que aparecen desde la separación con el linaje del chimpancé hasta la actualidad, mientras que reservamos el término homínido para todas las especies que derivan del origen común de todos los gran-

des simios, es decir, orangutanes, gorilas, chimpancés, bonobos y humanos). Es de esperar, por ejemplo, que tendremos datos moleculares de representantes del género *Australopithecus*, que aparece en el registro fósil africano entre hace unos 4 y unos 2 millones de años y que se considera el antepasado inmediato del género *Homo*.

Aspectos técnicos

La zona coclear de la región petrosa (es decir, la parte del hueso que rodea y protege el oído interno) del hueso temporal es el mejor receptáculo de ADN en muestras antiguas, seguida de la raíz de los dientes y el tejido compacto de los huesos largos. Desafortunadamente, el uso de regiones petrosas requiere un grado de destrucción del fósil que no siempre es aconsejable en fósiles únicos y valiosos, y, aunque pueda accederse a este tipo de muestra, la obtención de genomas completos no siempre es económicamente viable y/o científicamente aconsejable. Un parámetro clave es la fracción de ADN endógeno (de la especie de interés) presente en una muestra respecto al ADN de otras procedencias; en muchos casos, este valor puede estar cercano -o incluso ser inferior- al 1%, lo que significa que hay que descartar 99 de cada 100 secuencias generadas. En casos así, es simplemente impráctica la aproximación de secuenciar al azar, sin selección previa de ningún tipo, todo el material genético

presente en un extracto de ADN. En los últimos años se han desarrollado diversos sistemas orientados a enriquecer los extractos generados a partir de muestras antiguas para regiones genómicas específicas, ya sean el genoma mitocondrial, el exoma (la secuencia genómica de los exones, que a su vez constituyen la parte de cada gen que codifica una sección de la proteína), el cromosoma 21, o simplemente una batería de marcadores polimórficos.

“La hibridación...ha propiciado adaptaciones más rápidas a nuevos entornos ecológicos a medida que los humanos se expandían fuera de África.”

Asimismo, la exploración de ciertas inferencias demográficas o biológicas a partir de la información genómica requiere la correcta identificación de los heterocigotos. Esto solo puede conseguirse en genomas secuenciados a una cobertura (definida por el número promedio de copias de ADN que cartografían cada nucleótido del genoma) relativamente elevada, de forma ideal al menos a 10-15x. Aunque existen ahora mismo varios miles de genomas humanos secuenciados, cuando miramos las calidades de secuencia, se reducen a un par de

decenas fiables. Tenemos sólo 2 genomas neandertales de calidad, uno procedente de la cueva de Denisova (en las montañas Altai en Rusia) y denominado de forma informal "Altai", secuenciado a una cobertura de 50x (Prüfer et al. 2014) y otro procedente de la cueva croata de Vindija, etiquetado como 33.19 y secuenciado a 30x (Prüfer et al. 2017). Disponemos de varios genomas de baja cobertura (entre 0.5x y 1.2x) procedentes de Mezmaiskaya en el Cáucaso, Les Cottés y Goyet en

Francia, Spy en Bélgica y nuevamente en Vindija, así como exomas y cromosomas 21 para otros especímenes, entre ellos El Sidrón en Asturias, España (Castellano et al. 2014, Kuhlwilm et al. 2016). Para los denisovanos (homíninos distintos de los neandertales procedentes en su mayoría de la cueva de Denisova, a la que deben el nombre), sólo está disponible un genoma de alta calidad, a 30x de cobertura (Meyer et al. 2012). (Ver Figura 1 para la localización geográfica)

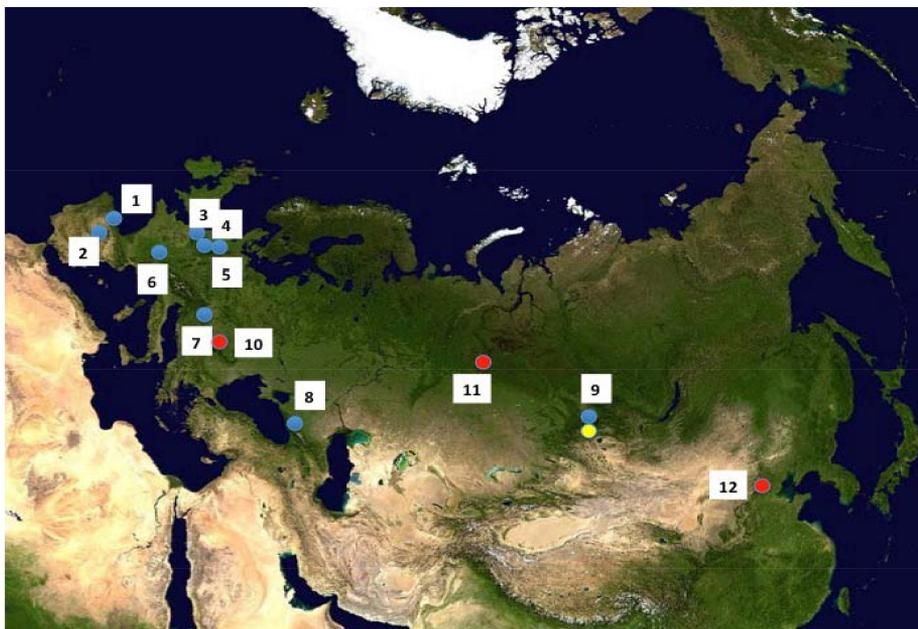


Figura 1: Mapa de Eurasia con los principales yacimientos que han proporcionado datos genómicos suficientemente extensos como para realizar inferencias evolutivas en humanos modernos (círculos rojos), neandertales (círculos azules) y denisovanos (círculo amarillo) en antigüedades cercanas a los 40.000 años o superiores 1: El Sidrón (España); 2: Sima de los Huesos, Atapuerca (España); 3: Spy (Bélgica); 4: Goyet (Bélgica); 5: Feldhofer (Alemania); 6: Les Cottés (Francia); 7: Vindija (Croacia); 8: Mezmaiskaya (Rusia); 9: Denisova (Rusia); 10: Oase (Rumanía); 11: Ust'-Ishim (Rusia); 12: Tianyuan (China). (Adaptado de wikipedia.commons: <https://commons.wikimedia.org/wiki/Eurasia>).

Hibridación

Aún con las limitaciones de muestra antes expuestas, existen numerosas cuestiones evolutivas que desde la genómica pueden ser exploradas con un nivel de solidez científica sin precedentes. La hibridación o el flujo génico (denominación dependiente de si consideramos estos linajes humanos como especies diferentes o no), ha resultado ser una fuente importante de variación en la evolución humana. Hasta hace una década, la visión mayoritaria de la comunidad científica era que los humanos modernos habían salido de África hacía cerca de 65.000 años y se habían expandido por el resto de continentes, reemplazando en este proceso los linajes arcaicos locales como los neandertales en Europa. Los primeros datos genéticos neandertales, que se basaron en el ADN mitocondrial, parecieron apoyar esta visión, ya que todos eran distintos de los mitocondriales humanos actuales. El paradigma empezó a cambiar con la publicación del primer genoma neandertal, cuando se pudo constatar que los humanos modernos no africanos tenían un 2-2,5% de secuencias genéticas que derivaban de los neandertales (Green et al. 2010). Con la secuenciación del genoma de un denisovano -un linaje humano arcaico contemporáneo a los neandertales pero de distribución asiática- se constató que las poblaciones humanas modernas de Oceanía tenían un 4,5% adicional de genes de-

nisovanos, lo que implicaba un segundo encuentro entre nuestros antepasados y homíninos arcaicos (en este caso, los mencionados denisovanos).

Desde entonces, las evidencias de mezclas genómicas adicionales a las dos primeras no han parado de acumularse; por ejemplo, se ha podido detectar una señal genómica de humanos modernos arcaicos al menos en el neandertal del Altai (Kuhlwilm et al. 2016), un antepasado neandertal reciente (4-6 generaciones atrás en la genealogía de dicho individuo) en un *Homo sapiens* del Paleolítico superior de

“La lista de genes que son diferentes entre los neandertales y el Homo sapiens es más bien pequeña, de cerca de un centenar.”

Rumanía (Fu et al. 2015), o un individuo de la cueva de Denisova que era un híbrido de primera generación y que tenía un padre denisovano y una madre neandertal (Slon et al. 2018).

Lo que es más relevante es que todos estos acontecimientos de mezcla proporcionan una visión distinta -y cada vez más compleja- de la evolución humana, en la que predomina la hibridación como mecanismo que ha propiciado adaptaciones

más rápidas a nuevos entornos ecológicos a medida que los humanos se expandían fuera de África.

Linajes “fantasma”

Cuando se desarrollan modelos sobre la inferencia de los genomas ancestrales que han originado los genomas actuales, a veces es posible detectar una señal de que

un genoma ha recibido flujo génico de una población diferente aunque desconocida. El origen de dicho flujo génico se denomina de manera informal como “población fantasma” porque puede ser reconocida pero no estudiada directamente. Se han propuesto diversos linajes “fantasma” desde la paleogenómica; quizás el más sorprendente es uno que contribuyó una cantidad difí-

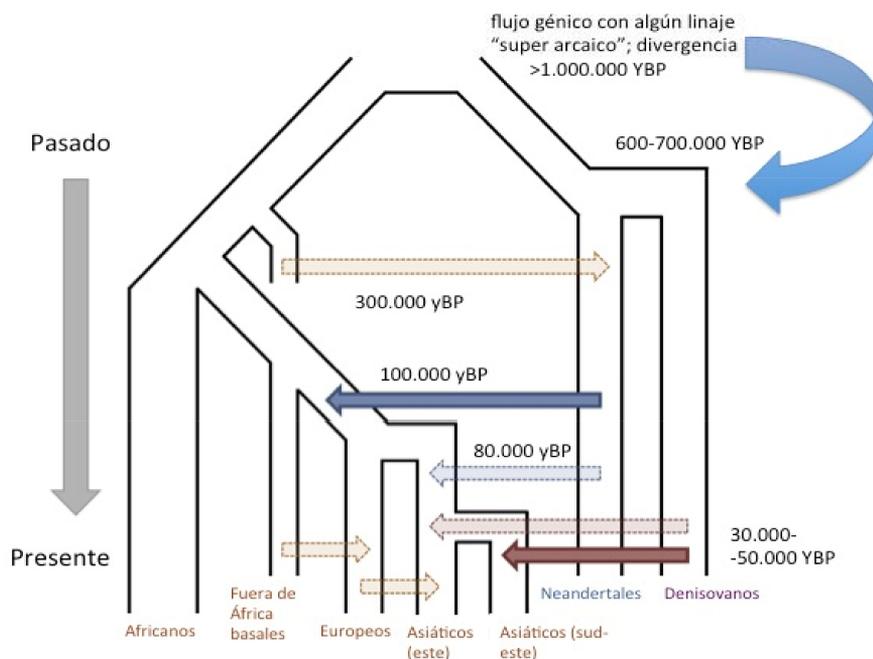


Figura 2: Árbol filogenético que muestra los principales eventos de hibridación dentro de los linajes humanos (ser humano moderno, neandertales y denisovanos) que han podido ser detectados desde el análisis genómico con las fechas aproximadas (YBP indica años de antigüedad). Existe un consenso generalizado de que existieron al menos dos eventos de flujo génico (flechas de contornos más marcados): uno de neandertales a la población ancestral euroasiática y otro de denisovanos a las poblaciones del sud-este asiático (con la inclusión de Oceanía). Otros posibles movimientos de flujo génico, como los ocurridos entre diferentes poblaciones de humanos modernos que habrían diluido la señal original de mezcla neandertal, todavía requieren de confirmación adicional. Modificado de Wolf, A.B., and Akey, J.M. (2018) PLoS Genet 14(5): e1007349.

cil de estimar pero pequeña (entre el 0,5% y el 8%) al genoma de Denisova, quizás hace un millón de años (Reich et al. 2010). Este linaje denominado “super-arcaico” ha sido interpretado desde el registro fósil como perteneciente a *Homo erectus*. Sin embargo, dicha interpretación se complica al haber evidencia de que los denisovanos estaban separados geográficamente en dos poblaciones diferenciadas y por lo tanto la contribución de este potencial homínino tan antiguo es difícil de acotar.

Se han descrito otras poblaciones “fantasma”, algunas de las cuales han contribuido al genoma de poblaciones de humanos modernos. Se han propuesto linajes arcaicos que han contribuido en mayor o menor grado a grupos cazadores-recolectores actuales de África, aunque en ausencia de genomas arcaicos en dicho continente esto es difícil de validar. Un estudio reciente (Lipson et al. 2020) ha detectado una población “fantasma” con cierta credibilidad alrededor del Sahel, en África, que habría contribuido a poblaciones actuales -como los Mende- y antiguas del centro de África pero de la cual no tenemos ningún representante vivo ni fósil. Se ha sugerido que el cráneo arcaico de Iwo Eleru de Nigeria, datado en hace tan sólo 13.000 años, podría ser un representante de dicha población; aunque, desafortunadamente, no ha sido posible extraer ADN de dicho resto.

Es interesante constatar que estos grupos “fantasma” no son exclusivos del linaje humano. Recientemente se tienen evidencias de introgresión entre los antepasados de los bonobos y los antepasados de dos subespecies de chimpancés, hace entre unos 200.000 y 500.000 años, así como

“La extinción de los linajes humanos neandertales y denisovanos no fue un proceso abrupto, sino en gran medida la culminación de un largo proceso demográfico.”

introgresión muy lejana de un linaje desconocido de un gran simio hacia los bonobos.

Adaptación

Con la publicación del genoma neandertal (Green et al. 2010; ver también Pääbo 2014), se hizo evidente que la lista de genes que son diferentes entre los neandertales y el *Homo sapiens* es más bien pequeña, de cerca de un centenar. Esta paradoja es difícil de reconciliar con las notables diferencias fenotípicas observables en el esqueleto, pero en cierta forma encuentra paralelos en la comparación a nivel de la secuencia de ADN en genes codificadores de proteínas entre humanos y chimpancés, que en su momento resultó sorpresiva por

ser baja (1-1,5%). Más allá de la exploración de las repercusiones funcionales de dicho listado de genes, parece evidente que las diferencias fenotípicas deben encontrarse en la forma diferencial en que los genes están regulados. Pero determinar los cambios regulatorios es una tarea más compleja que entender cómo un cambio de aminoácido puede afectar a una proteína.

Cuando se observa la lista de genes que muestran cambios, muchos de ellos parecen estar relacionados con aspectos metabólicos, fisiológicos, neurológicos e inmunológicos (Green et al. 2010). Desde la consecución de los genomas neandertal y denisovano, ha habido, sin embargo, un progreso limitado en la comprensión de la repercusión funcional de dichas observaciones, algo que quizás en el futuro podrá mejorarse con la creación de organoides con las variantes arcaicas incorporadas, o mediante la creación de ratones transgénicos.

Demografía

El hecho de que cada célula somática de nuestro cuerpo contiene dos copias del genoma y éstas no son idénticas, es una oportunidad para inferir eventos demográficos del pasado aun disponiendo de un solo genoma de una población o especie. Cuanto mayor ha sido el tamaño censal de la especie en el pasado, más diversas serán las dos copias de cada cromosoma.

Pero además, empleando cálculos de coalescencia, es posible “fragmentar” el genoma en decenas de miles de segmentos genómicos y calcular el tiempo de coalescencia (definido como el tiempo de divergencia al segmento ancestral común más próximo) de cada uno de ellos. Si, por ejemplo, en un punto del pasado ha habido un cuello de botella demográfico, podemos esperar que muchos de dichos fragmentos van a “coalescer” en dicho período, simplemente porque el número de antepasados era muy pequeño en ese momento. Esta aproximación, cono-

“Tanto los neandertales como los denisovanos muestran en sus genomas evidencias de endogamia y consanguinidad.”

cida como *Pairwise Sequentially Markovian Coalescent* (PSMC), ha sido aplicada a neandertales y denisovanos y ha mostrado que ambos linajes experimentaron grandes declives demográficos (Prüfer et al. 2014; 2017). Parece, por lo tanto, que la extinción de ambos linajes humanos no fue un proceso abrupto, sino en gran medida la culminación de un largo proceso demográfico. Es interesante constatar que un patrón similar se ha descrito en numerosas especies de animales no humanos -por ejemplo en pájaros y en mamíferos- en peligro de extinción.

Estos grandes declives poblacionales tienen implicaciones diversas en la viabilidad de las especies; debido al hecho de que las poblaciones pequeñas son mucho menos eficaces para eliminar mutaciones ligeramente deletéreas del acervo génico, éstas tienden a acumularse en especies en peligro de extinción. Estas mutaciones con frecuencia tienen implicaciones en la fertilidad o la cognición y en general en la viabilidad de la especie. En neandertales se ha descrito un exceso de mutaciones deletéreas (Castellano et al. 2014), así como señales esqueléticas congénitas relacionadas con una elevada endogamia.

Endogamia y consanguinidad

Otra observación que puede estar en parte relacionada con el declive demográfico, es que tanto los neandertales como los denisovanos muestran en sus genomas evidencias de endogamia y consanguinidad, en algunos casos a un nivel sin precedentes cuando se los compara con poblaciones humanas actuales (Prüfer et al. 2014; Castellano et al. 2014).

La endogamia produce fragmentos genómicos que no muestran variación en las dos copias cromosómicas (llamados *runs of homozygosity* o ROHs) porque ambas se han heredado a partir de un antepasado común reciente de los dos progenitores. Dependiendo de la escala temporal implicada, dichos fragmentos cromosómicos

pueden ser cortos (típicamente entre 10 y 100kb de secuencia) o largos (>100kb). En el segundo caso, hablamos de consanguinidad porque los progenitores casi con total certeza están emparentados.

“En los genomas humanos modernos secuenciados del Paleolítico superior, las señales de endogamia no están presentes.”

En general, los genomas de especies cuyo tamaño poblacional es pequeño tienden a acumular muchos fragmentos cortos sin variación. Este rasgo se observa en los genomas de diferentes neandertales, así como en los denisovanos, en proporciones más elevadas que cualquier grupo humano (Kuhlwilm et al. 2016). En el caso del neandertal del Altai, las evidencias de consanguinidad indican que sus progenitores podían ser medio hermanos, abuelo-nieto o tío/a-sobrina/o. El análisis de lo que parece ser un grupo familiar de 13 individuos del yacimiento neandertal de El Sidrón (Asturias) indica, por otra parte, que estos grupos practicaban la exogamia femenina y mantenían vínculos familiares por la línea paterna, algo también observado en cazadores-recolectores actuales.

Por el contrario, es notable que en los genomas humanos modernos secuenciados del Paleolítico superior, estas señales de endogamia no están presentes, ni siquiera en enterramientos conjuntos como los de Sunghir en Rusia (datados en hace 34.000 años). Esto sugiere que quizás formaban grupos más grandes, con redes so-

“La migración de África hacia Europa, hace quizá unos 300.000 años, habría implicado algún linaje “fantasma” antepasado de la especie Homo sapiens no considerado hasta ahora.”

ciales más extensas, y que evitaban activamente la endogamia, lo que podría haber representado una ventaja adaptativa. Esto estaría en consonancia con la presencia de híbridos en los grupos humanos modernos pero no en los grupos de los últimos neandertales.

Historia evolutiva profunda

Las mejoras en las metodologías de extracción del ADN y en la creación de genotecas de cadena simple han permitido en los últimos años la recuperación de material genético de homíninos muy an-

tiguos, como los de Sima de los Huesos (Atapuerca), datados hace unos 430.000 años. Aunque los datos son escasos, éstos son fundamentales para entender las complejas relaciones evolutivas de estos linajes arcaicos.

En el marco evolutivo cercano al medio millón de años se ha observado una discrepancia entre los linajes del ADN mitocondrial y el genoma nuclear. Los restos de Sima de los Huesos tienen un ADN mitocondrial de tipo denisovano mientras que su genoma nuclear -en paralelo con algunos rasgos fenotípicos, en especial en el rostro- pertenece ya al linaje neandertal (Meyer et al. 2016).

El reciente análisis de diversos cromosomas Y neandertales y denisovanos apunta a otro cambio que tuvo lugar hace unos 300.000 años, en el cual los mitocondriales denisovanos del Pleistoceno Medio europeo -y con toda probabilidad, también sus cromosomas Y- son reemplazados por linajes procedentes de África que son los que posteriormente denominamos neandertales (Petr et al. 2020). Esto explicaría la discrepancia de que mientras que a nivel nuclear neandertales y denisovanos forman un clado (es decir, conforman dos linajes con un antepasado común), a nivel de los marcadores uniparentales (cromosoma Y y genoma mitocondrial) los linajes denisovanos son más basales y los neandertales

forman un clado más reciente con nosotros. Esta migración de África hacia Europa, hace quizás unos 300.000 años, habría implicado algún linaje “fantasma” antepasado de la especie *Homo sapiens* y no había sido considerada hasta ahora a partir del registro arqueológico, antropológico y paleoclimático. Una vez más se trata de una evidencia nueva que debemos agradecer a los datos genéticos.

Aunque desde un punto de vista técnico no será posible retroceder mucho más atrás en el tiempo, una nueva técnica vendrá a complementar el panorama esbozado por la paleogenómica en el último medio millón de años de evolución humana: la paleoproteómica. El reciente des-

cubrimiento de que el esmalte dentario conserva media docena de proteínas -a su vez implicadas en la formación del diente- al menos hasta dos millones de años y probablemente bastante más allá (Welker et al. 2020), permitirá generar filogenias moleculares en la medida en que dichas proteínas tengan cambios de aminoácidos suficientemente informativos de los primeros representantes del género *Homo* y de los últimos australopitecinos. Estas evidencias completarán, en los próximos diez años, la revolución en el estudio del pasado iniciada por la paleogenómica, y permitirán el objetivo de crear una visión de nuestra evolución que pueda ser contrastada -y complementada- desde campos científicos muy diversos.

Referencias

- Castellano, S., Parra, G., Sánchez-Quinto, F., et al. (2014) Patterns of coding variation in the complete exomes of three Neandertals. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 111(18), 6666-6671.
- Fu, Q., Hajdinjak, M., Moldovan, O.T., et al. (2015) An early modern human from Romania with a recent Neanderthal ancestor. *Nature* 524 7564, 216-219.
- Green, R.E., Krause, J., Briggs, A.W., et al. (2010) A draft sequence of the Neandertal genome. *Science* 328, 710-722.
- Kuhlwilm, M., Gronau, I., Hubisz, M., et al. (2016) Ancient gene flow from modern humans into Siberian Neandertals. *Nature* 530 7591, 429-433.
- Lipson, M., Ribot, I., Mallick, S., et al. (2020). Ancient West African foragers in the context of deep human genetic history. *Nature* 557 7792: 665-670.
- Meyer, M., Kircher, M., Gansauge, M.T., et al. (2012) A high-coverage genome sequence from an archaic Denisovan individual. *Science* 338, 222-226.
- Meyer, M., Arsuaga, J.-L., de Filippo, C., et al. (2016) Nuclear DNA sequences from the Middle Pleistocene Sima de los Huesos hominins. *Nature* 531, 504-507.
- Pääbo, S. (2014) *Neanderthal Man: In Search of Lost Genomes*. Basic Books Eds., New York.
- Petr, M., Hajdinjak, M., Fu, Q., et al. (2020) The evolutionary history of Neandertal and Denisovan Y chromosomes. *BioRxiv* 2020:03.09.983445.
- Prüfer, K., Racimo, F., Patterson, N., et al. (2014) The complete genome sequence of a Neandertal from the Altai Mountains. *Nature* 505, 43-49.

Prüfer, K., de Filippo, C., Grote, S., et al. (2017) A high-coverage Neandertal genome from Vindija Cave in Croatia. *Science* 358 6363, 655-658.

Reich, D., Green, R.E., Kircher, M., et al. (2010) Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia. *Nature* 468, 1053–1060.

Slon, V., Mafessoni, F., Vernot, B., et al. (2018) The genome of the offspring of a Neanderthal mother and a Denisovan father. *Nature* 561 7721, 113-116.

Welker, F., Ramos-Madrugal, J., Gutenbrunner, P., et al. (2020) The dental enamel proteome of Homo antecessor. *Nature* 580, 235-238.

La evolución, herramienta básica para estudiar los virus SARS-CoV-2

Fernando González Candelas, Universitat de València, Unidad Mixta “Infección y Salud Pública” FISABIO-Universitat de València, Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I2SysBio, CSIC-UV), CIBER en Epidemiología y Salud Pública.

fernando.gonzalez@uv.es

La pandemia de COVID-19 ha representado un cambio radical en muchos ámbitos de nuestras vidas, desde la forma en que trabajamos y nos relacionamos con otras personas hasta el interés que han despertado las actividades científicas en todos los medios de comunicación, incluidos programas televisivos de gran audiencia. Ante la falta de preparación y medios para hacer frente a la infección por SARS-CoV-2, el virus causante de COVID-19, la sociedad se ha dirigido a la ciencia en busca de soluciones rápidas y eficaces, lo que ha puesto un foco de atención, normalmente reservado a los grandes avances científicos, sobre la actividad cotidiana de muchos colegas y

compañeros. Esto se ha acompañado con la utilización, muchas veces de forma inapropiada, de términos y conceptos de distintas disciplinas científicas sobre los que me propongo profundizar en los siguientes párrafos. Naturalmente, mi interés se centra en los conceptos relacionados con la disciplina científica que practico, la evolución y epidemiología molecular, en este caso del SARS-CoV-2. Para empezar, aclaremos en qué consiste este campo.

Para hablar de evolución y epidemiología molecular de virus debemos comenzar por resaltar que los virus son el conjunto más heterogéneo de organismos que estudia la Biología. Apenas comparten unas

“La pandemia de COVID-19 ha representado un cambio radical en muchos ámbitos de nuestras vidas.”

pocas propiedades, como la carencia de estructuras celulares propias, que les hacen depender de otros organismos celulares a los que parasitar para completar su ciclo vital, o su pequeño tamaño, lo que facilita múltiples vías de transmisión. Sin embargo, no tienen un origen evolutivo único (son polifiléticos) y, sobre todo, tienen diferentes materiales hereditarios. La distinción fundamental es entre virus de ADN y virus de ARN, pero la clasificación de Baltimore (<https://talk.ictvonline.org/>) establece siete categorías principales en función de la naturaleza y estructura de su ácido nucleico. El SARS-CoV-2 pertenece a los Orthocoronavirus, cuyo material hereditario es el ARN, en este caso de cadena sencilla y polaridad positiva (el ARN puede ser utilizado directamente como molde para la síntesis de proteínas virales por los ribosomas de las células que infectan, sin necesidad de copia o replicación previas). Entre los virus de ARN de cadena sencilla y polaridad positiva encontramos muchos patógenos habituales, como los virus de la gripe (HAV) o de la hepatitis C (HCV). Todos ellos se caracterizan por tener unas elevadas tasas de mutación (del orden de 10^{-3} a 10^{-4} sustituciones/sitio/ronda de replicación) debidas a que las polimerasas, conocidas como

RdRp (del inglés RNA-dependent RNA-polymerases), carecen de la capacidad de corrección de errores durante la replicación del ARN. Su alta tasa de mutación, su rápido ciclo de vida (unos pocos minutos), sus grandes tamaños poblacionales (una persona infectada puede producir 10^{11} - 10^{12} virus diarios) y su pequeño tamaño genómico, habitualmente inferior a 10 kilobases (Kb), explican su elevada tasa de evolución (órdenes de magnitud superior a la de organismos pluricelulares), que es fundamental para entender la biología de estos virus. Estas propiedades son compartidas por el SARS-CoV-2 pero con una salvedad: su polimerasa tiene cierta capacidad de corrección de errores, lo que hace que su tasa de mutación sea menor que la

“Ante la falta de preparación y medios para hacer frente a la infección por SARS-CoV-2, el virus causante de COVID-19, la sociedad se ha dirigido a la ciencia en busca de soluciones rápidas y eficaces.”

de otros virus de ARN, lo que le permite tener un tamaño de genoma bastante mayor, de casi 30 kb (Figura 1).

Dadas las elevadas tasas de mutación y evolución de los virus de ARN, la aplicación de métodos y conceptos evolutivos es imprescindible para su estudio y comprensión. Selección natural, estructura poblacional, efecto fundador, tamaño efectivo, tasa de migración, reloj molecular, MRCA, coalescencia, etc., son conceptos que intervienen en el estudio de la pandemia de COVID-19 y que podrían cubrir buena parte de un curso completo de genética de poblaciones y evolución. Pero, siendo muy importante el estudio del virus, no debemos olvidar que su dispersión y evolución dependen de los hospedadores, por lo que la estructura poblacional, demográfica y genética de éstos va a ser esencial para entender la de los virus. En la necesaria interacción entre estos dos organismos no debemos tener en cuenta sólo los factores biológicos: las influencias de la cultura, la economía o el sistema político, por citar sólo algunos ejemplos, en el desarrollo de una epidemia son cruciales.

La epidemiología y evolución molecular se basan hoy en día en el análisis de las secuencias de genomas completos de los microorganismos patógenos. Los avances tecnológicos ofrecen muchas oportunidades y posibilidades, impensables hace

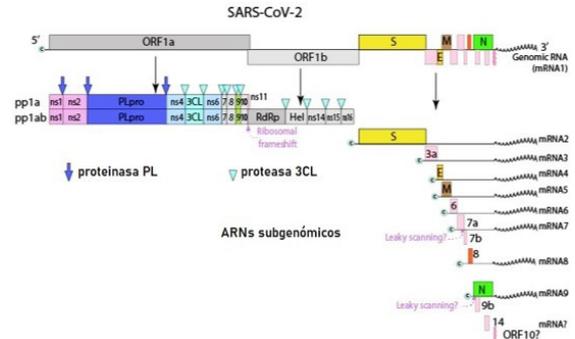


Figura 1. Esquema de la estructura del genoma y proteoma del SARS-CoV-2. Esta estructura tiene gran similitud con el genoma del SARS, responsable del brote epidémico de 2003 originado en Hong-Kong. En la parte superior se representa el genoma del virus (de casi 30 Kb) y debajo las diferentes proteínas resultantes del procesamiento proteolítico de los productos de la síntesis proteica así como los ARNs subgenómicos identificados. Entre las proteínas relevantes del SARS-CoV-2 destacan la polimerasa (RdRp), principal responsable de la replicación del virus, y la proteína S (espícula o spike), de la que depende la infección de las células del hospedador.

pocos años. Para el caso de COVID-19, la disponibilidad de protocolos de secuenciación y análisis bioinformático, más o menos estandarizados, ha facilitado que los datos generados en centenares de laboratorios diferentes sean directamente comparables. Esto ha sido posible, en buena medida, gracias al grupo ARTIC (<https://www.protocols.io/groups/artic>), que desarrolló estas metodologías para el estudio *in situ* de las epidemias de ébola en África Central en 2014-2015 y de Zika en América del Sur en 2017-2018. La estrategia de secuenciación



Figura 2. Esquema de las lecturas de los tres primeros genomas del SARS-CoV-2 obtenidos en España por el Servicio de Secuenciación y Bioinformática y el laboratorio de Epidemiología Molecular de FISABIO. Seguimos el protocolo ARTIC empleando MinION para obtener las secuencias. Puede observarse la estructura de los amplicones característica de este protocolo.

está adaptada al trabajo de campo, con el uso de múltiples cebadores¹ que cubren el genoma diana de forma solapante y que garantizan, o al menos pretenden, obtener una secuencia casi completa del mismo a pesar de que la calidad de las muestras de partida y las condiciones de trabajo no sean óptimas. En esas campañas, los análisis se realizaron con secuenciadores portátiles MinION de *Oxford Nanopore Technologies*, lo que facilita la obtención de datos en unas pocas horas desde la recepción de la muestra (Figura 2). El protocolo para SARS-CoV-2 se ha adaptado también para la secuenciación con *Illumina*.

La vertiginosa acumulación de datos e información sobre el SARS-CoV-2 comenzó con la publicación, el 10 de enero de este año, de la primera secuencia del genoma del virus obtenido de uno de los primeros pacientes afectados por una nueva

¹Los cebadores (o *primers*, en inglés) son pequeñas secuencias de nucleótidos (de unos 20 pares de bases, pb) complementarias a porciones específicas de los genomas de interés y que se utilizan para amplificar regiones concretas mediante PCR (reacción en cadena de la polimerasa). Un par de cebadores separados por unos centenares de bases permiten generar múltiples copias del fragmento de genoma situado entre ellos. Estos fragmentos se conocen como amplicones.

“La elevada tasa de mutación de los virus de RNA permite observar cambios evolutivos en escalas temporales muy cortas”

neumonía grave en Wuhan, China, a finales de 2019. Esta secuencia permitió la inmediata identificación de un nuevo coronavirus, emparentado con un patógeno conocido que causó en 2003 otro brote de neumonía muy grave, el SARS. Este virus también se originó en una especie de murciélago y llegó al ser humano a través de un intermediario conocido, la civeta, pequeño mamífero que se encuentra frecuentemente en los mercados de China y el sudeste asiático. Sin embargo, para el SARS-CoV-2 no se ha identificado el hospedador intermedio entre alguna especie de murciélago, donde es muy probable que resida su antecesor, y el ser humano. El análisis de este genoma permitió diseñar, en cuestión de días, cebadores para el diagnóstico específico de la presencia de ARN de este virus en muestras clínicas, la base de las ahora populares pruebas de PCR para el diagnóstico de la infección activa.

Los datos de secuencias de genomas del virus se acumulan hasta alcanzar, a finales de junio, más de 60.000 depositadas en la base de datos más popular para ello, la establecida por el grupo GISAID (<https://www.gisaid.org/>) para secuencias del virus de la gripe. Este grupo se dedica a la

vigilancia epidemiológica molecular de la gripe desde hace más de 10 años y gestiona una plataforma que incluye más de un millón de secuencias de este virus. Al igual que la secuenciación, el depósito y acceso a las secuencias de SARS-CoV-2 se ha beneficiado de desarrollos previos que, en gran medida, han pasado desapercibidos para la sociedad en general, pero que reflejan una nueva forma de entender el trabajo científico, en la que prima la colaboración sobre la competencia y que abre la información al uso por terceros, siempre bajo condiciones de atribución y reconocimiento de los méritos correspondientes.

Cualquiera que haya trabajado con filogenias moleculares sabe que un análisis detallado de los datos obtenidos requiere una tremenda inversión en todas las fases del proceso, desde la obtención de los datos,

“El origen del ancestro común más reciente de los SARS-CoV-2 aislados hasta la fecha (se sitúa) a principios de otoño de 2019.”

su alineamiento, generación de los árboles bajo distintos modelos y supuestos y la interpretación de los mismos. El SARS-CoV-2 representa un caso excepcional para la reconstrucción filogenética en epidemiología molecular, pues disponemos de forma inequívoca de tres datos fundamentales de cada muestra: su secuencia genómica, la fecha de obtención de la muestra y la localización geográfica de la misma. Esto permite un análisis especialmente detallado de la evolución a corto plazo del virus. La interpretación de los árboles filogenéticos obtenidos ha de realizarse considerando que se derivan de muestras contemporáneas de una población en evolución activa, sobre la que se realiza un muestreo que no es necesariamente aleatorio. Sabemos, por ejemplo, que buena parte de las personas infectadas no desarrollan síntomas y que esta fracción está correlacionada con la edad. Por tanto, habrá una sobrerrepresentación de muestras de personas con infección grave, que habrá requerido hospitalización, y de edad avanzada, dado que es más fácil obtener muestras en el entorno hospitalario que en otros. Sesgos similares se producen también en las fechas de obtención de las muestras o en los países o regiones representados.

Podemos distinguir entre el origen del virus SARS-CoV-2 y el origen de la pande-

mia de COVID-19. Respecto al primero, sabemos que sus parientes más próximos identificados hasta el momento corresponden a dos miembros del subgénero Sarbecovirus, Bat CoV RmYN02 y Bat CoV RaTG13, aislados de sendas especies de murciélagos (Zhou et al. 2020a, b). Los aislados más próximos a estos virus proceden de pangolines malayos (Lam et al. 2020), lo que llevó a especular con que esta especie fuese la intermediaria entre el hospedador natural del ancestro de SARS-CoV-2 y la especie humana. Este salto de especie parece haber sido mediado por procesos de recombinación y selección, aunque su papel exacto no está aún claro. Ello se debe a que, a diferencia de otros casos de zoonosis² de coronavirus (SARS y MERS), la capacidad de transmisión entre humanos del SARS-CoV-2 es muy alta. La base molecular de esta propiedad radica en dos zonas de la proteína S (*spike* o espícula) del virus: el dominio de unión al receptor (RBD) y un punto de corte para la proteína furina situado en la unión S1-S2. La primera es compartida con los coronavirus antes

“El análisis del genoma del SARS-CoV-2 permite descartar con rotundidad... el origen no natural del virus.”

² Una zoonosis es una enfermedad en la que el patógeno proviene de una especie animal. La mayoría de infecciones emergentes causadas por virus son ejemplos de zoonosis (gripe A, Ebola, SARS, etc.)

mencionados de murciélagos y pangolines, pero la segunda es exclusiva del SARS-CoV-2 y facilita su acoplamiento al receptor celular proteico ACE2, principal vía de entrada del virus en las células humanas. ¿Por qué sabemos que ni SARS ni MERS ni los otros coronavirus mencionados son los antecesores directos del SARS-CoV-2?

La elevada tasa de mutación de los virus de RNA permite observar cambios evolutivos en escalas temporales muy cortas. En conjunto, son los principales integrantes de las conocidas como poblaciones en evolución medible (*measurably evolving populations*) (Drummond et al. 2003). Esto nos permite, entre otras cosas, estimar su tasa de evolución cuando disponemos de muestras asincrónicas, es decir, con tiempos de muestreo no simultáneos (en una escala temporal relevante para su ritmo evolutivo) (Drummond et al. 2006). Para ello disponemos de diferentes modelos en los que la constancia de la tasa de evolución a nivel molecular, el reloj molecular³, se puede relajar para acomodar mejor los datos observados. Al aplicar estos modelos a aislados de los dos primeros meses de la epidemia de COVID-19 se obtiene una tasa de 8×10^{-4} sustituciones/sitio/año o alrededor de 24 sustituciones/año para la

totalidad el genoma. Esta tasa de evolución situaría el origen del ancestro común más reciente (MRCA, *Most Recent Common Ancestor*) de los SARS-CoV-2 aislados hasta la fecha a principios de otoño de 2019, si bien la secuencia más antigua se obtuvo de un paciente el 24 de diciembre de ese año. Esta diferencia entre el tMRCA (tiempo hasta el MRCA, *time of MRCA*) y la fecha del primer aislamiento del virus hace sospechar que éste estuvo ya circulando por la pobla-

“La capacidad de transmisión de SARS-COV-2 por pacientes asintomáticos y presintomáticos dificulta enormemente el control de esta infección pandémica.”

ción de origen (y todo apunta a que fue en Wuhan) al menos dos meses antes de su detección. Esto es común en las nuevas infecciones, máxime cuando concurren síntomas muy variables (incluso su ausencia total) y que se confunden con

facilidad con otras infecciones respiratorias. Hasta que no se presentaron varios casos graves, similares entre sí y con signos clínicos diferentes de otras neumonías, no fue posible su detección.

³El reloj molecular es la forma de describir la relación aproximadamente constante entre el número de cambios observados en la secuencia de un gen o de una proteína entre dos especies y el tiempo transcurrido desde su divergencia de un ancestro común. Aunque hay muchas excepciones, es una primera aproximación muy útil en el estudio de la evolución molecular y una de las bases empíricas de la teoría neutral de la evolución molecular (Kimura 1983).

Si el origen de la pandemia se puede situar a finales de 2019, la extrapolación de la anterior tasa de evolución a la divergencia entre SARS-CoV-2 y los dos Bat CoV mencionados indicaría una separación hace unos 65 años. Esta diferencia entre la divergencia del virus desde su último ancestro común conocido con otra especie y el ancestro común de los virus pandémicos es la que lleva a pensar que existe al menos un hospedador intermediario desde el que el virus infectó con éxito a humanos. Si se confirma la reciente identificación de trazas de SARS-CoV-2 en una muestra de aguas residuales de Barcelona tomada en marzo de 2019 (Chavarria-Miró et al. 2020), pocos días después de que concluyese el World Mobile Congress (100.000 asistentes, gran número de ellos procedentes de China), el escenario entre el origen del virus y el origen de la epidemia apuntaría a años de circulación silenciosa, posiblemente de forma limitada y asintomática o con síntomas semejantes a los de otras infecciones virales respiratorias, en los cuales el virus se iría adaptando progresivamente a la transmisión entre humanos. Si la capacidad de transmisión está vinculada a la estructura de la zona de unión al receptor de la proteína ACE2, sería posible entender que, al mismo tiempo, aumentaba su virulencia, siendo capaz de desarrollar infección con síntomas cada vez más graves, hasta el punto de desarrollar una neumonía atípica que llamase la atención de los clínicos. Este

escenario ya fue apuntado por Andersen et al. (2020), pero la falta de secuencias virales durante el periodo transcurrido desde la divergencia con el ancestro común con algún Bat CoV y el origen de los actuales SARS-CoV-2 no permite su verificación. Si se detectasen restos de virus estrechamente emparentados con SARS-CoV-2 en muestras anteriores a otoño de 2019, esta hipótesis ganaría plausibilidad.

Lo que el análisis del genoma del SARS-CoV-2 permite descartar con rotundidad es el origen no natural del virus. Esta idea, que se replantea casi con cualquier nuevo virus que afecta a nuestra especie (p.ej., el supuesto origen en un laboratorio del HIV (Hooper 2000)), viene abonada por la existencia de un laboratorio de investigación en virología en Wuhan, probable centro de inicio de la pandemia, en el que se investiga desde hace años sobre virus de especies silvestres, incluidos coronavirus de murciélagos. La idea se plantea en dos formas: el virus fue creado a propósito, mediante avanzadas técnicas de manipulación genética, o el virus se escapó de forma accidental de algún laboratorio. El problema al que se enfrentan ambas especulaciones es la falta de datos que las apoyen, más allá de la existencia de ese laboratorio en la ciudad de Wuhan. Ni hay rastro de manipulación genética en las secuencias de los genomas del virus, ni las características moleculares de las posiciones cla-

ve en la infección de células humanas son exclusivas del SARS-CoV-2 (Andersen et al. 2020). Tampoco hay evidencias de que el virus se hubiese detectado previamente y estuviese preservado en algún congelador o en cultivo celular desde donde podría haber escapado por una manipulación incorrecta o un descuido. Una consideración importante, que suele pasarse por alto cuando se realizan afirmaciones tan llamativas y fáciles de aceptar por la opinión pública, es que la carga de la prueba radica en quien hace la afirmación. No es tarea de la ciencia demostrar la falsedad de cada especulación sobre el origen del virus. Por el contrario, desde la ciencia se avanzan las posibles mejores explicaciones a la luz de los datos y el conocimiento adquirido previamente. Es imposible, mientras no se encuentre evidencia de toda o buena parte de la cadena de transmisiones y acumulación de cambios genéticos en el virus desde el ancestro que infectaba a una especie aún no determinada, posiblemente de murciélago, hasta las primeras cepas aisladas ya en humanos, demostrar la falsedad de especulaciones como las anteriores, pero eso no implica que la evidencia actual las apoye y podamos aceptarlas. Si ponemos en una balanza los datos a favor de unas y otras, el origen natural del SARS-CoV-2 sigue siendo la hipótesis más favorecida por la ciencia.

Al tratar del origen de un virus y, más en concreto, de una pandemia, se mencio-

na con frecuencia el “paciente 0”, es decir, el primer individuo que infecta a otros. Conviene aclarar que no todos los casos de infecciones o cadenas de transmisión tienen necesariamente un “paciente 0”. La literatura científica, y la no científica también, incluye con relativa frecuencia este término. Entendemos que en el caso de COVID-19 hablar de “paciente 0” no tiene sentido excepto en casos muy concretos. Podemos identificar como paciente 0 a la primera persona infectada en un entorno concreto, por ejemplo, un autobús o un vagón de tren, que da lugar a unas cuantas infecciones de otros pasajeros. Pero no es posible hablar del “paciente 0” de un país o de la pandemia. Por ejemplo, un estudio reciente en el Reino Unido, el país que ha dedicado un mayor esfuerzo a analizar genomas del SARS-CoV-2, concluye que el virus se ha introducido al menos 1356 veces en ese país (Pybus et al. 2020). Podríamos hablar, por tanto, de 1356 “pacientes 0”, pero sólo unos pocos de ellos han dado lugar a la mayoría de las transmisiones dentro del país. Lo mismo sucede con el origen de la pandemia. Supongamos que realmente tuvo lugar en el mercado de pescado de Wuhan, pues es donde los epidemiólogos sitúan el punto común a la mayoría de los primeros infectados identificados con COVID-19. Si todos comparten el mismo virus, ¿cómo podemos saber cuál fue el primero en ser infectado o cuál de ellos dio lugar a más infecciones pos-

teriores? El análisis de los genomas virales, incluso de las variantes encontradas dentro de un individuo, no puede resolver todas las cuestiones que nos interesaría. En este caso, los problemas se plantean tanto por la menor variabilidad del virus, ya comentada, como por su modo de transmisión. No es lo mismo una transmisión por vía respiratoria que una mediada por sangre o por vía sexual. Utilizar herramientas comunes para el análisis, como la secuenciación masiva o las filogenias moleculares, facilita los estudios, pero también precisa de una acomodación a las características de cada organismo a la hora de interpretar los resultados.

Hablar de “paciente 0” nos remite inmediatamente a dos conceptos básicos y estrechamente ligados de la genética de poblaciones: efecto fundador y deriva genética. La deriva genética es el proceso de cambio evolutivo dominante en poblaciones pequeñas. Como es sabido, la deriva genética describe el efecto de tomar una muestra, normalmente pequeña, de individuos o gametos para dar lugar a la siguiente generación: esa muestra no tiene necesariamente las características genéticas de la población de partida y los efectos de esa desviación se acumulan generación tras generación. Los efectos del muestreo aleatorio sobre la variabilidad genética pueden acomodar casi cualquier patrón observable, incluso aquellos perfectamente compatibles con la acción de la selección natural,

como comentaré más adelante. Una de las revoluciones conceptuales más importantes en genética de poblaciones tuvo lugar a principios de la década de los '80 del siglo pasado cuando dos investigadores introdujeron de forma independiente el concepto de coalescencia (ver figura 3) (Hudson 1991). La genética de poblaciones pasó de ser una disciplina prospectiva, interesada en determinar cómo podría evolucionar una población a partir de determinada situación de partida y algunos parámetros de los sistemas correspondientes, a tener una nueva vertiente, retrospectiva, en la que la información genética, especialmente la obtenida a partir de la secuenciación del material hereditario, permitía una reconstrucción de los acontecimientos y procesos que habían llevado a una población concreta a presentar la distribución de variación genética observada en la actualidad. Los modelos iniciales de coalescencia contemplaban solamente la acción de los procesos más básicos, la mutación y la deriva aleatoria, a los que se fueron incorporando casos cada vez más sofisticados como la recombinación, la estructura poblacional y la migración, o distintos tipos de selección.

Bajo condiciones de neutralidad, es decir, en ausencia de selección, la teoría de coalescencia hace una serie de predicciones bastante ajustadas para acontecimientos como cuánto tiempo tardará en producirse la fusión de dos linajes en su

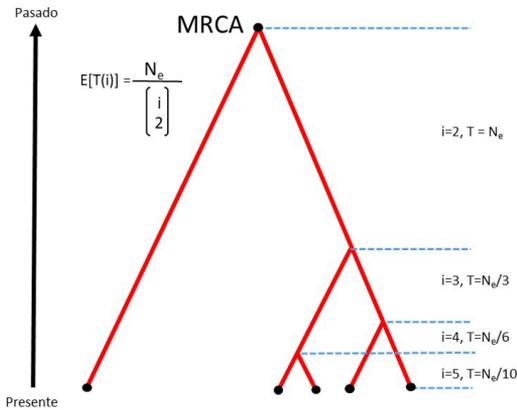


Figura 3. La teoría de coalescencia analiza la distribución de la variación genética presente en poblaciones actuales a partir de los procesos demográficos y genético-poblacionales ocurridos en la misma hasta la convergencia de los linajes actuales en su ancestro común más reciente. Bajo el modelo poblacional de Wright-Fisher (tamaño poblacional constante y finito), cada evento de convergencia (reunión de dos linajes en su ancestro común) se produce con un tiempo esperado (E) que es directamente proporcional a N_e , el tamaño efectivo de la población⁴. En la figura se muestra un ejemplo de una muestra de tamaño $i=5$ de una población de tamaño N_e . Cada suceso de convergencia disminuye en uno los linajes presentes en la muestra, hasta alcanzar el MRCA de la misma. El tiempo esperado hasta cada convergencia ($E[T(i)]$) es cada vez más largo (inversamente proporcional al número de linajes que persisten) hasta alcanzar el MRCA. Cuando el número de linajes (el tamaño de la muestra analizada) es grande, la suma de los tiempos hasta la convergencia en el MRCA, el tiempo esperado t_{MRCA} , tiende a $2N_e$, la mitad del cual corresponde a la última de las convergencias (cuando sólo hay 2 linajes en la muestra).

linaje ancestral común. En vez de observar la evolución como un proceso de diversificación desde el pasado hacia el futuro, la coalescencia la contempla como un proceso de fusión de linajes desde el presente hacia el pasado, hasta llegar al ancestro común más reciente (MRCA, *Most Recent Common Ancestor*) de una población. El tiempo de coalescencia es directamente proporcional al número de individuos que componen una población y los tiempos de coalescencia en los linajes de una población actual nos informan sobre el tamaño de esta a medida que retrocedemos en el tiempo. Una de las aplicaciones más interesantes de la epidemiología molecular se realiza mediante la aplicación de este principio a las genealogías obtenidas mediante secuenciación de genomas, parciales o completos, de patógenos. La filodinámica, término acuñado por Grenfell et al. (2004), permite identificar los procesos epidemiológicos, inmunológicos y evolutivos que influyen sobre los patrones de variación genética en los virus (y en todos los organismos

⁴ El tamaño efectivo de una población representa el valor equivalente al tamaño de una población "ideal" (sin selección ni migración) en la que se producen cambios evolutivos (en este caso los resultantes de la acción de la mutación y la deriva genética aleatoria) al mismo ritmo que la población considerada. Es el valor relevante, a efectos evolutivos, del tamaño de la población y puede diferir sustancialmente, incluso órdenes de magnitud, del tamaño censal de esa población.

con evolución medible). Uno de los parámetros más importantes en epidemiología es el número reproductivo, equivalente en ecología a la tasa de crecimiento instantáneo de una población (Figura 4). El ahora popular R_0 , número reproductivo básico, equivale al número de individuos que, por término medio, infecta cada individuo ya

infectado al inicio de una epidemia. Como todo proceso poblacional, este parámetro puede variar de unas poblaciones a otras y a lo largo del tiempo. Su monitorización es esencial para evaluar la eficacia de las medidas de control de una epidemia pues, cuando su valor en el instante t , R_t , es menor que 1 en cierta población, las infecciones irán

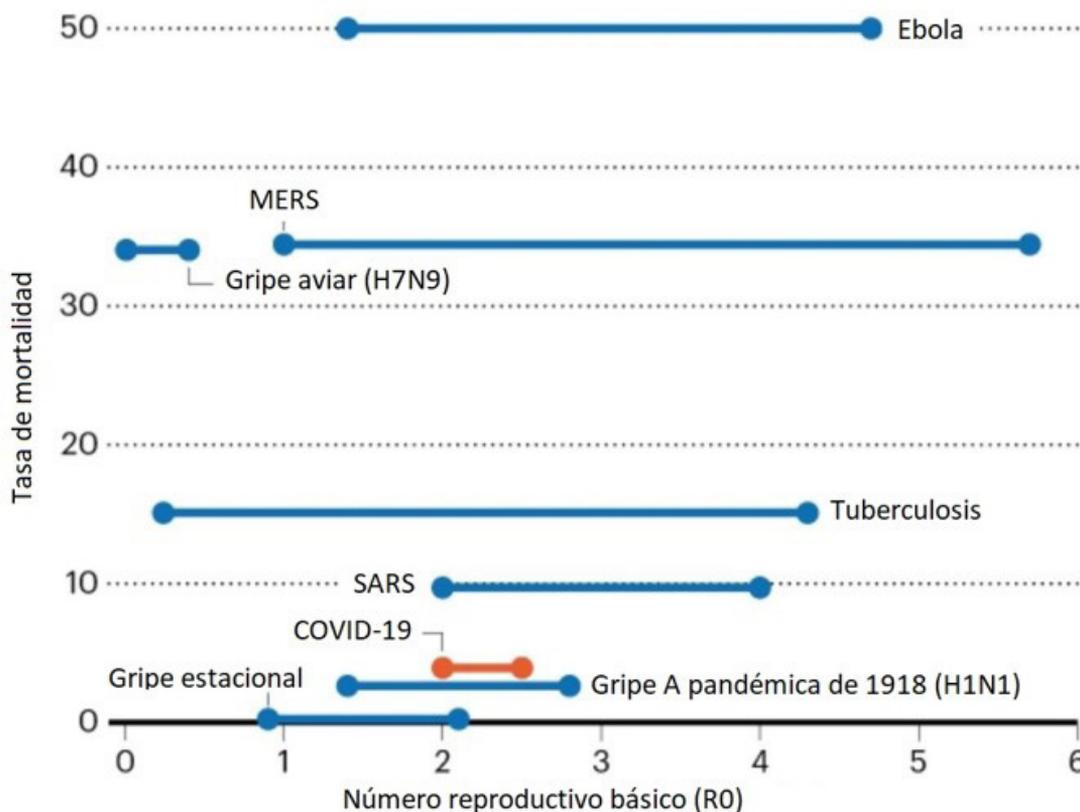


Figura 4. Comparación entre los valores del número reproductivo básico, R_0 , entre varios patógenos virales y sus tasas de mortalidad (personas infectadas que fallecen a causa de esa infección). Aunque menos infeccioso y letal que otros coronavirus (SARS y MERS), la capacidad de transmisión de SARS-COV-2 por pacientes asintomáticos y presintomáticos dificulta enormemente el control de esta infección pandémica.

disminuyendo hasta la extinción de la población del patógeno. Cuando R_t es mayor que 1, la epidemia se extiende en la población, con las consecuencias ya conocidas. El análisis de las secuencias del genoma de SARS-CoV-2 nos permite estimar los valores de R_t de forma complementaria a las estimas obtenidas por otros métodos bien desarrollados en epidemiología, lo que permite una validación cruzada de las inferencias y una mejor estima de este parámetro crítico.

Un término relacionado con el de filodinámica e introducido un poco más tarde en el campo de la epidemiología molecular es el de filogeografía. Al igual que los trabajos de Templeton (2008) y Avise (2000), entre otros, en los años 90, la filogeografía en este contexto intenta inferir el componente espacial/geográfico de los procesos epidémicos (Lemey et al. 2009). Es decir, a partir de información sobre la localización y fecha en que se toman las muestras y valores, cada vez más accesibles, sobre las tasas o probabilidades de migración entre regiones geográficas, la aplicación de métodos de inferencia Bayesiana⁵ a las secuencias y los datos ya comentados nos permite estimar cuándo y dónde se produjeron las migraciones relevantes en una epidemia. Cuando esta información se complementa con datos epidemiológicos, la precisión en la reconstrucción de la dinámica temporal y espacial de una epidemia llega a tener una elevadísima precisión.

Si analizamos los cambios genéticos en el contexto espacial y temporal y no tenemos en cuenta los posibles procesos subyacentes podemos cometer errores de bulto. Uno de los más frecuentes se relaciona con lo que Gould y Lewontin denominaron “programa adaptacionista”: toda estructura fijada en cierto organismo a lo largo del proceso evolutivo debe responder al cumplimiento de alguna función que le confiere una ventaja frente a otros, siendo resultado, por tanto, de la selección natural. En los virus se tiene lo mismo: la aparición de una mutación que alcanza la fijación en cierta población o área geográfica en tiempos relativamente cortos se interpreta rápidamente como resultado de la selección natural. Así, en los meses transcurridos desde el inicio de la pandemia, hemos visto varias publicaciones, normalmente en forma de *preprint* pero también en revistas solventes, en las que se anunciaba la aparición de una nueva mutación que afectaba, tanto agravando como aliviando, las características clínicas o de transmisión del SARS-CoV-2. La mutación más popular y analizada con detalle es el cambio del aminoácido 614 de la proteína de la espícula, en concreto de aspártico a glicina (D614G,

⁵La inferencia Bayesiana es un método de reconstrucción filogenética que emplea tanto la verosimilitud de los datos de las secuencias como probabilidades *a priori* de los distintos componentes del modelo de evolución para maximizar la probabilidad *a posteriori* del árbol filogenético resultante.

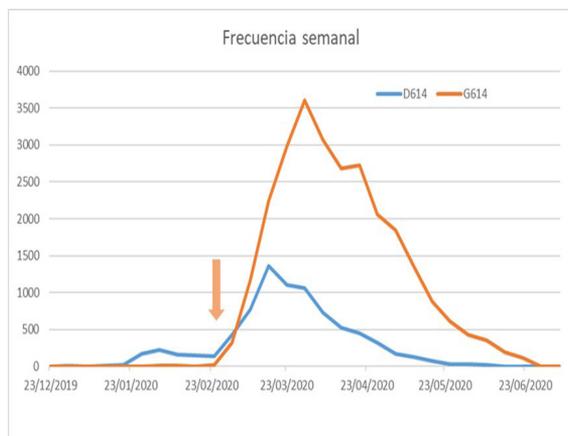


Figura 5. Cambio en la frecuencia de las variantes D614 y G614 de la proteína de la espícula en el SARS-CoV-2 a partir de 30174 genomas depositados en GISAID y COG-UK Consortium hasta el 6/7/2020. La flecha señala la llegada a Europa de la variante G614.

por una transición de A (adenina) a G (guanina) en la segunda posición del codón correspondiente). El interés en esta mutación concreta deriva del cambio observado en la frecuencia relativa de ambas variantes a partir de finales de febrero, cuando el virus empieza a expandirse fuera de China y la variante G614 se impone en Europa y, posteriormente, en el resto de los continentes (Figura 5). Esta mutación no viaja sola: en el genoma de ese linaje aparecen otras tres mutaciones que también alcanzan frecuencias de casi fijación, pero ninguna parece tener relevancia funcional. La proteína S o espícula es importante para la transmisión e infectividad del virus, al situarse en ella la región de unión al receptor (RBS, *Receptor*

Binding Site) que interactúa con la proteína ACE2 de la membrana celular, puerta de entrada del virus en nuestras células.

Ni esta ni otras mutaciones ha pasado los distintos escrutinios que se deben realizar para determinar que sean favorecidas por la selección natural por dotar de mayor eficacia a los virus en que han aparecido, limitándose a pruebas indirectas o a ensayos *in vitro*. Por supuesto, ninguno de los trabajos plantea el contraste entre lo que cabe esperar respecto a la dinámica de las mutaciones en poblaciones en expansión a partir de un número inicial reducido (ya hemos hablado del efecto fundador en las poblaciones virales). Pero, y esto es quizá lo más sorprendente, tampoco se preguntan estos autores por las razones que justificarían la acción de la selección positiva (o adaptativa) sobre algún mutante de este virus: no existe un tratamiento específico de cuya acción sea ventajoso escapar, no hay respuesta inmunitaria en la población y no hay vacuna, ni se la espera en varios meses. La idea de que la virulencia de los patógenos disminuye a medida que infectan a más individuos de la población hospedadora es muy atractiva y plausible intuitivamente, pero no se cumple si los mutantes menos virulentos no aventajan a los originales. Y eso, mientras la población de potenciales hospedadores no desarrolle niveles elevados de inmunidad, vía infección previa o por vacunación, no va a suceder. Tampoco

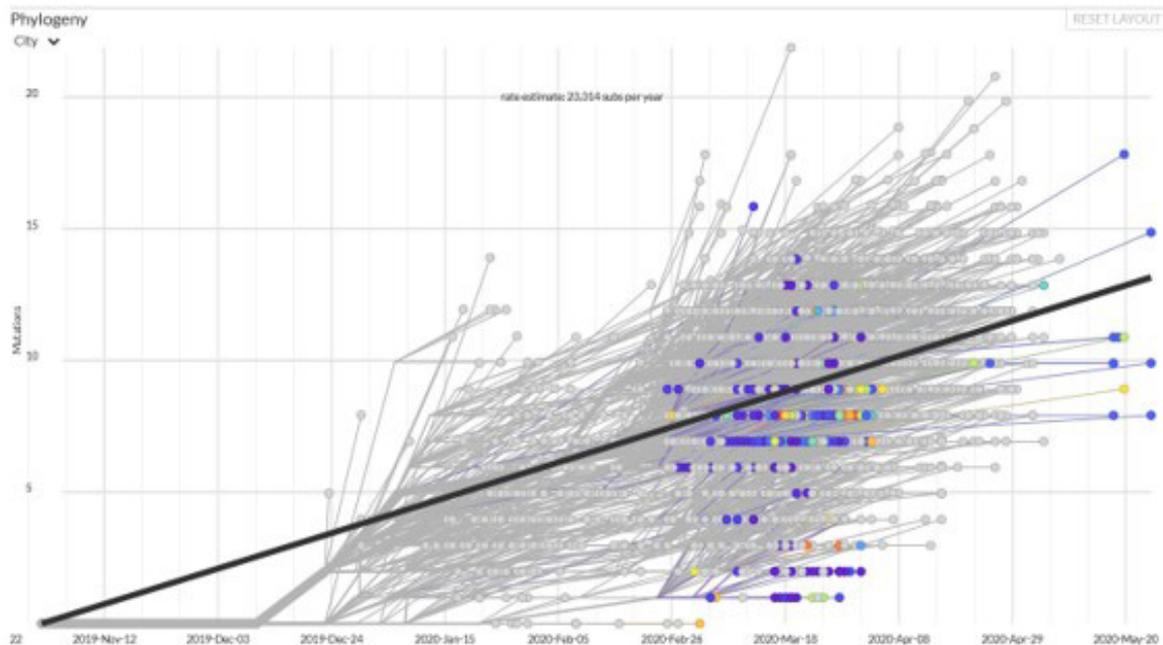


Figura 6. Acumulación de mutaciones en el genoma completo de SARS-CoV-2 desde su ancestro común. Esta gráfica permite comparar las secuencias de muestras del virus tomadas en España (en colores, diferentes para cada localidad de muestreo) con las de todo el mundo (en gris). La línea negra representa la recta de regresión del número de cambios en los genomas frente al tiempo de toma de las muestras y su pendiente es la estimación de la tasa de evolución del virus en el periodo considerado. No debe interpretarse como un árbol filogenético, sino como una representación de la acumulación de mutaciones en los linajes del virus a lo largo del tiempo, lo que permite estimar la tasa de evolución molecular (aproximadamente 23 sustituciones por año, según este análisis). Imagen generada en <https://nextstrain.org/groups/nextspain/ncov19-Spain>.

parece que la inmunidad cruzada con otros coronavirus que afectan de forma leve a los humanos sea suficiente para actuar como agente selectivo. Por lo tanto, al menos por el momento, podemos concluir que la evolución de las diferentes mutaciones que aparecen regularmente en el SARS-CoV-2 no ha sido mediada por la selección natural adaptativa y que, de actuar alguna forma de selección, esta sería purificadora o negativa.

Si la selección natural no actúa sobre SARS-CoV-2, podemos suponer que su evolución se acomoda a lo esperable según la teoría neutralista de la evolución molecular (Kimura 1983). Una de las observaciones que explica esta teoría es la constancia en la tasa de evolución a este nivel, es decir, que hay una relación lineal entre el número de diferencias observadas entre dos secuencias y el tiempo desde su

divergencia de su ancestro común, es decir lo que se conoce como “reloj molecular”. La rápida acumulación de información sobre secuencias de genomas completos de SARS-CoV-2 permite evaluar esta hipótesis. En la figura 6 se muestra la relación entre el número de mutaciones acumuladas desde la raíz del árbol filogenético y el tiempo de muestreo de 3500 secuencias genómicas recogidas en NextSpain (<https://nextstrain.org/groups/nextspain/ncov19-Spain>) a fecha 27 de junio de 2020. La raíz se ha inferido a partir de las primeras secuencias obtenidas en Wuhan, a finales de diciembre de 2019, y en el análisis se tienen en cuenta tanto secuencias obtenidas en España como en otros países.

Además de proporcionar información sobre la evolución del virus a escala global, el análisis de las secuencias de su genoma permite entender cómo se expande el virus en las diferentes regiones y países. Una observación reiterada es que las introducciones son numerosas, pero sólo algunas inician una transmisión relevante a escala poblacional (Pybus et al. 2020). Dada la similitud genómica entre muchas de estas introducciones, no es de esperar que la expansión de una u otra obedezca a las características del virus sino, más bien, a factores epidemiológicos, entre los que la estocasticidad juega un papel muy importante. Es decir, que aumente en la población la frecuencia de una variante

no depende de las características de ésta, sino de que la cadena de transmisión en que se difunde sea muy eficiente. El mismo virus tiene distinto destino dependiendo si infecta a una persona con pocos contactos sociales o buenos hábitos higiénicos que si lo hace a otra que participa frecuentemente en actividades sociales sin adoptar las medidas de protección adecuadas. En este caso, se puede provocar una expansión del linaje correspondiente que, en ocasiones, se asocia a la existencia de “superdispersores”. En el caso de COVID-19, este término no es apropiado, pues no es necesaria la infección directa a partir de una misma persona, lo que hace inútil la búsqueda de características biológicas comunes de estos superdispersores. Más que hablar de personas es conveniente hacerlo de eventos de superdispersión, cuyas características están bien identificadas: lugares cerrados, con poca ventilación y/o aire recirculado, con humedad y temperatura baja, en los que se concentran personas que no mantienen la distancia de seguridad, y en los que se desarrollan actividades como cantar, hablar en voz alta, o exhalar con fuerza.

La baja tasa de evolución del SARS-CoV-2 puede llamar a engaño sobre los procesos que se producen en las personas infectadas. Aunque menor que la de otros virus de RNA, por la capacidad de corrección de errores durante la replicación de la proteína ExoN de los coronavirus, la tasa de mutación

sigue siendo sustancialmente mayor que la de organismos celulares. Dada la elevada capacidad de replicación del virus, la aparición de mutaciones en su genoma es continua. Esto genera una gran variabilidad genética intrapaciente, parte de la cual puede detectarse con las técnicas de secuenciación masiva que se emplean habitualmente para caracterizar el genoma del virus (Sapoval et al. 2020). Las consecuencias de esta variabilidad se pueden observar en problemas en el diagnóstico y en la posibilidad de detectar transmisiones directas entre individuos. Sin embargo, no debemos olvidar que este potencial de generación de variación puede tener un papel importante en el momento que dispongamos de una vacuna o un tratamiento efectivo contra el virus. Entonces será el momento en que la selección natural actuará favoreciendo a aquellas variantes que permitan el escape de los anticuerpos generados por la vacuna o del mecanismo de acción de los antivirales.

En los poco más de seis meses transcurridos desde su identificación, hemos comprobado cómo el SARS-CoV-2 se ha expandido por todo el globo. Las diferencias en la prevalencia de la COVID-19 responden a la distinta eficacia de las medidas de control adoptadas por los gobiernos y las sociedades y no a diferencias en el virus. Al igual que el resto de virus, la evolución del SARS-CoV-2 se rige por los mismos principios de la evolución biológica que los organismos celulares, si bien su elevada tasa de

mutación, corto tiempo de generación y gran tamaño poblacional provocan una aceleración del ritmo a que se producen esos cambios, lo que les incluye en la categoría de poblaciones en evolución medible. Esto representa una gran ventaja para quienes se interesan por el estudio de la evolución de los seres vivos, con independencia de que haya quien no considera a los virus como tales, pero es también uno de los principales problemas a la hora de controlar o apaciguar sus propiedades patógenas.

Los conceptos y herramientas que proporciona la teoría evolutiva, incluyendo la reconstrucción filogenética, la genética de poblaciones y la ecología, entre otros componentes, son esenciales para la correcta interpretación de los datos genómicos que, con gran empeño y esfuerzo, siguen recopilándose en centenares de laboratorios del mundo. En nuestro país, el proyecto de epidemiología genómica del SARS-CoV-2 (<http://seqcovid.csic.es/>) incluye especialistas de muy diversos campos: virología, bioinformática, epidemiología, biología molecular y, naturalmente, también de la evolución. La integración e interpretación de los datos generados (el objetivo es secuenciar unos 20,000 genomas del virus de muestras españolas) sólo serán posibles teniendo presente el conocido lema de Dobzhansky: “nada en Biología tiene sentido sino a la luz de la evolución”.

Referencias

- Andersen, K.G., Rambaut, A., Lipkin, W.I., Holmes, E.C., and R.F. Garry. (2020). The proximal origin of SARS-CoV-2. *Nature Medicine*. 26:450-452.
- Avise, J.C. (2000). *Phylogeography. The history and formation of species*. Harvard Univ. Press. Cambridge.
- Chavarria-Miró, G., Anfruns-Estrada, E., Guix, S., Paraira, M., Galofré, et al (2020). Sentinel surveillance of SARS-CoV-2 in wastewater anticipates the occurrence of COVID-19 cases. medRxiv.2020. <http://medrxiv.org/content/early/2020/06/13/2020.06.13.20129627>
- Drummond, A.J., Ho, S.Y.W., Phillips, M.J., and A. Rambaut. (2006). Relaxed phylogenetics and dating with confidence. *PLoS Biology*. 4:e88.
- Drummond, A.J., Pybus, O.G., Rambaut, A., Forsberg, R., and A.G. Rodrigo. (2003). Measurably evolving populations. *Trends in Ecology & Evolution*. 18:481-488.
- Grenfell, B.T., Pybus, O.G., Gog, J.R., Wood, J.L.N., Daly, J.M., et al. (2004). Unifying the epidemiological and evolutionary dynamics of pathogens. *Science*. 303:327-332.
- Hooper, E. (2000). Search for the origins of HIV and AIDS. *Science*. 289:140.
- Hudson, R.R. (1991). Gene genealogies and the coalescent process. In D.J. Futuyma and J. Antonovics, editors, *Oxford Surveys in Evolutionary Biology*. 1-44.
- Kimura, M. (1983). *The neutral theory of Molecular Evolution*. Cambridge University Press.
- Korber, B., Fischer, W.M., Gnanakaran, S., Yoon, H., Theiler, J., et al. (2020). Tracking changes in SARS-CoV-2 Spike: evidence that D614G increases infectivity of the COVID-19 virus. *Cell*. doi: 10.1016/j.cell.2020.06.043
- Lam, T.T.-Y., Shum, M.H.-H., Zhu, H.C., Tong, Y.G., Ni, X.B., et al. (2020). Identifying SARS-CoV-2 related coronaviruses in Malayan pangolins. *Nature*. 583:282-285.
- Lemey, P., Rambaut, A., Drummond, A.J., and M.A. Suchard. (2009). Bayesian phylogeography finds its roots. *PLoS Computational Biology*. 5:e1000520.
- Pybus, O., Rambaut, A., Plessis, L. du, Zarebski, A.E., Kraemer, A.E., et al. (2020). Preliminary analysis of SARS-CoV-2 importation & establishment of UK transmission lineages. <https://virological.org/t/preliminary-analysis-of-sars-cov-2-importation>
- Sapoval, N., Mahmoud, M., Jochum, M.D., Liu, Y., Elworth, et al. (2020). Hidden genomic diversity of SARS-CoV-2: implications for qRT-PCR diagnostics and transmission. bioRxiv.2020. <http://biorxiv.org/content/early/2020/07/02/2020.07.02.184481>
- Templeton, A.R. (2008). Nested clade analysis: an extensively validated method for strong phylogeographic inference. *Molecular Ecology*. 17:1877-1880.
- Zhou, H., Chen, X., Hu, T., Li, J., Song, H., et al. (2020a). A novel bat coronavirus closely related to SARS-CoV-2 contains natural insertions at the S1/S2 cleavage site of the spike protein. *Current Biology*. 30:2196-2203.e3.
- Zhou, P., Yang, X.L., Wang, X.G., Hu, B., Zhang, L., et al. (2020b). A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature*. 579:270-273.

Diseño inteligente. 40 años de pseudo-ciencia amerizados en la modernidad líquida posverdadera

Vicente Claramonte Sanz, Unidad Docente de Lógica y Filosofía de la Ciencia, Departamento de Filosofía, Universitat de València
vicente.claramonte@uv.es

Pasado y presente

El origen del diseño inteligente camina de la mano de la historia judicial estadounidense del siglo XX. Su precedente remoto fue el célebre juicio *The State of Tennessee v. John Thomas Scopes* (1925), conocido como *monkey trial*, en el cual el profesor de Biología John Scopes fue acusado de vulnerar la Ley Butler, que tipificaba la falta de enseñanza ilegal de la teoría evolutiva. Por aquellos años, entre 1921 y 1929, en los parlamentos estatales de Estados Unidos llegaron a debatirse hasta 38 proyectos de leyes prohibitivas o restrictivas de la enseñanza de la teoría evolucionista en la escuela pública estadounidense, de los cuales 3 llegaron a ley vigente en Oklahoma, Arkansas y en el propio Estado donde fue juzgado Scopes, Tennessee. Esta legislación siguió vigente durante décadas, en las cuales los manuales sobre Biología evitaron o minimizaron el tratamiento de la evolución y gran parte del profesorado eludió impartirla, incluso en Estados donde no existía prohibición legal expresa (Alters y Alters, 2001).

Sin embargo, a partir de los años 60, el gobierno federal estadounidense comenzó a activar una generosa política incentivadora de la formación científica y de los

“Entre 1921 y 1929, en los parlamentos estatales de Estados Unidos, llegaron a debatirse hasta 38 proyectos de leyes prohibitivas o restrictivas de la enseñanza de la teoría evolucionista en la escuela pública estadounidense.”

libros de texto en el sistema público de enseñanza (Hayward, 1998), con lo cual la incorporación de la teoría evolucionista al currículo académico reactivó el encono de los fundamentalistas partidarios del creacionismo, quienes tornaron a porfiar por una docencia afín al creacionismo teísta. La polémica volvió a la justicia, hasta que el Tribunal Supremo sentenció el caso *Epperson v. Arkansas* (1968) y derogó una ley prohibitiva del evolucionismo en el sistema escolar público promulgada en la década de los 20. Esta sentencia, basándose en la cláusula de aconfesionalidad establecida en la primera enmienda a la Constitución (prohíbe las leyes estatales que propicien la religión o impidan su ejercicio e impone neutralidad tanto entre las confesiones religiosas como ante la disyuntiva entre religión y laicidad), declaró inconstitucional cualquier ley que prohibiera la enseñanza de la teoría evolucionista en las escuelas públicas y además excluyó de su currículo todo discurso religioso sobre el origen del universo, la vida y el ser humano.

Como era de esperar, el lobby del fundamentalismo cristiano, facción ultracon-

servadora del protestantismo evangélico estadounidense partidaria de la historicidad plena de la Biblia y de su inerrancia -doctrina religiosa según la cual las Sagradas Escrituras, al ser dictadas por Dios mismo, siempre dicen la verdad y nunca se equivocan-, ni por asomo consideraba dicha su última palabra en este debate, y pronto activó su gabinete estratégico para sondear los posibles resquicios jurídicos de la sentencia *Epperson*. Esta excluía de la escuela pública cualquier contenido curricular sobre la génesis cosmológica, biológica y antropológica si se trataba de religión, bien; pero si se tratara de ciencia, entonces la puerta seguía abierta, pues resultaría inaplicable el fundamento jurídico recién sentado por el Tribunal Supremo para prohibirlo. Transformemos, pensaron, de religión en ciencia la naturaleza epistemológica del discurso creacionista y dejará de estar excluido del currículo de ciencias naturales en el sistema público de enseñanza. Nace así el creacionismo científico o ciencia de la creación, un discurso dotado de lenguaje, referencias y trasfondo científico destinado a describir creencias religiosas cristianas con atrezzo de cien-

“Durante los años 80 del siglo anterior nace el creacionismo científico o ciencia de la creación, un discurso dotado de lenguaje, referencias y trasfondo científico destinado a describir creencias religiosas cristianas con atrezzo de ciencia.”

cia, y concretado durante los años 80 del siglo anterior en una abundante literatura, según la cual, la ciencia permitiría acreditar la historicidad de pasajes bíblicos como la génesis del universo, la creación de Adán y Eva o el diluvio de Noé. Tras la conveniente subvención y difusión privada y particular de dicha literatura, los activistas del protestantismo evangélico reivindicaron una política legislativa que instaurara en el sistema escolar público un tratamiento equilibrado entre la teoría evolucionista y el creacionismo científico, una carga lectiva equivalente entrambos y la formación del estudiante en su controversia, controversia por lo demás inexistente entre los científicos profesionales en Biología. Inspirando su espíritu legislativo en ese triple eslogan, en 1981 los Estados de Arkansas y Luisiana promulgaron sendas leyes y comenzaron a aplicarlas.

Las secuelas de su aplicación no tardaron en regresar a los tribunales, esta vez con el proceso McLean v. Arkansas Board of Education (1982). En su sentencia, el juez de distrito William Overton resolvió que el creacionismo científico o ciencia de la creación no era ciencia, por su depen-

dencia teórica de un ser sobrenatural que resulta inexplicable por causas naturales e inverificable con experimentación empírica. Según su fallo, el creacionismo científico solo era creacionismo bíblico camuflado y la ley de Arkansas carecía en realidad de propósito o efecto secular válido, servía para propiciar la enseñanza de religión y vulneraba la cláusula de aconfesionalidad de la primera enmienda a la Constitución de los Estados Unidos. En el expediente procesal del pleito resulta particularmente interesante el testimonio del suizo Ariel Roth, doctor en Biología y conocido partidario del creacionismo. Equiparó expresamente evolucionismo y creacionismo en estatus epistemológico y defendió integrar ambos en el currículo de Biología de la escuela pública como teorías científicas. Además, enumeró una serie de supuestas inconsistencias en el evolucionismo que podrían sintetizarse mediante dos objeciones: la imposibilidad de obrar por selección natural en lo que llamó estructuras complejas integradas, y la elevada improbabilidad del origen aleatorio de la vida. Ambas con la pretensión de refutar sendas ideas clave del darwinismo, respectivamente, el efecto

evolutivo último producido por gradualismo (proceso de acumulación paulatina de leves cambios propiciatorios de ventaja adaptativa) y el papel desempeñado por el azar como fuente de variabilidad no dirigida o isotrópica en la evolución por selección natural. Además, siguiendo la Filosofía de la Ciencia de Thomas Kuhn, Roth planteó un proscenio donde debatían, cual protagonista y antagonista, los paradigmas científicos evolucionista y creacionista, asignándoles los respectivos papeles de paradigma dominante en crisis y paradigma alternativo emergente.

Con todo lo anterior, Roth estaba sembrando a sabiendas la semilla del creacionismo por diseño.

El montaje del diseño inteligente

Esta jurisprudencia, dictada hasta entonces por jueces de distrito, fue ratificada por el Tribunal Supremo de los Estados Unidos en 1987 con el caso *Edwards v. Arkansas*, declarando inconstitucional toda ley destinada a imponer que cualquier escuela del sistema público federal impartiera creacionismo científico o ciencia de la creación junto a la teoría evolucionista, porque ello vulneraba la cláusula de aconfesionalidad

de la primera enmienda a la Constitución. Descartada así la infiltración de las creencias del fundamentalismo cristiano en el currículo académico de Biología de la enseñanza pública revestidas de creacionismo científico, sus

“La creencia religiosa vino camuflada entonces bajo carátula de diseño inteligente, para rebautizar las mismas ideas con distinta etiqueta y preservar así el nuevo discurso de las connotaciones características del creacionismo científico.”

activistas perseveraron en su estrategia con un ropaje conceptual nuevo y diferente. Antes del caso *Edwards*, el autor creacionista Charles Thaxton, junto con Walter Bradley y Roger Olsen, ya había publicado *The Mystery of Life's Origin* (1984), premonitorio del inminente creacionismo diseñado todavía en ciernes, por contener algunas de las princi-

pales ideas desarrolladas poco después por sus intelectuales. Y, dado que, tras la sentencia *Edwards*, la introducción del dogma fundamentalista a partir de la sedicente ciencia de la creación como alternativa a la teoría evolucionista era inviable cohonestada por una ley de tratamiento equilibrado, la creencia religiosa vino camuflada entonces bajo carátula de diseño inteligente, expresión acuñada en 1988 por el propio Thaxton para rebautizar las mismas ideas con distinta etiqueta y preservar así el nuevo discurso de las connotaciones características del creacionismo científico, prohi-

bido ya por la jurisprudencia del Tribunal Supremo. En 1991, la denominada estrategia de la cuña comienza con *Darwin on Trial*, de Phillip Johnson; continúa en 1996 con *Darwin's Black Box*, de Michael Behe (2000); se refuerza ese mismo año al inaugurarse el *Center for the Renewal of Science and Culture* —actualmente *Center for Science and Culture*—, destinado a divulgar el flamante pensamiento neocreacionista; y por último, culmina en 1998, cuando dicho *Center* divulgó el documento *The Wedge Strategy*, panfleto destinado a promover el discurso asociado a la inferencia del diseño inteligente, para emplearlo como cuña con la cual leñar el paradigma dominante establecido por el árbol de la ciencia materialista vigente y sustituirlo por un paradigma alternativo nuevo, ahora en sintonía con una ciencia teísta afín al protestantismo evangélico ultraconservador. El documento *Wedge* no puede ser más explícito: «Si contemplamos la ciencia materialista dominante como un gran árbol, nuestra estrategia consiste en desempeñar la función de una “cuña”, [...] denominada teoría del diseño inteligente. La teoría del diseño inteligente promete aminorar el sofocante dominio de la cosmovisión materialista y sustituirlo por una ciencia acorde con las creencias cristianas y teístas».

Auspiciada por el actual *Center for Science and Culture*, esta estrategia de la cuña vino implementada en Biología merced a la contribución teórica de diversos

“La noción de complejidad irreducible pretende excluir, a priori y por la mera fuerza lógica de su autodefinición, el fenómeno de la exaptación y otros mecanismos evolutivos como la selección gradual continuada.”

intelectuales creacionistas, entre quienes destacan Michael Behe y William Dembski. Deudores ambos de las ideas germinales avanzadas por Thaxton con su declaración pericial en el caso McLean, desarrollaron respectivamente las ideas de complejidad irreducible y complejidad específica.

El desmontaje del diseño inteligente

Según Behe (2000), ciertos sistemas, por ser irreduciblemente complejos, perderían toda funcionalidad privados de cualquier parte activa, y por ello no son fruto de la evolución sino de una inteligencia sobrenatural que los creó de modo abrupto y completo: pues, un órgano que perdió su función ancestral, afirma, es inoperante por definición. Falso. Tal vez no opere del mismo modo que en el sistema anterior, pero si media exaptación puede actuar de modo distinto en el sistema subsiguiente.

La exaptación es el resultado del proceso de cooptación, o evolución gradual adaptativa a partir de una estructura funcional para una nueva función distinta de su función original, y es diferente a la selección gradual mediante nuevas mutaciones que mejoran la adaptación funcional original ante los retos de nuevos ambientes. Ambos procesos, cooptación y adaptación por incorporación gradual de novedades, pueden coexistir en la evolución orgánica, según se ha demostrado que sucede con la evolución de los diversos tipos de ojo, tanto a nivel anatómico como molecular (Shubin et al 2009). Entre miles, un ejemplo de exaptación como contraejemplo de complejidad irreducible: el tejido óseo del oído medio de los mamíferos actuales surgió a partir de las mandíbulas de ancestros reptilianos precedentes; no obstante perder su función masticadora ancestral, se cooptó hasta reciclarse para desempeñar una función fisiológica nueva, la transmisión del sonido, que concedía ventaja adaptativa. En definitiva, la noción de complejidad irreducible pretende excluir, a priori y por la mera fuerza lógica de su autodefinición, el fenómeno de la exaptación, ignorando al hacerlo una cuantiosa evidencia favorable a la exaptación y a otros mecanismos evolutivos de los órganos complejos como la citada selección gradual continuada. Por lo demás, salvo Michael Behe, nadie ha publicado un artículo en una revista especializada de revisión por pares presentando

evidencia favorable a la complejidad irreducible o demostrando su carácter de hipótesis científica contrastada. Al contrario, su retórica en Bioquímica ha sido concienzudamente refutada, en especial respecto a los cuatro casos principales que propuso —el sistema inmunitario, el flagelo bacteriano, la cascada de coagulación sanguínea y el cilio eucariota—, como muestra la inagotable retahíla de textos científicos que confirman la presencia de rasgos evolutivos y refutan la existencia de complejidad irreducible en ellos, compendiados en el minucioso trabajo de Forrest y Gross (2004 y 2007). Esta literatura especializada demuestra que, junto a organismos que poseen estructuras o procesos irreduciblemente complejos propuestos por Behe, existen otros en los que dichas estructuras o procesos carecen de algunos de los componentes de aquellos o poseen otros con distinta función que han sido cooptados (exaptaciones) y, sin embargo, son perfectamente funcionales. Algo imposible si fueran irreducibles. Así, el prestigioso evolucionista Cavalier-Smith (1997) le reprocha a Behe un ejemplo entre muchos de omisión tendenciosa, al preterir la existencia de cilios completamente móviles en organismos que carecen de estructuras presentes en otros o poseen proteínas cooptadas a partir de proteínas bacterianas.

Por su parte, la propuesta de Dembski (2002) sobre complejidad específica o

información específica compleja consiste básicamente en lo siguiente. Un fenómeno natural, sostiene, sólo puede resultar de tres posibles procesos causales: azar, necesidad y diseño. Pero si el azar y la necesidad son descartados por inducción negativa, deberá admitirse entonces la causalidad por un diseñador inteligente. Al menos dos objeciones muestran la inconsistencia de esta argumentación. Primera: al desarrollarla, William Dembski descarta el azar calculando las minúsculas probabilidades necesarias para permitir el ensamblaje de genes u otras estructuras biológicas complejas, todas simultáneamente por azar; y descarta la necesidad o regularidad argumentando que la selección natural no puede producir información genética nueva. Sin embargo, omite un punto clave. El cambio biológico puede ser el resultado de ambos, parafraseando a Jacques Monod (1971), el azar y la necesidad. Puede suceder, y sucede con frecuencia, que las mutaciones aleatorias proporcionen la variabilidad y la selección natural no fortuita preserve las variaciones funcionalmente eficaces para la adaptación ventajosa de un modo gradual y no simultáneo. Este proceso, científicamente demostrado y constituyente básico de la mecánica interna misma de la evolución gradual, permite elaborar paulatinamente nueva información genética, nuevos genes y adaptaciones. En definitiva, posibilita la evolución. Dado que Dembski intenta bloquear la combinación de mutación

aleatoria y selección natural invocando únicamente la complejidad irreducible, en realidad, pese a presentar un aparato matemático espectacular —pero postizo—, su argumento es irrelevante, pues en última instancia depende del de Behe, y decae así por la inconsistencia del principal. Segunda objeción: la misma definición del concepto de información compleja específica convierte al argumento de la complejidad específica en tautológico, pues no ocurre realmente en la naturaleza sino según la conveniencia *ad hoc* de la definición dembskiana. Sencillamente, su estructura de inducción negativa, denominada “filtro explicativo”, descarta como explicación

“Una vez desenmascarada su retórica aparentemente científica, el diseño inteligente es Teología.”

primero la regularidad y después el azar, para concluir aceptando el diseño inteligente solo por eliminación, pero sin aducir a su favor razonamiento demostrativo ni evidencia empírica. Método inadmisibles para la inferencia científica legítima, pues el tratamiento asimétrico conferido a las explicaciones alternativas y la ausencia total de evidencia favorable a la única explicación presuntamente subsistente enervan la veracidad de las conclusiones obtenidas (Elsberry y Shallit, 2009).

Así, complejidad irreducible y complejidad específica son dos conceptos vacíos. Es decir, representaciones intelectuales que no subsumen entidad física alguna —como el concepto “unicornio”—, pues carecen de referente empírico en una región del espacio-tiempo y, por tanto, su extensión —totalidad de entes abarcados por su significado— es un conjunto vacío. ¿Qué papel desempeñan aquellas nociones, entonces, en la estrategia de la cuña? Responden al intento de proporcionar base científica o apariencia de cientificidad a la inferencia del diseño. Y, ¿cuál sería, a la postre, la inferencia del diseño inteligente? Según reconocen sus mismos partidarios, su precedente inmediato puede rastrearse en el consabido argumento del relojero formulado por William Paley en Teología natural (1802). Al observar un reloj, tras advertir el ensamblaje de sus distintas partes entre sí con el propósito de señalar la hora, inevitablemente inferimos que tuvo un relojero diseñador; análogamente, la perfección armónica apreciable en la naturaleza permite inferir su artífice, Dios. El diseño inteligente reformula este argumento deísta de Paley, afirmando que en la naturaleza existen fenómenos tan irreducible y específicamente complejos, que no pueden ser el mero producto de procesos naturales, y por tanto evidencian la mente

“La ciencia, aunque no exista sin implicaciones políticas, sin verdad no es ciencia. Es solo política.”

creadora sobrenatural que los diseñó. Pero además trasciende esta argumentación, añadiendo elementos genuinos que singularizan su estructura discursiva: principalmente, la pretensión de cientificidad, esto es, la insistencia en que la ciencia permite demostrar el carácter empírico de las ideas religiosas mediante, por ejemplo, nociones como complejidad irreducible y complejidad específica. Así, una vez desenmascarada su retórica aparentemente científica, el diseño inteligente es Teología. Por ello, ante la obstinación en que esta variante del neocreacionismo sea impartida como si se tratase de ciencia equiparable a la teoría evolucionista, cabría preguntar si es conveniente que los estudiantes dediquen el fugaz y valioso tiempo con que adquirir una formación clave para su futuro a divagar sobre tales especulaciones teológicas vetustas, arcanas y probablemente irresolubles (Pievani, 2006). No digamos ya, de trasladar este debate estéril a la comunidad científica infectando con pseudociencia sus publicaciones especializadas. Ahora bien, sin obstar lo anterior, para desmontar la tramoya del diseño inteligente auspiciada por la estrategia de la cuña no basta con refutar el núcleo lógico científico de la inferencia del diseño, pues sus implicaciones no son meramente lógicas o científicas, sino más bien interdisci-



Figura 1. (a) Imagen de una estructura diseñada por nosotros, lo que implica un propósito. (b) Imagen de un ser vivo, que, aunque también presenta un diseño, éste es consecuencia exclusiva del proceso de evolución por selección natural. Imágenes cedidas por Pixabay (<https://pixabay.com/es/photos/>).

plinares. El punto crítico planteado no se resuelve solo mediante más ciencia, solo aportando más evidencia científica contraria a la inferencia del diseño. Pues, no asistimos a una mera situación de ignorancia de la ciencia o distorsión en la transferencia del conocimiento científico a la sociedad, sino a una cuestión de cosmovisión o imagen del mundo, y en el caso del movimiento para el diseño inteligente ello incluye el activismo político del protestantismo evangélico ultraortodoxo, cuyo éxito no depende tanto de la reflexión argumentativa como de la mercadotecnia y de su bien avenido coqueteo con el capitalismo corporativo y con los sectores más retrógrados del primer mundo global.

Presente y futuro

Como supongo echará de menos el distinguido lector, a este periplo histórico so-

bre la evolución del creacionismo descrita en sus sucesivas especiaciones teóricas le falta, cómo no, un juicio. Estamos ahora en pleno siglo XXI, el pleito se llama Tammy Kitzmiller et al. v. Dover Area School District y su juez John Jones III. El apartado E) 4 de su sentencia, afirma con rotundidad que el diseño inteligente no es ciencia, básicamente por tres razones: vulnera reglas de oro de la ciencia centenarias, al invocar y admitir una causalidad sobrenatural; la noción de complejidad irreducible emplea el mismo falso dilema que invalidó la ciencia de la creación en los años 80 del siglo XX; por último, los embates del diseño inteligente contrarios a la evolución han sido refutados por la comunidad científica. Adicionalmente, las diligencias periciales arrojaron un análisis exhaustivo sobre la metamorfosis de la ciencia de la creación en diseño inteligente, gracias al análisis rea-

lizado por la doctora Barbara Forrest de la genealogía de *Of Pandas and People* (Davis y Kenyon, 1989), considerado por los fundamentalistas la obra intelectual insignia del creacionismo científico. En el expediente judicial consta que fue escrita por Dean Kenyon, Percival Davis —creacionistas declarados— y Nancy Pearcey, miembro de *Young Earth Creationist*, y publicado por la *Foundation for Thought and Ethics*, cuyos estatutos fundacionales e inscripción registral la categorizan explícitamente como entidad religiosa cristiana. Además, su texto original sufrió significativas expurgaciones inmediatamente después de la sentencia Edwards, antes citada por vetar el creacionismo científico en la escuela pública: las definiciones “ciencia de la creación” y “diseño inteligente” son idénticas e intercambiables; las palabras emparentadas con “creación”, repetidas unas 150 veces en el borrador previo a la sentencia, fueron sustituidas sistemáticamente en el texto posterior por “diseño inteligente”; en las versiones previas, el término “creación” era definido idénticamente según se define “diseño inteligente” en las posteriores. A mayor abundamiento, la inferencia del diseño inteligente emplea argumentos idénticos o descaradamente similares a los aducidos en pro del creacionismo, salvo en una diferencia elocuente: en el texto posterior a la sentencia, los términos “Dios”, “creacionismo” y “Génesis”, fueron reemplazados sistemáticamente por un innomi-

nado diseñador. Todo ello sin olvidar las coincidencias estratégicas allende el cariz estrictamente científico del debate, como la intención de impartir docencia con una alternativa científica al evolucionismo para, supuestamente, mostrar sus fortalezas y debilidades, o la insistencia en una presunta controversia en la comunidad científica acerca de la teoría evolutiva (Padian y Matzke, 2009). En definitiva, más de lo mismo con retórica diferente.

Y el futuro, ¿qué puede depararle el diseño inteligente a la estrategia de la cuña? Aunque en los últimos años su presencia entre la comunidad científica y en la sociedad parezca haber remitido, mejor no subestimar la eficacia de su potencial cizañero como pseudociencia.

Al menos a corto plazo, el ecosistema de la modernidad líquida globalizada actual, donde emerge con éxito una posverdad impúdica al servicio de cualquier interés patrocinado con suficiente poder, la capacidad del diseño inteligente para adaptarse aún podría sorprender dándonos algún que otro disgusto. Viene acreditada gracias al empecinamiento de sus partidarios en distorsionar deliberadamente el estado actual del conocimiento científico en Biología, con el abierto propósito de manipular las creencias y emociones hasta influir en la opinión pública legítima, en las actitudes sociales ante la educación, en la Historia de la Ciencia y, en último extremo,

en la visión del mundo. De hecho, en la alta jerarquía de la Iglesia católica todavía persisten personalidades como el cardenal arzobispo de Viena Christoph Schönborn que defienden el diseño inteligente en sus manifestaciones públicas, si bien otras, como el jesuita George Coyne, se posicionan abiertamente en contra (Fontdevila y Serra, 2013); en cualquier caso, con una palmaria influencia en su comunidad de creyentes procedente de legos en la Biología profesional. Y tan cerca de la actualidad como en 2016, la campaña del presidente Donald Trump o el referéndum del *Brexit* sobre la permanencia del Reino Unido en la Unión Europea, muestran a las claras el poder de la política posverdadera. Sus activistas reiteran testarudamente los puntos de discusión, aunque los medios de co-

municación, los expertos independientes o los científicos profesionales demuestren su falsedad, para enmarcar el debate en las coordenadas de una constante apelación a emociones mediante las cuales los contraargumentos fácticos sean ignorados. La apariencia de verdad importa más que la verdad. Sobre todo, si cuela.

A medio y largo plazo, las lecciones de la Historia pueden esperanzarnos. En el fondo, el virus del dilema entre teoría evolucionista y diseño inteligente no dista tanto del propagado en la Ilustración ateniense entre Sócrates y los sofistas, democracia y demagogia o Filosofía y Retórica. Cada cual siga sus preferencias. Pero la ciencia, aunque no exista sin implicaciones políticas, sin verdad no es ciencia. Es solo política.

Referencias

- Alters, B. y Alters, S. (2001). *Defending evolution in the classroom: a guide to the creation/evolution controversy*. Jones and Bartlett, Sudbury.
- Behe, M. (2000). *La caja negra de Darwin. El reto de la Bioquímica a la evolución*. Andrés Bello, Barcelona.
- Cavalier-Smith, T. (1997). The blind biochemist. *Trends in Ecology & Evolution*, 12: 162-163.
- Davis, P. y Kenyon, D. (1989). *Of pandas and people: The central question of biological origins*. Foundation for Thought and Ethics, Richardson.
- Dembski, W. (2002). *No free Lunch. Why specified complexity cannot be purchased without intelligence*. Rowman & Littlefield, Lanham.
- Elsberry, W. y Shallit, J. (2009). *Information theory, evolutionary computation, and Dembski's 'complex specified information'*. *Synthese*, 178: 237-270 (2011).
- Fontdevila, A. y Serra, L. (2013). *La evolución biológica: una reconstrucción darwinista*. Síntesis, Madrid.
- Forrest, B. y Gross, P. (2004). *Creationism's Trojan Horse: The Wedge of Intelligent Design*. Oxford University Press, New York.
- Forrest, B. y Gross, P. (2007). *Biochemistry by design*. *Trends in Biochemical Sciences*, 32: 301-310.
- Hayward, J. (1998). *The creation/evolution controversy: an annotated bibliography*. Scarecrow Press-Salem Press, New York.
- Johnson, P. (1991). *Darwin on trial*. Regnery Gateway Publishing, Washington DC.

Monod, J. (1971). El azar y la necesidad. Barral Editores, Barcelona.

Padian, K. y Matzke, N. 2009. Darwin, Dover, 'intelligent design' and textbooks. *Biochemical Journal*, 417: 29-42.

Paley, W. (1802). *Natural Theology, or Evidences of the Existence and Attributes of the Deity collected from the Appearances of Nature*. R. Faulder, London.

Pievani, T. (2006). *Creazione senza Dio*. Giulio Einaudi Editore, Torino.

Shubin, N., Tabin, C. y Carroll, S. (2009). Deep homology and the origins of evolutionary novelty. *Nature*, 457: 818-23.

Thaxton, Ch., Bradley, W. y Olsen, R. (1984). *The Mystery of Life's Origin: Reassessing current theories*. Philosophical Library.

Estado actual de la teoría de la evolución en la normativa educativa curricular española

Ánxela Bugallo-Rodríguez y Lucía Vázquez-Ben, Área de Didáctica de las Ciencias Experimentales de la Facultad de Ciencias de la Educación, Universidade de A Coruña
anxela.bugallo@udc.es

Vivimos en un estado donde, gracias a una visión claramente positiva de los avances científicos, la sociedad española aún se manifiesta mayoritariamente de acuerdo con la “aceptación” de la teoría evolutiva. Pero, hasta ahora todos los estudios apuntan a que detrás de esta actitud no hay un verdadero conocimiento de la teoría, entonces ¿dónde queda nuestra responsabilidad a la hora de conseguir educar a la ciudadanía en los temas científicos clave que tienen incidencia en su vida?

De nada servirá lamentarse si no trabajamos para que la educación asegure ese

conocimiento, lo único que puede defendernos de la ignorancia y la regresión. Si estas palabras nos parecen demasiado pesimistas observemos el avance imparable del creacionismo en muchos países. Por no hablar de un panorama internacional lleno de personas que ponen en duda la teoría evolutiva, planteándola como una cuestión de opiniones políticas, y/o religiosas, que se puede aceptar o no. Estas posiciones aprovechan la no comprensión del término *teoría* en sentido científico y el desconocimiento de la propia evolución biológica.

El significado científico del término teoría

El uso coloquial del término teoría presenta una gran diferencia con su significado científico, pues con frecuencia indica una carencia de datos que la apoyen (Gregory, 2008) o un “hecho imperfecto” (Gould, 1994). Esto nos lleva a situaciones absurdas en las cuales los entrevistados al respecto hablan de “aceptación” o “creencia” en la evolución, como si formara parte de sus opiniones personales y no del *corpus* de la ciencia fundamentado en datos.

Que la evolución es una teoría en el sentido propiamente científico significa

“Varios estudios alertan sobre el incremento de las ideas creacionistas en la Europa del siglo 21.”

que hay un hecho evolutivo para ser explicado, y un mecanismo bien fundamentado para explicarlo.

En el caso de la evolución, la principal contribución de Darwin a este tema no fue introducir la idea, sino ensamblar un conjunto masivo de datos para apoyar lo que llamaba “descendencia con modificación”. Establecer el hecho de la evolución sólo fue la mitad de su objetivo, también quería proponer un mecanismo que explicara

este hecho, su teoría de la evolución por selección natural (Gregory, 2008).

La moderna teoría de la evolución presenta un conjunto multidimensional de explicaciones para modelos observados tanto en poblaciones actuales como en el registro fósil. A causa de su complejidad, los especialistas en Biología raramente hacen referencia a “la teoría de la evolución”, en vez de eso hablan de “evolución” o “teoría evolutiva” indicando ese cuerpo sofisticado de explicaciones para el hecho evolutivo. Por eso, nunca podemos hablar de teoría en el caso del creacionismo, donde no se presenta ningún hecho o argumento (Gould, 1994).

Las actitudes y el conocimiento sobre la teoría evolutiva

La relación entre la actitud hacia esta teoría y sus posibles consecuencias sobre la educación, se evidencia perfectamente en lo que está ocurriendo en muchos países, como Estados Unidos, donde la “aceptación” pública apenas llega al 40% (Miller et al. 2006), y los grupos defensores del creacionismo buscan incorporar sus tesis a la enseñanza. En Europa varios estudios alertan sobre el incremento de las ideas creacionistas (Blancke et al., 2011; Graebisch y Schiermeier, 2006). De hecho, desde ciertas posiciones políticas se pone en duda la teoría, e incluso se llega a intentar prohibir su enseñanza, como ocurrió en

Italia en 2004 cuando la ministra de Educación Letizia Morati la retiró del *curriculum* de Secundaria. También es preocupante el avance de sectores que presentan el *Diseño Inteligente* como alternativa a la teoría evolutiva en la educación. Uno de los grupos más activos en este objetivo es *Truth in Science*, que elabora y distribuye en Gran Bretaña material educativo orientado a este fin. En España, ha habido intentos de difusión del *Diseño Inteligente*, como ocurrió en 2008, cuando la asociación estadounidense *Physicians and Surgeons for Scientific Integrity* quiso darse a conocer con un ciclo de conferencias, significativamente titulado “Lo que Darwin no sabía”. Como afirma Rico Nieto (2008, p.1) era “el desembarco oficial de los postulados que cuestionan la teoría de la evolución”. Sus objetivos fueron universidades y prestigiosos foros, donde pretendía cuestionarla y defender el *Di-*

seño Inteligente (Rico Nieto, 2008). ¿Qué pasará el día que estas tendencias avancen contradiciendo la teoría científica?

Los estudios exponen que en España existe un buen grado de aceptación, pero con graves carencias de conocimiento. En el trabajo de Miller, Scott y Okamoto (2006) aparece en los primeros puestos de “aceptación”, con porcentajes cercanos al 70% y con rechazos menores del 20%, el restante 10% no está seguro. La encuesta realizada por el *British Council* en 2009 (con las cautelas debidas a la representatividad de su muestra de 973 entrevistas en 9 países), revela un cierto aumento del rechazo en España, pero lo grave es que se triplica el porcentaje de personas que no están seguras (31%). Además, en las preguntas relativas al conocimiento de la teoría sólo el 38% consideraba que *la vida en la Tierra evolucionó con el tiempo como resultado de la selección natural, en la que Dios no jugó ningún papel*.

Existe, pues, una relación compleja entre la actitud hacia la teoría y comprenderla. Aparece una correlación entre el conocimiento de la evolución y su “aceptación” y, paradójicamente, también es posible que alguien “acepte” la evolución sin comprender sus conceptos fundamentales (Pobiner, 2016). En general, los estudios apoyan la existencia de una correlación directa entre comprensión y actitud positiva; de hecho, muestran que un número importante de

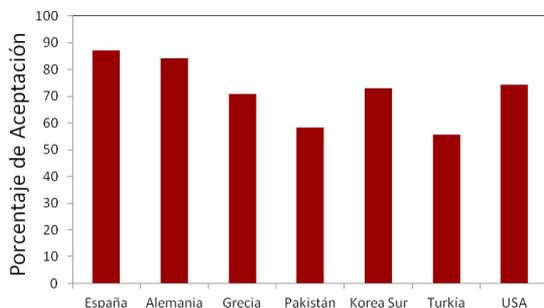


Figura 1. Grado de aceptación (0-100%) de la teoría evolutiva por estudiantes universitarios de diferentes países (obtenido a partir de la revisión realizada en Gefaell et al.2020).

adultos que la rechazan no comprenden los conceptos nucleares (selección natural, conceptos de genética...), y se ha observado una relación positiva entre la adquisición de cierta comprensión y el desarrollo de actitudes favorables (Vazquez, 2017; White, Heidemann, Loh y Smith, 2013).

En el caso español no parece que el creacionismo sea un grave problema, pero sí la carencia de conocimientos adecuados sobre la teoría evolutiva (Rivas y González, 2016). Estudios sobre concepciones del alumnado de Educación Primaria y Secundaria (de ciencias y de humanidades) resaltan el hecho de que una gran mayoría están dispuestos a aceptarla como fenómeno, pero aparecen diferencias sobre “por qué” y “cómo ocurre”. La falta de comprensión les orienta hacia ideas claramente lamarckistas (Ayuso y Banet, 2002; Puig y Jiménez-Aleixandre, 2009), o a una coexistencia de lamarckismo con neodarwinismo (Gallego y Muñoz, 2015). Algo parecido ocurre con los estudiantes universitarios que, aceptando el hecho evolutivo (Gefaell et al., 2020), no usan ideas darwinistas para explicarlo, incapaces de detectar las inconsistencias y, por lo tanto, no mejorando sus modelos sobre evolución, a pesar de ese aumento de madurez que, supuestamente, les llevaría a descubrirlas (Bermúdez, 2015; Rivas y González, 2016).

Estas investigaciones han mostrado la escasa comprensión de los conceptos evolu-

“En el caso español no parece que el creacionismo sea un grave problema, pero sí la carencia de conocimientos adecuados sobre la teoría evolutiva.”

tivos en los diferentes grupos de estudiantes, incluidos los universitarios de Ciencias Biológicas. La famosa máxima de esperar y retrasar el tratamiento de determinadas teorías, como solución a su complejidad, ha demostrado ser altamente ineficaz.

Conocer cómo se trata esta teoría en la actual normativa curricular española puede ayudarnos a comprender las causas de muchos de estos problemas.

La teoría de la evolución en el currículum educativo preuniversitario

Hemos ido más allá de la educación obligatoria, queriendo saber no sólo si la ciudadanía en general puede aprehender este conocimiento básico, sino también, intentando conocer si los futuros científicos y científicas tienen la posibilidad de elaborar un modelo de evolución acorde a las necesidades de sus estudios. Para ello, se ha analizado la presencia de las *ideas nucleares* que sirven para construir la teoría evolutiva en la normativa curricular, desde

“Los datos de Infantil y Primaria muestran que, a pesar de que los especialistas destacan la importancia de comenzar pronto la enseñanza de la evolución, la normativa española está lejos de cumplir esta máxima.”

Educación Infantil hasta Bachillerato. Se han revisado los siguientes elementos curriculares (art. 2 del Real Decreto 126/2014 y del Real Decreto 1105/2014):

a) *Contenidos: conjunto de conocimientos, habilidades, destrezas y actitudes que contribuyen al logro de los objetivos de cada enseñanza y etapa educativa y a la adquisición de competencias. Los contenidos se ordenan en asignaturas, que se clasifican en materias y ámbitos, en función de las etapas educativas o los programas en que participe el alumnado.*

b) *Estándares de aprendizaje evaluables: especificaciones de los criterios de evaluación que permiten definir los resultados de aprendizaje, y que concretan lo que el estudiante debe saber, comprender y saber hacer en cada asignatura; deben ser observables, medibles y evaluables y permitir graduar el rendimiento o logro alcanzado. Su diseño debe contribuir y facilitar el diseño de pruebas estandarizadas y comparables.*

c) *Criterios de evaluación: son el referente específico para evaluar el aprendiza-*

je del alumnado. Describen aquello que se quiere valorar y que el alumnado debe lograr, tanto en conocimientos como en competencias; responden a lo que se pretende conseguir en cada asignatura.

Educación Infantil

En la Orden ECI/3960/2007 por la que se establece el currículo y se regula la ordenación de la educación infantil, en el área de Conocimiento del entorno no aparece ningún contenido relacionado con la evolución. Aunque el Objetivo 7 habla de “conocer y valorar los componentes básicos del medio natural y alguna de sus relaciones, cambios y transformaciones”, que podría sugerirnos cierto tratamiento de la biodiversidad, lo cierto es que sólo se centra en el respeto y cuidado. Se habla del “interés y gusto por las relaciones con ellos”, casi desde un punto de vista “doméstico” y no científico evolutivo. Y ahonda en el antropocentrismo cuando justifica que se deben evitar actuaciones negativas sobre ellos, “tomando conciencia de que son bienes compartidos que debemos cuidar”.

Educación Primaria

Esta etapa educativa ha sido analizada en un anterior estudio realizado por las autoras (Vázquez-Ben y Bugallo-Rodríguez, 2018), comparando en varios países la incorporación en los primeros niveles educativos de las *ideas nucleares* para elaborar el modelo de evolución. El trabajo ha mostrado que en la normativa española sólo aparece claramente como contenido la *extinción de especies*, incluida sin haber aprendido antes cómo se han originado. La *biodiversidad* no aparece como contenido, pero está recogida en los estándares de aprendizaje y criterios de evaluación, desde un punto de vista nuevamente antropocéntrico: 4. *Conocer la relación entre el ser humano y la biodiversidad e identificar las causas de la extinción de especies.*

El hecho de que *adaptación* no se incluya como contenido, sino solo en otros elementos curriculares puede provocar un efecto adverso a la hora de interpretar el *currículum* por parte del profesorado, pues, como indican García-Carmona, Criado y Cañal (2014), son los contenidos los que terminan orientando lo que deben aprender los estudiantes.

En definitiva, los datos de Infantil y Primaria muestran que, a pesar de que los especialistas destacan la importancia de comenzar pronto la enseñanza de la evolución (Vázquez-Ben y Bugallo-Rodríguez,

2017), la normativa española está lejos de cumplir esta máxima. No les da a los estudiantes la mínima posibilidad de ir tejiendo la compleja tela de núcleos que conforman la teoría.

Algo que sí se ha hecho en la última década en países como Estados Unidos, a través del Framework K–12 (*National Research Council*, 2012) y de los Next Ge-

“En educación secundaria el único curso donde se tratan todas las ideas nucleares sobre evolución es 4º, y sólo en la optativa del Itinerario de Ciencias.”

neration Science Standards (NGSS) (NRC, 2013), que colocan a la evolución como un modelo central y realizan una progresión para su enseñanza desde la etapa infantil. Esa progresión se refleja en la tabla 1 en los casos de New York y California, y parece que está comenzando a dar buenos resultados. La adopción de los NGSS, junto con mejoras en la formación de los educadores, parece haber contribuido a una reducción drástica de la enseñanza abiertamente creacionista (y también de los mensajes mixtos), así como al aumento del tiempo dedicado al tratamiento de la evolución en aula (Plutzer et al., 2020). Un cambio en el

Tabla 1. Comparativa con otros países sobre la presencia de elementos curriculares relacionados con evolución en los primeros niveles educativos, por curso y edad del alumnado (Adaptación de la tabla del estudio de Vázquez-Ben, Bugallo-Rodríguez, 2018)

Idea nuclear	New York	California	Inglaterra	Francia	Portugal	España
Evolución	Framework K-12	Framework K-12 NGSS	6º (10-11 años)	4º - 6º (9 a 12 años)		
Herencia de rasgos	K-4; 5-8 (5 a 14 años)	2º (7-8 años)	6º (10-11 años)			
Variación de rasgos	K-4; 5-8 (5 a 14 años)	2º (7-8 años)	6º (10-11 años)	4º - 6º (9 a 12 años)		
Cambios en organismos y poblaciones	5-8 (10 a 14 años)	2º (7-8 años)		4º - 6º (9 a 12 años)		
Evidencia de ancestros comunes	5-8 (10 a 14 años)	2º, 3º (7 a 9 años)	6º (10-11 años)	4º - 6º (9 a 12 años)		
Selección natural	K-4; 5-8 (5 a 14 años)	3º, 4º (8 a 10 años)	6º (10-11 años)			
Selección artificial	5-8 (10 a 14 años)				6º (11 a 12 años)	
Adaptación	K-4 (5 a 9 años)	1º, 3º (6, 8 años)	2º, 4º, 6º (6, 8, 10 años)	4º - 6º (9 a 12 años)	5º, 6º (10 a 12 años)	
Biodiversidad	5-8 (10 a 14 años)	1º (6-7 años)	2º (6-7 años)	4º - 6º (9 a 12 años)	5º (10-11 años)	5º (10-11 años)
Extinción	5-8 (10 a 14 años)	3º (8-9 años)	4º (8-9 años)		5º (10-11 años)	5º (10-11 años)

Tabla 1

que también se han implicado las asociaciones y sociedades científicas, abogando por esos marcos educativos y difundiendo recursos didácticos para la enseñanza de la teoría evolutiva (Reid, 2020).

Educación Secundaria Obligatoria (ESO)

El Real Decreto 1105/2014, de 26 de diciembre, por el que se establece el currículo básico de la Educación Secundaria Obligatoria es claro respecto al momento de introducir la teoría (Anexo 1, p.205):

[...] “Finalmente, en el cuarto curso de la ESO, se inicia al alumnado en las gran-

des teorías que han permitido el desarrollo más actual de esta ciencia: la tectónica de placas, la teoría celular y la teoría de la evolución” [...]

Pero esta inclusión se realiza en una asignatura de carácter optativo, destinada sólo al alumnado del itinerario científico. Además, tampoco se les inicia igual respecto a las tres grandes teorías, pues en Primaria se incluyen las células en los contenidos de Ciencias Naturales, y la litosfera (y las placas tectónicas en el caso de normativas autonómicas) en Ciencias Sociales, pero no se avanza nada sobre evolución.

Eso podría implicar, entonces, que los cuatro cursos de la ESO sirvieran para incluir progresivamente los diversos conocimientos para el aprendizaje de la teoría evolutiva, pero no es así. Analizando las ideas nucleares en esta etapa educativa el panorama es poco alentador (ver Tabla 2). En las materias obligatorias de 1º y 3º aparecen las nociones de biodiversidad, extinción y adaptación, como una extensión de Primaria, añadiendo adaptación, con el consiguiente peligro de propiciar una visión lamarckista, dado su tratamiento aislado (Ayuso y Banet, 2002).

El único curso donde se tratan todas las ideas nucleares es 4º, y sólo en la optativa del Itinerario de Ciencias. El Bloque La evolución de la vida aborda distintas teorías acerca de la evolución desarrolladas a lo

Idea nuclear	1 ^{er} y 3 ^{er} curso (Obligatoria) Biología y Geología	4 ^o curso (Optativa) Biología
Evolución		Cnt.: Origen y evolución de los seres vivos Cnt.: Teorías de la evolución Crit. 16 Est.16.1
Herencia de rasgos		Cnt.: La herencia y transmisión de caracteres Crit. 9 Est. 9.1 Crit. 10 Est.10.1
Variación de rasgos		Cnt.: Mutaciones. Relaciones con la evolución Crit. 8 Est. 8.1
Cambios en organismos y Evidencia de ancestros comunes		Cnt.: Origen y evolución de los seres vivos Cnt.: Mutaciones. Relaciones con la evolución Cnt.: Interpretación de árboles filogenéticos Crit. 18 Est.18.1
Selección natural		Cnt.: Teorías de la evolución Crit. 16 Est.16.1
Selección artificial		Cnt.: Ingeniería Genética: Biotecnología. Bioética Crit. 12-13-14-15 Est.12.1
Adaptación	Est. 7.2 Crit. 7: Determinar las adaptaciones que permiten a	Cnt.: Factores limitantes y adaptaciones
Biodiversidad	Bloque de contenidos: La biodiversidad Crit. 1-3 Est. 1-3.1	
Extinción	Est. 7: Identifica ejemplares de plantas y animales de interés...por ser especies en peligro de extinción	Cnt.: Ubicación de los acontecimientos geológicos y biológicos importantes Crit. 5 Est.5.1
Evolución humana		Cnt.: La evolución humana: proceso de hominización Crit. 19 Est.19.1
		4 ^o curso (Optativa) Cultura Científica
Evolución		Est.1.1 Crit.1.: Diferenciar las explicaciones científicas relacionadas con el Universo, el sistema solar, la Tierra, el origen de la vida y la evolución de las especies de aquellas basadas en opiniones o creencias

Tabla 2. Presencia de elementos curriculares en asignaturas de la ESO relacionados con las ideas nucleares de la Evolución. **Cnt.: Contenidos; Est.: Estándares de aprendizaje evaluables; Crit.: Criterios de evaluación.** La numeración que aparece en Estándares de aprendizaje y Criterios de evaluación corresponde al número/s con el que se identifican en el Real Decreto 1105/2014

largo de la historia, así como distintos debates (saltacionismo, gradualismo, neutralismo), aunque éstos únicamente aparecen en los criterios de evaluación. También se incluyen sus mecanismos, pero se nombra exclusivamente la selección natural, ni la deriva genética ni la migración aparecen; y vinculan todo a la herencia y a la variabilidad genética. La *adaptación* y la *biodi-*

versidad aparecen en el bloque dedicado a *Ecología* y la *extinción de especies* en el dedicado a la *Dinámica de la Tierra*.

Sin apenas tratamiento anterior de los contenidos, y siendo también la primera vez que se trata la Genética, esta materia de 4^o es muy amplia y densa. Todo esto puede dificultar la conformación de un modelo tan complejo, lo que tiene consecuencias en las siguientes etapas educativas, donde los estudiantes muestran un escaso nivel de conocimiento, como mencionamos anteriormente.

Igual ocurre con la otra optativa que trata la evolución, *Cultura Científica*, una materia *específica*, que forma parte de un conjunto de asignaturas entre las que deben elegir cuatro. Aparece en 4^o de la ESO (art. 14.4) y/o en 1^o de Bachillerato (art. 27) y, al ser una materia *específica*, su *currículum* básico sólo consta de criterios de evaluación y de estándares de aprendizaje evaluables (art. 5), no incluyendo los contenidos.

En esa materia se incluye el siguiente criterio de evaluación: “Diferenciar las explicaciones científicas relacionadas con el Universo, el Sistema Solar, la Tierra, el origen de la vida y la evolución de las especies de aquellas basadas en opiniones o creencias”. Igual que en el caso de la citada optativa del mismo curso, se decide tratar directamente la explicación de la evolu-

ción sin tratamiento anterior de las *ideas nucleares* precisas. En 1º de Bachillerato curiosamente este criterio se convertirá en: “Enunciar las diferentes teorías científicas que explican el origen de la vida en la Tierra”. Pensada para la alfabetización científica, creemos que será difícil que esta materia pueda alcanzar tal finalidad en lo que se refiere a la teoría evolutiva, dada la falta de tratamiento anterior de los contenidos que permitan comprenderla.

Bachillerato

El Real Decreto 1105/2014, por el que se establece el currículo básico de la Educación Secundaria Obligatoria y del Bachillerato, plantea como objetivo para la materia de Biología y Geología profundizar en los conocimientos adquiridos en la ESO. Dicha asignatura es una optativa del 1º curso para aquellos que decidan cursar la Modalidad de Ciencias (art. 27.1), y Biología es una optativa en 2º (art. 28.1) a escoger entre varias (Geología, Física, Química y Dibujo Técnico I).

El estudio de la evolución en la primera está vinculado a la biodiversidad, sobre todo al fenómeno de la especiación, pero

centrada, casi en exclusiva, en plantas y animales, llegando a figurar la reproducción sexual únicamente para los segundos. Los contenidos relativos a la adaptación también se encuentran integrados exclusivamente en los bloques dedicados a *Las plantas* y *Los animales*. Si la visión de la diversidad de organismos se iniciaba en Educación Infantil sólo con estos dos taxones, continuamos hasta las puertas de la universidad sin mostrar ese componente de la biodiversidad en toda su complejidad.

En esta etapa educativa tampoco hay resultados que muestren cierta progresión en las *ideas nucleares* (ver Tabla 3). Un ejemplo claro es el hecho de que la materia del 1er curso casi parece una extensión de lo tratado en la ESO (*biodiversidad, adaptación y extinción*).

Nuevamente es en el último curso y con una optativa (*Biología*) donde se condensan todos los contenidos, en este caso relativos a la Genética, sin casi ningún bloque anterior que hubiera estructurado el conocimiento genético. Solamente aquellos estudiantes de Bachillerato que escojan en 1º la optativa Cultura científica (específica) y en 2º Biología, tendrán dos materias para profundizar sobre la base genética, pues

“La Genética, al igual que la Evolución, tampoco se incluye en ninguna asignatura obligatoria en todo el sistema educativo preuniversitario.”

Idea nuclear	1 ^{er} curso (Optativas)		2º curso (Optativa)
	Biología y Geología	Cultura Científica	Biología
Evolución	Bloque 2. La organización celular Cnt.: El ciclo celular. La división celular: la mitosis y la meiosis. Importancia en la evolución de los seres vivos Crit. 3. Crit. 9 y 12 Est. 9.1	Bloque 3. La Tierra y la vida Est. 4.1 Crit.4: Enunciar las diferentes teorías científicas que explican el origen de la vida en la Tierra	Bloque 2. La célula viva Cnt.: La división celular. Importancia en la evolución de los seres vivos Crit. 5 Est. 5.1
			Bloque 3. Genética y evolución
			Cnt.: Evidencias del proceso evolutivo Crit. 11 Est. 11.1
			Cnt.: Darwinismo y neodarwinismo: la teoría sintética de la evolución. Crit. 12 Est. 12.1
Herencia de rasgos	Bloque 6. Los animales Cnt.: La reproducción en los animales. Tipos. Ventajas ... Crit. 24-25 Est. 24.1-25.3	Est. 2.2 Crit.2: Obtener, seleccionar y valorar informaciones sobre el ADN, el código genético...	Cnt.: Genética mendeliana. Teoría cromosómica de la herencia Crit. 10 Est. 10.1
Variación de rasgos	Est. 9.2 : Identifica el proceso de selección natural y la variabilidad individual como factores clave en el aumento de biodiversidad		Cnt.: La selección natural. Principios. Mutación, recombinación y adapt.
Cambios en organismos y poblaciones			Cnt.: Implicaciones de las mutaciones en la evolución y aparición de nuevas especies. Sin Est. ni Crit. Genética de poblaciones: Crit. 13 Est. 13.1
Evidencia de ancestros comunes			
Selección natural	Est. 9.2 : Identifica el proceso de selección natural y la variabilidad individual como factores clave en el aumento de biodiversidad	Est. 5.1 y Crit. 5: Establecer las pruebas que apoyan la teoría de la selección natural de Darwin y utilizarla para explicar la evolución de los seres vivos en la Tierra	Cnt.: La selección natural. Mutación, recombinación y adaptación Crit. 14 Est. 14.1
Selección artificial		Bloque 4. La revolución Genética Est. 5.1 y Crit. 5 : Valorar las repercusiones sociales de la reproducción asistida, la selección y conservación de embriones	
Adaptación	Bloques 5 Plantas y 6 Cnt.: Las adaptaciones de los vegetales/animales al medio Crit.16 Est.16.1/Crit. 29 Est.29.1-3		Cnt.: La selección natural. Principios. Mutación, recombinación y adaptación Sin Est. ni Crit.
Biodiversidad	Bloque 4. La biodiversidad Cnt.: La conservación de la biodiversidad- Crit. 9 Est. 9.1-2		Cnt.: Evolución y biodiversidad Crit. 15 Est. 15.1
Extinción	Bloque 9. Hª de la Tierra Cnt.: Extinciones masivas y sus causas naturales Crit. 3 Est. 3.1		
Evolución humana		Bloque 3. La Tierra y la vida Est. 6.1 Crit. 6 : Reconocer la evolución desde los primeros homínidos hasta el hombre actual y establecer las adaptaciones que nos han hecho evolucionar	

Tabla 3. Presencia de elementos curriculares relacionados con las *ideas nucleares* de la Evolución en el Bachillerato. **Cnt.:** *Contenidos*; **Est.:** *Estándares de aprendizaje evaluables*; **Crit.:** *Criterios de evaluación* . La numeración que aparece en Estándares de aprendizaje y Criterios de evaluación corresponde al número/s con el que se identifican en el Real Decreto 1105/2014

en ambas existe un bloque dedicado al tema. Así que la Genética, al igual que la Evolución, tampoco se incluye en ninguna asignatura obligatoria en todo el sistema educativo. Un estudiante puede acabar sus estudios, incluso en el Itinerario de Ciencias –si no escoges Biología ni en 4º ESO ni en 2º de Bachillerato–, sin conocer esta disciplina, sin tener, por tanto, un conoci-

“Cómo enseñemos la evolución en la educación anterior a la formación universitaria es un poderoso factor para evitar su incompreensión.”

miento necesario para comprender la teoría evolutiva e imprescindible para tomar decisiones en la vida diaria.

Desafíos para la enseñanza de la evolución

La comparación con otras normativas de referencia muestra la preocupante situación curricular de esta teoría en España. Aunque los especialistas solicitan que la propuesta de contenidos muestre una continuidad y progresividad a lo largo de las etapas, tomando como ejemplo la normativa de países como Francia, Inglaterra y

Estados Unidos (García-Carmona, Criado y Cañal, 2014), los datos reflejan la ausencia del más mínimo avance en este sentido.

La inclusión de contenidos relacionados con las ideas nucleares -con excepción de extinción y biodiversidad- que servirían para la elaboración del modelo de evolución, no aparece hasta las optativas de 4º de la ESO. Al mismo tiempo, el hecho de que la asignatura de Biología de 4º curso sea tan compleja, puede precisamente dificultar su aprendizaje y empeorar la comprensión y actitud hacia la teoría. Las pocas ideas nucleares incluidas con anterioridad aparecen y desaparecen en los distintos cursos de las etapas sin explicación ni justificación. Queda, así, rota toda posibilidad de continuidad que permita la enseñanza de aquellos contenidos que permiten al alumnado crear modelos y relacionarlos, dejando a la teoría científica sin el armazón que la constituye.

Tampoco se soluciona el problema en el Bachillerato. Los estudiantes que no escojan las optativas mencionadas, no tendrán ninguna base genética que les permita comprender la teoría evolutiva y tendrán una visión restringida a los organismos pluricelulares, más concretamente a animales y plantas. Esta carencia tendrá repercusiones importantes para comprender ideas nucleares como la biodiversidad, y también cuestiones de

máxima actualidad y relevancia, como el papel que juega la evolución en la rápida adaptabilidad evolutiva de los virus (y también bacterias) de alta mutabilidad. Incluso aquellos que escojan ambas optativas tienen un camino difícil para su aprendizaje por la falta de progresividad, como se demuestra en el mantenimiento de las concepciones alternativas y la falta de conocimiento de la teoría.

Conociendo los obstáculos que impiden comprender la teoría, la posible solución sería apostar por una temprana y mayor formación en las temáticas evolutivas, tanto en el profesorado como en el alumnado. También es preciso buscar una adecuada comprensión de la naturaleza del conocimiento científico, que ayudaría a entender el significado del tér-

mino teoría científica y evitaría la confusión existente.

La normativa educativa debe hacerse eco de la importancia de la evolución, que debe reflejarse en el curriculum de las distintas etapas educativas. Crear una progresión más amplia para los niveles preuniversitarios, reforzando las ideas nucleares, ayudaría a mejorar su aprendizaje. Cómo enseñemos la evolución en la educación anterior a la formación universitaria es un poderoso factor para evitar su incompreensión, para mejorar las potencialidades científicas de nuestros futuros graduados y, también, para fomentar las actitudes positivas de la ciudadanía hacia la teoría evolutiva, una ciudadanía que debe estar capacitada para comprender, argumentar y decidir con conocimientos científicos.

Referencias

Ayuso, E.G. y Banet, E. (2002) "Pienso más como Lamarck que como Darwin": comprender la herencia biológica para entender la evolución. *Alambique*, 32: 39-47.

Bermúdez, G.M.A. (2015) Los orígenes de la Biología como ciencia. El impacto de las teorías de la evolución y las problemáticas asociadas a su enseñanza y aprendizaje. *Revista Eureka sobre Enseñanza y Divulgación de las Ciencias*, 12 (1): 66-90.

Blancke, S., Boudry, M., Braeckman, J., De Smedt, J. y De Cruz, H. (2011) Dealing with creationist challenges. What European biology teachers might expect in the classroom. *Journal of Biological Education*, 45(4): 176-182.

British Council (2009) Results of British Council Darwin International Survey. British Council, UK. <https://ncse.ngo/files/pub/evolution/09-Survey-BritishCouncil-globaleducationDarwineducation-MORIEducationDataTables-FINAL.pdf>

Gallego, A. y Muñoz, A. (2015) Análisis de las hipótesis evolutivas en alumnos de Educación Secundaria y Bachillerato. *Revista Electrónica de Enseñanza de las Ciencias*, 14 (1): 35-54.

García-Carmona A., Criado A. M., Cañal P. (2014) ¿Qué educación científica se promueve para la etapa de primaria en España? Un análisis de las prescripciones oficiales de la LOE. *Enseñanza de las Ciencias* 32 (1): 139-157

Gefaell, J., Prieto, T., Abdelaziz, M., Álvarez, I., Antón, J., Arroyo, J., Bella, J.L., Botella, M. Bugallo, A.,

- Claramonte, V., Gijón, J., Lizarte, E., Maroto, R.M., Megías, M., Milá, B., Ramón, C., Vila, M. & Rolán-Alvarez, E. (2020) Acceptance and knowledge of evolutionary theory among 3rd-year university students from Spain. *PLoS One* 15(9): e0238345. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0238345>.
- Gould, S. J. (1994) *Evolution as Fact and Theory*. En Gould, S.J. (1994) *Hen's teeth and Horse's Toes*, New York: W. W. Norton y Company, 253–262.
- Graebisch, A. y Schiermeier, Q. (2006) Anti-evolutionists raise their profile in Europe. *Nature*, 444(7118): 406–407.
- Gregory, T. R. (2008) *Evolution as Fact, Theory and Path*. *Evolution: Education and Outreach*, 1: 46–52.
- Miller, J.D., Scott, C. y Okamoto, S. (2006) «Public acceptance of evolution». *Science*, 313: 765–766.
- National Research Council, National Science Teachers Association, American Association for the Advancement of Science and Achieve (2013) *Next Generation Science Standards*. Washington, DC. Nat. Ac. Press. <http://www.nextgenscience.org/>
- National Research Council (NRC) (2012) *A Framework for K-12 Science Education: Practices, Crosscutting Concepts, and Core Ideas*. Committee on a Conceptual Framework for New K-12 Science Education Standards. Board on Science Education, Division of Behavioral and Social Sciences and Education. Washington, DC: Nat. Ac. Press.
- Orden ECI/3960/2007, de 19 de diciembre, por la que se establece el currículo y se regula la ordenación de la educación infantil. BOE nº5, 5 de enero de 2008. <https://www.boe.es/buscar/pdf/2008/BOE-A-2008-222-consolidado.pdf>
- Pobiner, B. (2016) *Accepting, Understanding, Teaching, and Learning (Human) Evolution: Obstacles and Opportunities*. *American Journal of Physical Anthropology*, 159 (S61): 232–274.
- Puig, B. y Jiménez-Aleixandre, M.P. (2009) ¿Qué considera el alumnado que son pruebas de la evolución? *Alambique*, 62: 43–50.
- Plutzer, E., Branch, G., & Reid, A. (2020) Teaching evolution in U.S. public schools: a continuing challenge. *Evolution: Education and Outreach*, 13, 14.
- Real Decreto 126/2014, de 28 de febrero, por el que se establece el currículo básico de la Educación Primaria. <https://www.boe.es/boe/dias/2014/03/01/pdfs/BOE-A-2014-2222.pdf>
- Real Decreto 1105/2014, de 26 de diciembre, por el que se establece el currículo básico de la Educación Secundaria Obligatoria y del Bachillerato (RD). BOE, nº 3, 3 de enero de 2015. <https://boe.es/boe/dias/2015/01/03/pdfs/BOE-A-2015-37.pdf>
- Reid, A. (2020) Good news: US classrooms are warming to evolution, thanks in part to scientist outreach. *Nature*, 582: 315.
- Rico Nieto, J. (2008). El creacionismo llega a España. *El País*, 10 enero 2008.
- Rivas, M.L. y González García, F. (2016) ¿Comprenden y aceptan los estudiantes la evolución? Un estudio en bachillerato y universidad. *Revista Eureka sobre Enseñanza y Divulgación de las Ciencias*, 13 (2): 248-263.
- Vazquez, B. (2017) A state-by-state comparison of middle school science standards on evolution in the United States. *Evolution: Education and Outreach*, 10: 5.
- Vázquez-Ben, L. y Bugallo-Rodríguez, A. (2017) El modelo de evolución en Educación Primaria: Desafíos identificados por expertas y expertos. *Enseñanza de las Ciencias* nº Extra: 4293-4297.
- Vázquez-Ben, L. y Bugallo-Rodríguez, A. (2018) El modelo de evolución en el curriculum de Educación Primaria: Un análisis comparativo en distintos países. *Revista Eureka sobre Enseñanza y Divulgación de las Ciencias*, 15 (3): 3101-3113.
- White, P.J.T., Heidemann, M., Loh, M. y Smith, J.J. (2013) Integrative cases for teaching evolution. *Evolution: Education and Outreach*, 6: 17.

An interview with Eörs Szathmáry

Mauro Santos, Professor at Department of Genetics and Microbiology, Autonomous University of Barcelona (UAB); and MTA Distinguished Guest Fellow at the Institute of Evolution, Centre for Ecological Research, 8237 Tihany, Hungary

Professor Eörs Szathmáry is a theoretical evolutionary biologist and director general of the Centre for Ecological Research in Tihany (Hungary), and director of the Parmenides Center for the Conceptual Foundations of Science in Pullach (Germany). He is also a member of the Hungarian Academy of Sciences (MTA). He has made important contributions to the major evolutionary transitions, systems chemistry, replicator dynamics, origins of the genetic code and eukaryotic cells, multicellularity, emergence of natural language, learning and evolution, and

open-endedness in evolution. His books with the late John Maynard Smith (*The Major Transitions in Evolution*, Freeman, 1995; and *The Origins of Life*, Oxford University Press, 1999) have been translated into a dozen languages. I have had the privilege of working with Prof. Szathmáry since 2000, and he is actually (March-June 2020) hosting me within the MTA Distinguished Guest Fellowship Programme in Hungary. Here I took the opportunity to interview Prof. Szathmáry for *eVOLUCIÓN* as an outstanding example of a deep thinker of evolution.

Q - One of your beloved mentors was the late Tibor Gánti, who was a chemical engineer and a theoretical biologist interested in the origin of life. What has been the influence of Gánti in your career?

R - His influence was very strong and I could even say it was decisive. Very luckily for me, at that time in Hungary there was something, which I do not think it exists any more, called the Free or the Open University. We are talking about the period between 1974 and 1978. They organized popular lectures and series of popular lectures, and they were looking for the best lecturers. Actually, in a sense it was better than the University. Of course talks were at a lower level but were given by top people, and Gánti was one of them. He was lecturing about the basic phenomena, the basic organization and the molecular biology of life. This was very captivating. I was at the secondary school at that time. Mind that Gánti was also the first person who wrote a book in Hungarian about molecular biology, published in 1966. Although it was meant to be a popular book, it was also used as a textbook at the medical University. In 1971, Gánti wrote his famous book *The Principles of Life*, where he asked the question of what kind of chemical systems do we need in order to have a minimum living system. His theory has been developed for decades. His vision was extremely novel, extremely insightful and very clever.

This basically broke the symmetry for me because I was doubting whether to become a cosmologist or a biologist. Although Nick Barton told me that within evolutionary biology, my work is closest to cosmologists. Yes, Gánti was decisive and extremely important for me.



Eörs Szathmáry

Q - You have been working actively in the problem of the origin of life, considered as one of the most difficult problems of science. However, in 1972 the famous philosopher of science Karl Popper (*A realist view of logic, physics, and history*. In: *Objective Knowledge. An Evolutionary Approach*, p. 309. Clarendon Press, Oxford) wrote: "I believe that 'What is?' or 'What are?' questions or, in other words, all verbal or definitional questions, should be eliminated ... Questions such as, 'What is life?' or 'What is matter?' or 'What is mind?' or 'What is logic?' I think should not be asked." All of a sudden, Popper wants to eliminate the title of the highly influential book written

by Erwin Schrödinger in 1944. As a scientist, what is your defence against Popper's claims? As a scientist interested in philosophy, what would be your criticism of Popper's remarks?

R - Popper's point of view is of course an important one because it is a claim made by a very distinguished philosopher of science. Mind that not many philosophers have had any influence on science and most scientists do not care about philosophy, they would even consider harmful many philosophical papers. Popper made a philosophical career that is respected among scientists, but he was not as original as people think. The logical root of what he was doing can be found in scholasticism, where some clever people said that you do not have to defend religion by positive arguments, but you have to negate negations. This is the right methodology for defending a faith, a falsifiable argument. There were also the American pragmatists, who used the term fallibility. In essence, Popper's ideas, although highly influential, were not very novel. However, he was very sharp in exposing these ideas. I think he is wrong when he wrote that we should not inquire about 'What is matter?' or 'What is life?' because logically, these questions do not have the same status. Matter is a primary ontological thing; life is not, life is a derived property. This is Popper's mistake. Matter is matter; it can have many structures but

is not the structure that often matters. For life it is the organization what is important, and you can inquire what is the organization of living systems. Going back to Gánti, his point was that what constitutes a living system is not a philosophical question. It is a biological question. But what is life in a general sense is a philosophical question. In this sense, Popper is right and wrong at the same time. I agree with Gánti. When Popper was attacking the title of Schrödinger's book, he was attacking it for the wrong reason because in that book there are questions that are legitimate, and we are working on these questions. As Gánti also said you have to be careful about these statements, because you have to consider evolution. But if you go for the overlap between science and philosophy, you have to focus on a minimal system. Multicellular organisms have a double life so to speak, they are already composed of units that are living. Cells are alive, and multicellular organisms are alive at a second level. There is a lot of mess to be cleared away, but I do not think Popper knew anything about many of these problems.

Q -You worked with John Maynard Smith as a postdoc in the University of Sussex. What impressed you the most of John?

R -This is again an exciting question. I was educated during communism; I finished my university studies in 1984 and obtained my PhD in 1987. The political

change happened in 1990. Around the middle of 1980s the political system was dying, and allowed certain things to happen. An example is the very famous (some people would say infamous) Hungarian George Soros, who created a scholarship in Hungary for people to study and work abroad. I spent half a year with Maynard Smith, from October 1st, 1987 to the 3rd of April 1988. This was a unique opportunity and the scholarships were very competitive, not all Hungarians could get it. For the record, Viktor Orbán (the actual Prime Minister of Hungary) also got one. I thought it might be a one-life opportunity, and had to think soundly where I should go. It was absolutely clear from his writings that John Maynard Smith was my target. He was a theoretical biologist and I am a theoretical biologist, and the clarity of how he was writing about biological questions was overwhelming. Mind you, John was also an engineer, Gánti was an engineer by training, Lewis Wolper is also an engineer, and my father was an engineer. I think this background makes these people to be clearer than other sort of theoreticians.

Q -Your book with John Maynard Smith *The Major Transitions in Evolution* has become a classic in evolutionary biology, which has been cited 4,965 times (Google Scholar) to date. To put this into perspective, some of the founding books of the Modern Synthesis such as Dobzhansky's

Genetics and the Origin of Species (cited around 8,000 times), Mayr's *Systematics and the Origin of Species* (cited 8,429 times) or Simpson's *Tempo and Mode in Evolution* (cited 3,137 times) have received less citations considering that they were published around fifty years before. How would you summarize the main take home messages of the book?

R - When we wrote the book, John said that we could not know whether it could have an influence on a very small number of very clever people or if it would have a much broader effect. We did not know. We were more positive or hopeful when we saw the first reviews. With the *Nature* review, John said that it could have been written by ourselves. Some other colleagues were also positive. When I said to Paulien Hogeweg that this is the first book about these transitions, she said no, this is the first book about evolution. Why can somebody say this? I think a very important effect of the book is that it does not have the usual *if, then*. This is the structure of the standard book on population genetics, where if you assume this and that, then you can work out the consequences. But, what about the *ifs*? This book is more about the *ifs*; under what conditions these *ifs* arise. An additional thing is that the book does not deliberately get stuck at a certain level; organisms, genes or whatever. It also has the global view, from the origin of life to

the origin of language, and the take home message is that there are two things that go side by side and both are extremely important. One is the evolution of inheritance as such, it is not only DNA because there were and there are another inheritance systems before and after, for example epigenetic inheritance. Let alone language; we could not be sitting here because we could not talk. The other is that there are several times in evolution where things that were reproducing independently came together to form a higher level; to such an extent that now they cannot reproduce independently. Mitochondria, plastids and the cell nucleus cannot reproduce alone at all. Some things are now irreversible. We have now DNA, RNA and proteins linked by the genetic code. Nobody has ever seen a creature that would have lost the genetic code, although logically it is possible but practically it is impossible. These are two important things in the book, the evolution of individuality and the evolution of inheritance. As David Queller wrote in his review in 1997, it is almost like two books in one.

Q - Are you preparing a new edition of *The Major Transitions in Evolution*?

R - The short answer is no. I have a contract with Harvard University Press, but there are a number of issues here. I have to fight for academic freedom in Hungary

because there has been an important interference by the government with the Academy of Sciences, and I was in the delegation of the Academy. As the Romans said *inter arma silent Musae* (in times of war, creativity suffers). Furthermore, from January last year, I took the present position of director general of the Centre for Ecological Research in Hungary, and therein I established the fourth Institute, which is the Institute for Evolution. As you know I did not stop science or writing papers, but the book is really out of question for the time being. To write it, I would need more tranquillity.

Q - Let us consider some of the topics included in *The Major Transitions* such as the origin of life and the origin of language. What substantive advances have occurred since its publication in 1995?

R - There are. First, I want to make the statement that one of the most important advances that happened in the last decades is that we know much better what we do not know. This means that we can ask sharper questions. If you know information theory that is already knowledge. If I ask you, how did life originate? And you answer, I do not have a clue, this is a different thing than saying well, there are certain important unsolved problems in the origin of RNA replication. In general, and this also applies to the origin of language, we can make sharper questions, and partly there

is some experimental tractability of these problems. We can now make beautiful experiments on the possibility of non-enzymatic RNA replication on the ice, and one can realize that might be it is better to use trinucleotides as building blocks rather than mononucleotides. There are many unknowns, but people are asking cleverer questions and doing much better experiments than a few decades ago. This is also true for language although experimentation here has obvious limits; for example, we cannot take away kids from their parents and set up an experiment. There are serious ethical considerations. But if you look at how language processing can happen in various artificial systems, for example with Luc Steels' fluid construction grammar, and witness how robots can acquire language in a given environment, we can slowly know more and more how the brain is processing language. We know more about the genetic background of language capacity. There are also ideas on how the brain works when it is solving complex problems, and it might be the case that some Darwinian mechanism is taking place, as we discuss later. Let me put a concrete example of some advances. Jack Szostak showed that the presence of citrate, which is an intermediate of the Krebs cycle, is actually good in RNA replication in a compartmentalized system. These are the type of things that a few year ago, nobody could have imagined.

Let alone do targeted experiments. Or the work that we have done with Andrew Griffiths using microfluidics, where you can run experiments with thousands of droplets in real time to investigate things as molecular cooperation. Albert Eschenmoser, the famous organic chemist, said that probably we would never know how the origin of life happened. However, if we have a scenario about which everybody agrees upon then the hard job is basically done.

Q - One of your recent interests is the relationship between learning and evolution. In 2016 you published a paper in TREE with the title: How can evolution learn? What is exactly the connection between Bayesian learning and Darwinian evolution?

R - In general, both of them, learning and evolution are producing adaptive solutions, solutions that can be complex. In this general sense, the relationship has been observed and there were particular realizations. For example in the case of Skinner's operant conditioning where there is spontaneous variation, and there is a reward for performing a particular task and the frequency of the behaviour is increasing. People already said that there is an analogy, and that is Darwinian selection. This is one line of thought; the other line comes even before with the famous psychologist William James. The brain comes up with complex functional solutions, we do not know

how it does it but we know that evolution works. James proposed that maybe something like an evolution process is happening when we perform complex thinking. Later, some neurobiologists like Jean-Pierre Changeux and Gerald Edelman suggested that there is pruning and selection over the production of different variants, different connections, and different cells in the brain; and that there is functional elimination of the wrong ones. This is sort of a Darwinian view of the brain. However, after a second thought we can realize that it is incomplete, because this is a one shot game. A Darwinian process happens when there is ongoing variation and selection, not with the variation that is generated once early in development, but with a continuous input of new variation. Evolution by natural selection is an algorithmic process, or it has a very strong algorithmic element, and it is important to look for solutions in parallel. It is also a stochastic process, there is always some noise; and there is redistribution of resources. This is important. The non-functional or hopeless solutions are literally thrown away. This happens with natural and artificial selection, and it should also be the case with the brain if we claim that a Darwinian process takes place inside the brain. For this, you have to generate the new variants out of the ones that were already present in the previous round of selection. This iteration process is a key element, but

it is unknown whether it is working in the brain or not. This would be an ultimate goal to claim that evolution is important during learning. Now we can ask the reverse question, how important is learning in evolution? People like Richard Watson in UK and Uri Alon in Israel initiated an analogy between evolutionary and learning systems. For example, if you have a genetic regulatory network, which obviously every organism has, this regulatory network is of course subjected to selection because it was the evolution of this network that led to the evolution of the organization. An interesting question is whether this genetic regulatory network can have a memory, as it happens with artificial neural networks. That is, put the genetic network in a certain environment and select for functionality in that environment. Then switch the genetic network to a different environment where it will likely evolve new connections. The question is whether this genetic network keeps a memory of the previous environment. If this is the case, when the network is again turned back to the first environment it readapts much faster than if it has to adapt *de novo*. Then you can look at the evolution of the coupling strengths between the genes in the genetic regulatory network. For example, two genes can be co-selected in the sense that both have to be simultaneously active in a particular environment. How does evolution influence

the genetic regulatory network? A simple answer would be that it is like Hebb's rule, which states that neurons that fire together wire together; that is, one could argue that genes that have to be active together are going to have a strong co-expression. Obviously, it is not as simple as this because Hebb's rule is already an evolved phenomenon, it is a dedicated learning process. In the case of genetic regulatory networks, the two genes can also influence each other indirectly, so it is not necessarily a direct influence. However, we have found in some recent experiments that if you look at how individuals react in different environments and the connectivity between their genes, you find that at the population level what happens is actually Hebbian learning. This is one link between learning and evolution. Another link, pointed out by other people not a long time ago, is that if you look at the Bayesian update as a process, where the probability for a hypothesis is updated as more evidence or information becomes available, it is formally analogous of what they call a discrete time replicator equation. In retrospect, this seems obvious because every new organism is a hypothesis of how to make a living in a particular environment. Those hypotheses that are bad are thrown away. We call this natural selection.

Q - In 2005 the editors of Science highlighted 125 unsolved scientific questions that they thought could be answered in the

coming decades. Second on the list was "What is the biological basis of consciousness?", and sixteenth was "How did cooperative behavior evolve?" Do you share the optimism of Science editors?

R - With cooperation, I do agree. We have now so many mechanisms that can work in favour of cooperation that we may not need more. It is more an empirical work now to find what particular mechanism dominates in a particular situation and under what conditions. This is important because some cooperation models, like the



Eörs Szathmáry after being interviewed by Mauro Santos

Prisoner's Dilemma, were over-researched and, in many cases, they are not relevant. With the case of consciousness, we are far from that. We can do nice research now in neurobiology to look for neuronal correlates of consciousness, but what this means is far from obvious. We face a hard problem here. For example the qualia problem. You see the colour red but you also "feel" it; that is, the colour red gives you a subjective feeling. Where does this come from? This is not only an interesting question; it is also a serious question. There have been cases where, apparently, people that had an accident lost part of the qualia, the instances of subjective conscious experience. For example, a person did not have the usual, subjective sensation of the red colour although remembered that it should be there, but did not have the sensation. I personally know someone that also had an accident. For months, he was living in what he could describe, with no better words, that he lost qualia. This is a terrible feeling. No one knows what is going on when you realize what is around you but you might not have the "feeling". You lost the association. It must be an extremely dramatic and frustrating experience.

Q- People working in artificial intelligence believe that the sheer complexity of modern computers, or of their interconnectedness through the internet, will trigger a singularity, a term popularized by Vernor

Vinge in his 1993 essay *The Coming Technological Singularity*. Machines will become conscious. This sounds quite farfetched, especially if we take into account that there is no agreement among neurobiologists how the brain produces consciousness. What is your opinion?

R - First, we have to remark that consciousness arises under conditions of individual selection. I do not believe in panpsychism, the view that all things have a mind or a mind-like quality. What I do believe is that if you have the right constraints on artificial systems, then consciousness might arise. Why not? Although, suppose that conscious artificial systems will have qualia. That would be very different from our qualia. It is as the old question of what is it like to be a bat? I think that there will be some advances where interfaces between the brain and artificial systems will improve. I think that we could actually login into the brain of a bat. Some people might become mad if this is the case, I do not think that this is without risks. However, I think we have a better handle on these questions, and I do not exclude the possibility that machines can become conscious but it is quite far still. The stunning performances of those systems that can play go is important, but we also know that humans work very differently. For example, people are forming hypotheses even after seen one example, but the artificial systems need millions of

examples. Also, as someone remarked very nicely, compare the energy consumption of artificial systems that were fighting against the human brain. The human can be sitting and eating two sandwiches, but those systems were consuming a huge amount of energy to fulfil that kind of performance. Also from the point of view of an algorithmic approach, and from the energetic approach, what the human brain is doing is still very different from what machines are doing. Moreover, it is possible that some of the things that we are doing have to be done in exactly the way that we are doing them; otherwise we might not have consciousness. Brain algorithms might have components that are not yet in the artificial algorithms, and it is possible that unless you have plugins that you borrow from biology, you will not get conscious machines.

Q - A few years ago, you suggested the neuronal replicator hypothesis, the idea that Darwinian selection can happen within the brain. How does it work? Is there any empirical evidence?

Nobody knows how it works; there are proposals of how it might work. Going back to a previous question, the crucial problem is how you can do something like replication in the nervous system. I mean, neurones do not reproduce; what has to be produced are variations, candidate solutions to a problem. Even in this case, you have to be able to store alternative solu-

tions in parallel, and you have to be able to execute a process where you have to send a variant of the same information to another place. An interesting question is how is it possible that the meaning of an activity pattern will be the same as the meaning of this activity pattern in another part or context of the brain? In a sense, it is a linguistic problem. Different parts of the brain that are involved in this hypothetical process must share the same language or be able to translate between a few languages; otherwise, it will not work. We did suggest candidate mechanisms in the past, but I was never satisfied with them. This is a very technical issue and let us skip it, but I never was satisfied. Suddenly, I stumble over a solution that is not mine, is from another Hungarian named Zoltán Nádasdy who is in Texas at Austin. He was working on questions related to how do you store information in, e.g., the workings of the hippocampus. He figured out something that is called phase coding. To cut a long story short, there are oscillators in neural activity patterns and they oscillate in different phases. He pointed out that if there are two neuronal groups where one has an activity pattern and there is a similar spatial distribution of the possible phases in both groups, then information can be transmitted and reconstituted—I would say effectively replicated. If you are sending spike trains from one group to the other, because of the phase coding the ultimate result is

that it will be understood in the same way; of course, because of stochasticity there will be some variation. Therefore, I think that the mechanism for potential Darwinian selection within the brain is there, and what happens is that there is a reconstitution. It is similar to what Eva Jablonska said about how memes can replicate, it is not digital replication, it is reconstitution of neuronal information from group A to group B. I asked Nádasdy whether this could be applied to the cortex, and he said that almost certainly yes. This is something that we are investigating. To sum up, we do not know how Darwinian selection happens within the brain, but I think that we are getting closer to a potential solution. There are also other approaches in linguistics and insight psychology. For example, if you look at Luc Steels' fluid construction grammar¹, it is practically impossible to do it without some form of replication. The important point is that Luc did not want to create an evolutionary system; we just realized that his is in fact an evolutionary system.

Q - Economists are famous for being terribly bad at forecasting recessions and predicting the future. Because you are not an economist, I would like to know your view of the future of the biosphere.

R - Unfortunately, I think that the future of the biosphere is largely dependent on us, which is not encouraging. According to the data, we are undergoing a major mass

extinction that is anthropogenic. This is an incredible disaster, and we are in the middle of it. As you know it takes millions of years to recover from a mass extinction, and we have already done an almost irreparable harm to the biosphere. Having said this, what is at a real risk of extinction is not the biosphere as such; it is the human race. At least in the sense of technology and culture. Bacteria will not care a damn; they will even survive an atomic war. But we do have to care. There are a number of very big negative factors. The first is that, overall, it does not seem that bankers have learned that much from the past financial crisis. Second, there is the political unrest, almost everywhere in the world including the big powers. Third, the anthropogenic climate change. Unfortunately, these three problems can link together in a vicious circle. We have examples where local civilizations were collapsing themselves; now our links are global and will affect all of us. Humans will survive as individuals, but the question is if it will be worth living. And this is not far. Talking to some experts on these problems, which I am very worried about and want to help this not to happen, it seems that we have probably a few decades. If there is no substantial change, the game will be over. To put it in a sarcastic way, the records of carbon dioxide emission scale very well with the number of meetings about climate change. Obviously, there is a problem and the attenders to those meetings

do not seem to solve that much. There is also another problem related with climate change, and it is the problem of emerging diseases. As you know one of our colleagues, Dan Brooks, together with other authors wrote a book about this problem, *The Stockholm Paradigm*, published last year. Take the present COVID-19 crisis. It is only one virus playing around, and look at the mess it is causing. Because of the climate change, we are expecting more and more emerging diseases. Imagine that you have two, three or four of these diseases spreading at the same time. Even if individually they are weaker than COVID, what could happen if they come together? People do not realize how fragile civilization is. Humanity is a combination or superposition of devils and angels. The angels have generated so much knowledge, science, art, and many other valuable things that I am personally very reluctant to go back to the cave. Some people might have heard of Fermi's paradox. Enrico Fermi was discussing, I think at Princeton at lunchtime (probably Leo Szilárd was also there —there is no clear record), the question of where they are, meaning extraterrestrial intelligence. We believe in evolution, we believe that it is a natural process, we believe that it can lead with some probability to intelligent species so, where are they? One of the explanations was that perhaps civilizations have a short lifespan, and we will never

detect any. As a corollary, another civilization might never detect ours.

Q - In 2004, Craig Venter and Daniel Cohen wrote: "If the 20th Century was the century of physics, the 21st Century is the century of cybernetics, biology and ecology." For someone who is pursuing a future career in evolutionary biology or theoretical biology, what would be your recommendation?

R - I tend to agree with what they said but only partially. I was thinking about this. Obviously, biology has become very important, and some biologists feel very "imperialistic" about this and say we will take revenge. This is stupid, because we forget that there is the more general problem of complexity. Complex systems are not restricted to biology. The first scientific approach to complexity did not come from Darwin; it came from Adam Smith. His theory on the wealth of nations is a kind of theory of complexity. There are also complex situations in non-living systems, and some of them can be translated to living systems. I would actually add complexity to their list, but this should not be taken as an arrogant statement. It is a consequence of the natural development of human knowledge and history. And let us hope that it will contribute to the chances of our survival, because it is also the society that matters. This is what we were discussing a few minutes ago. If we cannot handle the complex

issues that human societies are facing, then there will not be essentially biology or ecology; it will be the century of extinction of human civilization. There is a general problem here. As you know, I have many ties to the Parmenides Foundation in Munich, and the core of the Foundation is about the study of thinking with its implications in computer-aided thinking and strategic problem solving, medical diagnosis, etc. We discussed some years ago about that problem. People are learning many things, but not about the various instantiations of complexity. If they learn it, it is only within their subject. For example, imagine a politician that learnt physics. What was he learning? He was learning Newtonian physics, and he is completely right in saying that it did not help him to solve many of the problems he faced. To know about complex systems, nonlinear phenomena, percolation, graphs, interactions, etc., could be criti-

cal to solve multifaceted social problems. I would even say that nobody could have a physical degree at the University without knowing a small but very important segment of biology, and the other way around. How do you do this? We came with the idea of the mental survival kit, called the cognitive excellence program. It is centred around two dozen of what we call thought patterns of cross-disciplinary relevance. For example, the idea of what is called self-organized criticality, that happens in physics, in biology and in other areas, is of course cross-disciplinary. Students should know about these things, but overall they do not. I think this is a very big problem, and we generalist scientists have a cultural mission trying to change the actual state of affairs.

This interview with Prof. Eörs Szathmáry took place in Budapest on June 4th, 2020.

Notes

1 Fluid Construction Grammar is a linguistic formalism designed to explore in how far a construction grammar approach can be used for handling open-ended grounded dialogue, i.e. dialogue between or with autonomous embodied agents about the world as experienced through their sensory-motor apparatus. (L. Steels and J. de Beule. 2006. Proc. 3rd Workshop on Scalable Natural Language Understanding, pages 73–80.)

EN RECUERDO DE IGNACIO RIBERA (1963-2020)

El 15 de abril de 2020, perdíamos, abrupta y prematuramente, a Ignacio Ribera Galán, Investigador Científico del CSIC en el Instituto de Biología Evolutiva (CSIC-Universitat Pompeu Fabra), muy destacado especialista en el estudio de los coleópteros acuáticos y cavernícolas, y excelente colega y amigo.

Ignacio Ribera nació en Barcelona, el 9 de marzo de 1963, pero pasó su infancia y adolescencia en la cercana ciudad de Martorell. Realizó sus estudios universitarios en la Universidad de Barcelona, donde se licenció en Biología en junio de 1986, y se doctoró en marzo de 1992. Su tesis doctoral la dedicó al estudio de los coleópteros acuáticos del Pirineo y Prepirineo, examinando más de 11.000 ejem-

plares de Haliplidae, Hygrobiidae, Gyrinidae, Noteridae y Dytiscidae, recogidos en más de 400 localidades. Tras su tesis, estuvo un año y medio en el *Scottish Agricultural College* (UK) con Garth Foster, y tras 7 meses de trabajo en la Universidad de Murcia como profesor asociado, obtuvo una beca post-doctoral Marie Curie para investigar durante dos años en el *Imperial College*, en Londres. Después, con una *Leverhulme Special Research Fellowship*, pasó a trabajar por dos años más en el *The Natural History Museum*, en Londres, en ambos casos con Alfried Vogler. En enero de 2004 obtuvo un contrato Ramón y Cajal, con el que se incorporó al Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC), en Madrid, y en 2005 ganó por concurso-oposición, una plaza de Científico Titular del CSIC,

para trabajar en dicho Museo. Finalmente, en 2008 se trasladó al recientemente fundado Instituto de Biología Evolutiva (CSIC-Universitat Pompeu Fabra), en Barcelona, donde pocos años después ganó por oposición la categoría de Investigador Científico del CSIC.

Ignacio fue un muy destacado y respetado especialista en el estudio de coleópteros acuáticos y cavernícolas. Se inició con los aspectos taxonómicos, aunque pronto se empezó a plantear preguntas de carácter ecológico y evolutivo más general, pero sin dejar nunca, como hacen los auténticos



Ignacio Ribera en julio del 2008, en la Cueva del Perro, cerca del caserío de La Llantada (Asturias), recolectando coleópteros del género *Apoduvalius* para un estudio de filogenia molecular de carábidos Trechini (foto: Xavier Fresneda).

naturalistas, la taxonomía y la sistemática. Así, durante la mayor parte de su carrera se dedicó a la investigación de la filogenia, biogeografía y evolución de estos coleópteros, utilizando tanto caracteres morfológicos como moleculares. En el caso de los acuáticos, se interesó además por aspectos ambientales y ecológicos, estudiando, por ejemplo, el efecto de las restricciones del hábitat en su ecología y conservación. En cuanto a los coleópteros cavernícolas, sus estudios sistemáticos y filogenéticos le mostraron enseguida la extrema similitud morfológica en esas especies, singularmente en la tribu Leptodirini, dentro de los Leiodidae. Ello le condujo a trabajar intensivamente en el problema de la convergencia evolutiva, a escala morfológica y fisiológica. Entre sus proyectos más recientes, destaca el estudio del ciclo biológico contraído de algunas especies hiperadaptadas al medio cavernícola, el cual plantea un reto científico de primer orden. Aunque Ignacio padecía serios problemas de salud, disfrutaba participando directamente en los muestreos en el campo, en los lugares más diversos y difíciles, incluso en cuevas y simas, a la búsqueda de las científicamente valiosas muestras de coleópteros cavernícolas.

Sus investigaciones rindieron un total de 239 publicaciones científicas, que abarcan un amplio espectro de escalas de trabajo, desde la sistemática morfológica, hasta el análisis a nivel molecular y conclusiones de carácter evolutivo, sin olvidar las publi-

caciones monográficas de orden general. Entre estas últimas podemos mencionar el capítulo de coleópteros del libro *The tree of life*, firmado con Rolf Beutel y publicado por Sinauer Associates en el año 2014, y el *Atlas de los coleópteros acuáticos de España*, realizado en colaboración con varios colegas, y publicado por el Ministerio de Agricultura, Alimentación y Medio Ambiente, también de 2014.

Las investigaciones de Ignacio se vieron reconocidas con financiación competitiva de distintas agencias, tanto locales (de la Generalitat de Catalunya, del Plan de Investigación Estatal), como internacionales. Entre los proyectos internacionales destacan los compartidos con colegas con quienes trabajó en sus estancias postdoctorales. Por ejemplo, con Garth Foster (*Scottish Agricultural College*) tuvo varios proyectos financiados en Escocia, y con Alfried Vogler (*The Natural History Museum, London*) compartió algunos más financiados en el Reino Unido. Asimismo, inició nuevas colaboraciones internacionales singularmente fructíferas, como la establecida con Michael Balke (*Zoologische Staatssammlung, München*), con el que tuvo varios proyectos financiados en Alemania.

Además de sus trabajos de investigación científica, Ignacio ejerció también responsabilidades de organización y gestión de la investigación. Contribuyó en gran manera a poner en pie el Instituto de Biología Evo-

lutiva, fundado en 2008, poco antes de incorporarse al mismo. Durante los tres años siguientes, entre 2009 y 2011, sirvió como adjunto de la comisión de “Biología Vegetal y Animal, Ecología”, en la Agencia Nacional de Evaluación y Prospectiva (ANEP). Como tareas editoriales, fue editor de la revista *Zootaxa* para Coleoptera Myxophaga, Adephaga acuáticos y Dryopoidea, Editor Asociado de la revistas *Insect Conservation & Diversity* y del *Boletín de la Sociedad Entomológica Aragonesa*. También fue miembro del comité editorial de las revistas *Animal Biodiversity & Conservation*, *Annales de la Société entomologique de France* y *Heteropterus*.

Desde hacía muchos años, Ignacio sufría de problemas renales crónicos graves que sobrellevaba con naturalidad y cierta deportividad, sin lamentarse nunca. En los dos últimos años a esos problemas se añadieron otros, más graves si cabe, que requerían tratamientos médicos muy agresivos. En la mañana del 15 de abril de 2020, todos esos problemas, agravados por el contexto de la pandemia de Co-

vid-19, le ganaron la partida para siempre. Le recordaremos cómo gran especialista en coleópteros acuáticos y cavernícolas. Pero también le recordaremos como aquella persona generosa que echaba una mano, o las dos, cuando se le necesitaba, ya fuesen los más humildes entomólogos aficionados, o los colegas más famosos, o las más altas instancias de la investigación (y tengo la íntima convicción de que a menudo se sentía más cómodo con los primeros). Echaremos en falta su espíritu crítico, pero leal, su sabiduría, su pausada conversación inteligente, su tranquila pasión (aunque parezca una contradicción) por la ciencia, su irónica sonrisa. La irónica sonrisa de aquel que sabe muy bien que no hay atajos, que no hay sustituto para el trabajo intenso, constante y bien hecho. Como siempre fue el trabajo que hacía Ignacio Ribera.

Xavier Bellés

Instituto de Biología Evolutiva (CSIC-
Universitat Pompeu Fabra)

La SESBE lanza el Premio Pere Alberch bianual a la mejor tesis doctoral

El Premio Pere Alberch será un reconocimiento bianual a las mejores tesis doctorales de Biología Evolutiva realizadas por miembros de la SESBE. En ésta, su primera edición, de las candidaturas* recibidas se seleccionarán las tres mejores para ser invitadas a una presentación oral en el próximo congreso de la SESBE, que tendrá lugar en Vigo en 2022. El acto concluirá con la ceremonia de entrega al ganador o ganadora que recibirá junto con el Premio Pere Alberch, una dotación económica de 1000 euros. La comisión encargada de la selección de las/os ganadores/as está formada por investigadores e investigadoras cuyas líneas de trabajo se integran dentro de diferentes disciplinas de la Biología Evolutiva.

Con la creación de este premio, la SESBE no sólo quiere fomentar y visibilizar a jóvenes investigadores/as que realizan sus trabajos doctorales en campos incluidos dentro del área de la Biología evolutiva, sino también honrar la memoria del Profesor Pere Alberch Vié, figura fundamental en la historia de la Biología Evolutiva en España. El profesor Alberch fue pionero en el campo de la Biología evolutiva y del desarrollo (Evo-Devo), gracias a sus revolucionaria-

rios trabajos en los que relacionó los procesos embrionarios, la morfogénesis y la evolución. Sus principales estudios pusieron de manifiesto la importancia del papel del desarrollo embrionario y sus constricciones a la hora de generar variabilidad fenotípica y el carácter discontinuo de los sistemas evolutivos. En su última etapa investigadora, Pere Alberch incorporó modelos matemáticos y teoría del caos al estudio de heterocronías y los límites que el desarrollo embrionario impone a las formas biológicas y su evolución. Durante su carrera recibió numerosas distinciones de diversas universidades, como la Universidad de Cambridge, la Universidad de Uppsala, varias instituciones en Argentina y la Universidad de Berkeley.

Pere Alberch Vié nació en Badalona en 1954. En 1976 se graduó en Biología y Ciencias Ambientales por la Universidad de Kansas y en 1980 obtuvo su doctorado en Zoología por la Universidad de California bajo la supervisión de los doctores George Oster y David Wake. Tras el doctorado, Pere Alberch continuó su carrera científica como Profesor en la Universidad de Harvard, realizando importantes contribuciones al establecimiento de la Evo-Devo como nuevo campo de investigación dentro de la Biología. En 1989, regresó a España como Profesor de Investigación del Consejo Superior de Investigaciones Científicas y como director del Museo Nacional de Ciencias Naturales, en el cual impulsó una gran renovación. En 1995, problemas de salud le apartaron de la dirección del Museo. Pere Alberch falleció en 1998 a la temprana edad de 43 años.

** Para optar al I Premio Pere Alberch a la mejor tesis defendida en el campo de la Biología Evolutiva, los/as candidatos/as deberán haber defendido la tesis entre el 1 de octubre de 2018 y el 30 de septiembre de 2021 (Bases de la convocatoria: <https://sesbe.org/premio-pere-alberch/>)*

VII Congreso Bienal de la Sociedad Española de Biología Evolutiva



Juan Arroyo, Universidad de Sevilla.

Los pasados días 5 al 7 de Febrero, 2020 se celebró en Sevilla el VII Congreso Bienal de la Sociedad Española de Biología Evolutiva. El congreso tuvo lugar en las Facultades de Biología y de Matemáticas de la Universidad de Sevilla y contó con el patrocinio de las Universidades de Sevilla y Pablo de Olavide y del CSIC. El Comité Organizador estuvo constituido por miembros del Departamento de Biología Vegetal y Ecología de la Universidad de Sevilla, de la Estación Biológica de Doñana (CSIC) y del Centro Andaluz de Biología del Desarrollo (CSIC-UPO). El congreso fue inaugurado por la Vice-rectora de Internacionalización de la

Universidad de Sevilla, el presidente de la SESBE, los Decanos de las facultades mencionadas y un representante del comité organizador local.

Durante dos días y medio se celebraron intensas sesiones orales en la Facultad de Matemáticas y de pósteres en la Facultad de Biología. La conferencia de apertura estuvo a cargo de la Profesora Beverley Glover, de la Universidad de Cambridge, que nos habló de sus últimos avances en el estudio integrado de la evolución y desarrollo de las superficies florales que atraen a los polinizadores, constituyendo un ejemplo paradigmático de estudio inte-



Foto 1. Biólogos/as evolutivos/as asistentes a SESBE VII en Sevilla (5-7 de Febrero, 2020). Foto: B. Arroyo-Correa

grador de biología del desarrollo y ecología evolutiva. La conferencia de clausura fue impartida por la Profesora Janet Kelso, profesora del Instituto Max Planck de Antropología Evolutiva, quien disertó sobre paleogenómica, aportando los últimos avances de su laboratorio de referencia mundial en el estudio de DNA antiguo en humanos modernos y grupos emparentados (neandertales y denisovanos). La Profesora Kelso fue entrevistada por el Canal Ciencia de la Universidad de Sevilla (<http://sesbe.org/wp-content/uploads/2020/06/canalciencia-us-es-gracias-a-los-estudios-de-adn-hemos-identificado-una-nueva-especie-humana-los-denisovanos-.pdf>). Las sesiones orales estuvieron dedicadas a

Ecología Evolutiva, Genética Evolutiva, Paleobiología y Macroevolución, Evo-Devo, Evolución Microbiana y Evolución Humana y mediada por humanos. Cada sesión contó con uno o dos conferenciantes invitados y varias comunicaciones elegidas de entre las enviadas por un comité científico ad hoc. Las sesiones de Ecología y Genética Evolutivas recibieron el mayor número de solicitudes.

La convocatoria contó con numerosos asistentes (210), que participaron ampliamente en las sesiones. Las biólogas evolutivas representaron un 43% del total de asistentes e impartieron un 44% de las conferencias invitadas. En



Foto 2. Biólogas evolutivas asistentes a SESBE VII en Sevilla (5-7 de Febrero, 2020). Foto: B. Arroyo-Correa

respuesta a una llamada especial a los más jóvenes (la SESBE ofreció 30 becas de asistencia a estudiantes de doctorado), estos participaron muy activamente. En total, se presentaron 45 comunicaciones orales, aparte de las invitadas, y 98 pósteres (libro de resúmenes en: http://sesbe.org/wp-content/uploads/2020/05/Abstract_Book-SESBE-VII-red.pdf). Las sesiones de pósteres fueron particularmente exitosas en ponentes y asistentes. Se convocaron premios a los mejores pósteres presentados por estudiantes

de doctorado para animar su participación. Los premios SESBE VII recayeron en Marta Pla Díaz (Primer premio: “Natural selection in the evolution of a bacterial pathogen, *Treponema pallidum*” FISABIO-Universidad de Valencia), Juan José Domínguez-Delgado (Segundo premio: “Polyploidy mediates divergence in floral scents and a distinct perception by diurnal and nocturnal pollinators”, Universidad de Sevilla) y Claudia Londoño (Tercer premio: “Temperature modulates female harm in wild populations



Foto 3. Ganadores del concurso de comunicaciones científicas en paneles. De izquierda a derecha: Juan Arroyo (organizador VII SESBE), Juan José Domínguez Delgado (segundo premio), Marta Pla Díaz (primer premio), Claudia Londoño (tercer premio) y Toni Gabaldón (Presidente SESBE). Foto: B. Milá.

of *Drosophila melanogaster*”, Universidad de Valencia). Por otro lado, la revista PeerJ patrocinó otro premio al mejor póster, que se otorgó a Simona Baránková (Institute of Biophysics, Brno) e Iván Pérez Lorenzo (Institut Botanic, Barcelona) por su póster “Dioecious plants - the key for understanding the evolution of sex”. Aparte de las sesiones, algunas empresas relacionadas con la genética y la bioinformática hicieron una presentación oral sobre sus servicios, mientras que miembros del comité gestor de la plataforma Peer Community in Evolutionary Biology (<https://evolbiol.peercommunityin.org>) explicaron esta como un vehículo de difusión de nuestros estudios, independiente de las casas editoriales comerciales.

En conjunto, el congreso ha mostrado una buena salud ascendente de la SESBE y

ha favorecido la incorporación de nuevos socios, especialmente entre los jóvenes. La temática ha sido considerablemente amplia, aunque todavía se puede ampliar mucho más. Esperamos que investigadores de campos infrarrepresentados en el conjunto de la SESBE se vean progresivamente más implicados en nuestra Sociedad y en los siguientes congresos. Asimismo, es deseable que la sociedad en su conjunto sea cada vez más consciente de lo que la biología evolutiva puede ofrecerle, tanto hacia la mejor formación y cultura de las personas, como para la solución de problemas muy reales y actuales de la vida cotidiana. Tendremos una próxima oportunidad para hacerlo y disfrutar de ello en SESBE VIII, organizado por nuestros colegas de la Universidad de Vigo en 2022.

Comité organizador de SESBE VII

- Conchita Alonso, Estación Biológica de Doñana-CSIC, conalo@ebd.csic.es
- Montserrat Arista, Universidad de Sevilla, marista@us.es
- Juan Arroyo, Universidad de Sevilla, arroyo@us.es
- Francisco Balao, Universidad de Sevilla, fbalao@us.es
- Marcial Escudero, Universidad de Sevilla, amesclir@gmail.com
- Iván Gómez-Mestre, Estación Biológica de Doñana-CSIC, igmestre@ebd.csic.es
- José Luis Gómez-Skarmeta, Centro Andaluz de Biología del Desarrollo, CABD-CSIC-UPO, jlgomska@upo.es
- Pedro Jordano, Estación Biológica de Doñana-CSIC, jordano@ebd.csic.es
- Xavier Picó, Estación Biológica de Doñana-CSIC, xpico@ebd.csic.es



EvoKE Meeting BCN 21, Everyone for Evolution!

Desarrollar o fortalecer capacidades y habilidades en comunicación científica y educación para promover efectivamente la cultura científica en evolución en Europa.

Roberto Torres, director creativo de la asociación de divulgación científica “La Ciència Al Teu Món”, y representante de EvoKE en España

EvoKE es una red transdisciplinar de investigadores/as en biología evolutiva y educación científica, comunicadores y comunicadoras científicas, profesionales e investigadores/as de la educación formal e informal, medios y políticos, reunidos en torno a un objetivo claro: contribuir al fomento de actividades de educación y divulgación que comuniquen mejor, de forma más impactante, y por tanto efectiva, el fascinante campo de la biología evolutiva y su importancia para la sociedad. EvoKE fomenta las interacciones entre las diversas partes interesadas y apoya proyectos de colaboración que aplican las mejores

prácticas en educación y comunicación de la evolución, procurando siempre que sus miembros intercambien su valiosa experiencia en investigación, comunicación y educación. EvoKE nace en una primera reunión en Oporto en 2017, y desde su inicio ha contado con el respaldo e interés de la Sociedad Europea de Biología Evolutiva (ESEB), lo que ha contribuido ciertamente a consolidar a EvoKE como una comunidad madura y comprometida de más de 400 miembros de 46 países. Entre otros logros, EvoKE ha organizado estudios a nivel europeo para evaluar la alfabetización evolutiva en todos los países, y ha desarrollado y eje-

cutado proyectos europeos para financiar investigaciones sobre estrategias efectivas para enseñar la evolución desde primaria en escuelas. Como iniciativa de algunos miembros de EvoKE, también se ha conseguido el soporte económico de la Unión Europea para poner en marcha la COST Action EuroScitizen, “Building on Scientific Literacy in Evolution towards Scientifically Responsible Europeans” (CA17127),

a través de la cual se financian muchos eventos colaborativos y de redes de trabajo que buscan fortalecer esta comunidad y sus objetivos.

Del 25 al 27 de noviembre de 2021, Barcelona acogerá por primera vez el innovador encuentro internacional EvoKE (Evolutionary Knowledge for Everyone). Durante 2 días y medio, más de un centenar de profesionales e investigadores en biolo-



Vista panorámica de la ciudad de Barcelona, donde se desarrollará el próximo congreso EvoKE en 2021. Foto obtenida en Pixabay (<https://pixabay.com/es/photos/barcelona-vistas-catalu%C3%B1a-ciudad-838716/>).

gía evolutiva, educación, comunicación, ciencias sociales y artes, de toda Europa y otros lugares del mundo, se reunirán para intercambiar experiencias y conocimientos, y trabajar juntos en promover la cultura científica y el correcto entendimiento de conceptos como evolución y diversidad en la sociedad europea. El EvoKE Meeting BCN 2021 será una oportunidad para agentes de diversas disciplinas de interactuar de manera abierta e inclusiva, que les permita contribuir a la construcción de una sociedad donde las personas entiendan correctamente uno de los conceptos claves en biología, la evolución, y puedan usar su conocimiento y habilidades científicas para tomar decisiones informadas. Esto ayudará a abordar problemas sociales locales y globales como la discriminación y el cambio climático, contribuyendo así a un futuro inclusivo y sostenible.

Los primeros dos días de la reunión (25 y 26 de noviembre), estarán destinados a los miembros de EvoKE y aquellos interesados en cualquier aspecto del proyecto de red Evoke. Durante estos días, los asistentes participarán en actividades de diversos temas y formatos, tales como sesiones plenarias con invitados/as especiales, presentaciones orales, debates, mesas redondas y talleres prácticos. También habrá sesiones de trabajo donde los participantes podrán intercambiar sus ideas sobre todos los aspectos de la investigación evo-

lutiva, la educación y la divulgación, y explorar posibilidades de nuevas iniciativas y oportunidades. La reunión EvoKE 2021 incluirá actividades sociales y nos brindará la oportunidad de cultivar el respeto y la confianza en disciplinas ajenas a nuestra área profesional, y conocer a los potenciales colaboradores en un ambiente internacional, diverso, amigable y relajado.

Los temas propuestos para el congreso son los siguientes:

- Interdisciplinariedad, retos y oportunidades entre especialización, exploración de nuevos campos a nivel personal, y a través de la colaboración con expertos en otras disciplinas.
- Inconvenientes personales, beneficios, retos y oportunidades al realizar actividades de divulgación para promover la evolución.
- Sociedad, tecnología y evolución. Contribuciones de la ciencia básica y la biología evolutiva para hacer frente a viejos y nuevos desafíos prácticos de la sociedad.
- El desafío de tratar entre ideologías, intereses, creencias y teoría evolutiva.
- Desafíos y oportunidades para incrementar la cultura científica sobre la evolución a través de la educación formal o informal.

Evolution Day 2021, 27 de noviembre

Se trata de un día adicional de reunión, abierto al público general. Un día entero dedicado a la promoción de la evolución a través de actividades de divulgación para todos los que quieran celebrar el “Día de la Evolución”, mediante charlas cortas, mesas redondas, talleres, actividades prácticas, etc.

Las locaciones del encuentro se confirmarán con el anuncio oficial y el programa preliminar en noviembre de 2020, pero podemos avanzar que el EvoKE Meeting BCN 2021 se desarrollará en espacios tan diversos como centros de investiga-

ción, museos y espacios culturales, que ofrecerán el ambiente ideal para fusionar las diversas experiencias, contribuciones y expectativas de los participantes.

La organización del encuentro EvoKE BCN estará a cargo de un equipo diverso y multidisciplinar liderado por Roberto Torres de la asociación “La Ciència Al Teu Món”, Beatriz Beamud, Neris García González y Marta Pla Díaz de la Universidad de Valencia, Emilio Rolán-Alvarez y Juan Gefaell de la Universidad de Vigo, Elena Casacuberta del Instituto de Biología Evolutiva y David Castellano del Centro de Regulación Genómica de Barcelona.

Cómo hacerse miembro de la SESBE...

Hacerse socio de la SESBE es muy sencillo, solo tienes que seguir los siguientes pasos:

- Rellena con tus datos personales el **formulario de inscripción** que se encuentra en la web de la SESBE: www.sesbe.org/ser-miembro/.

- Realiza el **pago de la cuota anual** de 15€ (socio estudiante) ó 30€ (socio regular) en la siguiente cuenta corriente de Bankia:

Número de cuenta: 2038 6166 21 3000095394

Código IBAN: IBAN ES33 2038 6166 2130 0009 5394

Código BIC (SWIFT): CAHMESMMXXX

- Una vez realizada la transferencia, **remitir el comprobante** de pago bancario por correo electrónico (escaneado-pdf) a la Secretaría Técnica de la SESBE:

secretaria.sesbe@kenes.com.

Una vez completado el trámite, nos pondremos en contacto contigo para confirmar que el proceso se ha realizado con éxito, activar tu cuenta y darte la bienvenida en nombre de la Junta Directiva.

**** Los nuevos miembros recibirán de regalo un libro de la colección SESBE de su elección (ver títulos en www.sesbe.org)****

Próximos congresos de la European Society for Evolutionary Biology – ESEB

El próximo congreso bianual de la ESEB tendrá lugar del 22 al 27 de agosto de 2021 en Praga, República Checa y será organizado por Lukáš Kratochvíl.

Má información aquí: <https://www.esb2021.cz/>



¡Y ya podemos dar la noticia! En 2023, el congreso de la ESEB tendrá lugar en Barcelona, y será organizado por la SESBE.

Diseño y maquetación: Xiomara Cantera

eVOLUCIÓN es el boletín bianual de la Sociedad Española de Biología Evolutiva (SESBE).

El material publicado en este boletín puede difundirse gratuitamente siempre que sea por motivos educativos y/o de divulgación y se realice sin ánimo de lucro, citando adecuadamente la fuente.

© 2020 SESBE
ISSN 1989-046X

Junta Directiva de la SESBE

Presidente: Toni Gabaldón
Vicepresidente: Juan Arroyo
Secretario: Borja Milá
Tesorero: Andrés Barbosa
Vocales:
Ester Lázaro
Jordi Garcia
Isabel Almudí
Emilio Rolán
Pau Carazo
Ricarda Riina

Para enviar artículos a eVOLUCIÓN contactar con:

Antonio Fontdevila (Universitat Autònoma de Barcelona)

Emilio Rolán-Alvarez (Universidade de Vigo)
email: antonio.fontdevila@uab.es
rolan@uvigo.es

Sociedad Española de Biología
Evolutiva (SESBE)
Facultad de Ciencias
Universidad de Granada
18071 Granada

Comité Editorial

Antonio Fontdevila (UAB; editor en jefe)
Isabel Almudí (CABD, Sevilla)
Antonio Diéguez (UMA)
Bienvenido Díez (UVIGO)
Amparo Latorre (UV)
José Martín (MNCN, Madrid)
Borja Milá (MNCN, Madrid)
Emilio Rolán-Alvarez (UVIGO)
Ana Riesgo (MNCN, Madrid)

<http://www.sesbe.org>