
FRANCISCO J. AYALA: INVESTIGANDO SUS IDEAS SOBRE EL PROGRESO BIOLÓGICO

Francisco J. Ayala: Testing his Ideas on Biological Progress

Andrés Moya

Profesor de Genética, Universitat de València

andres.moya@uv.es; <https://orcid.org/0000-0002-2867-1119>

Amparo Latorre

Profesora de Genética, Universitat de València

amparo.latorre@uv.es; <https://orcid.org/0000-0002-9146-7284>

Recibido: 10 marzo 2024

Aceptado: 4 junio 2024

DOI: <https://doi.org/10.14422/ryf.vol288.i1464.y2024.007>

RESUMEN: Francisco Ayala ha sido uno de los grandes estudiosos del progreso en la evolución biológica. Para Ayala, el progreso consiste en un cambio direccional neto en alguna característica que mejora en un linaje dado a los descendientes con respecto a los ancestros. Se trata de una propuesta axiológica, pero en modo alguno no científica, porque esas características son propiedades objetivas que podrían medirse en los individuos, las poblaciones o las especies y, en última instancia, en todo el árbol de la evolución. Aquí desarrollamos las ideas de Ayala en torno al progreso y proponemos que esa característica donde se puede contrastar la tendencia es la complejidad de los genomas. También consideramos la necesidad de aplicar pruebas estadísticas para determinar si en efecto las tendencias, de existir, son productos pasivos de la evolución desde lo más simple a lo más complejo o, por el contrario, existe direccionalidad o proceso dirigido, entre otros, por la selección natural.

PALABRAS CLAVE: progreso, complejidad biológica, complejidad del genoma, tendencia evolutiva, métricas de complejidad, simbiosis, evolución regresiva.

ABSTRACT: Francisco J. Ayala was one of the great scholars of progress in biological evolution. For Ayala, progress consists of a net directional change in some characteristic that improves the descendants in a given lineage relative to the ancestors. This is an axiological proposal, but not at all unscientific. The traits are objective properties that can be measured in individuals, populations, or species and, ultimately, the entire evolutionary tree.

Here, we develop Ayala's ideas about progress and propose that the trait where the trend can be contrasted is probably the complexity of genomes. We also consider the need to apply statistical tests to determine whether trends, if they exist, are passive products of evolution from the simplest to the most complex or whether, on the contrary, there is directionality or a process driven, among other things, by natural selection.

KEYWORDS: progress, biological complexity, genome complexity, evolutionary trend, complexity metrics, symbiosis, regressive evolution.

1. EL PROGRESO EVOLUTIVO: UN LARGO DEBATE

La diversidad es una de las características principales de la vida en el planeta Tierra. Si examinamos el registro geológico de las especies que han aparecido, generalmente encontramos un aumento en el número de especies a lo largo del tiempo. Esta afirmación no contradice el hallazgo de grandes extinciones que han ocurrido en ciertos momentos. También es cierto y a menudo se debate que, si consideramos el registro no en términos del número de especies, sino en términos de grandes grupos taxonómicos (los *phyla*), parece que hubo un momento particular en el Cámbrico cuando apareció un gran número de ellos y que después de eso prácticamente no han aparecido *phyla* nuevos. En cualquier caso, la vida tiene una persistencia tenaz para proliferar y diferenciarse en especies. Cuando grandes grupos taxonómicos se extinguen, la vida evoluciona a partir de las especies sobrevivientes.

La idea básica que explica este proceso de diversificación de la vida es la teoría de la evolución por selección natural de Darwin. La teoría se basa en la filiación entre especies de modo que algunas son producto de otras de las que descienden, configurando así el Árbol de la Vida. Esta es la otra contribución sobresaliente de la teoría (Sober, 2009).

Una pregunta permanece sin respuesta clara cuando se considera la evolución de la vida en la Tierra durante más de cuatro mil millones de años, para dar un número redondo. Es la cuestión de la complejidad de los seres vivos. Los procariotas han evolucionado desde el origen de la vida durante más de tres mil quinientos millones de años hasta la aparición de eucariotas unicelulares, luego eucariotas multicelulares y, dentro de estos, taxones con organizaciones celulares progresivamente más sofisticadas. Esto no quiere decir que los procariotas no hayan evolucionado; todo lo contrario. Si hoy caracterizáramos la biodiversidad del planeta, los organismos más diversos y abundantes serían las bacterias y las arqueas. Dejamos de lado el caso de los virus porque no son agentes autónomos ya que dependen de huéspedes tan-

to procariotas como eucariotas. Sin embargo, si los incluyéramos, también tendríamos que señalar que su diversidad es un orden de magnitud mayor que la de las bacterias. En cualquier caso, y hablando de complejidad, los eucariotas también son organismos complejos. No obstante, representan un número mucho menor de especies, biodiversidad y biomasa que sus parientes procariotas, incluidos los virus.

Algunos autores bien conocidos del evolucionismo, comenzando con el propio Darwin, admiten que hay progreso en la evolución. Este es el caso de Julian Huxley, Richard Dawkins, Simon Conway Morris y Francisco Ayala. Otros, como John B.S. Haldane o Stephen J. Gould, son notorios negadores. Esta diferencia de pensamiento es sorprendente, por decir lo menos, ya que todos son evolucionistas. Así, al dar diferentes pesos a la selección natural como fuerza motriz del proceso evolutivo, entran en el debate sobre la existencia o falta de progreso en la evolución. Una pregunta de peso subyace al debate: si este progreso, si existe, implica una cierta inevitabilidad en la aparición de entidades más complejas. Es bien conocido el argumento de Gould (1996) de que, si se reprodujera de nuevo la cinta de la vida en la Tierra, no se parecería a lo que ha sucedido en nuestro planeta. Gould no niega que la complejidad parece inevitable y pasiva desde algo más simple. Pero niega doblemente que esta complejidad podría ser producto de la selección natural (lo que sería una fuerza guía o motriz) y que tal complejidad podría ser repetible debido a la contingencia o naturaleza aleatoria de la novedad evolutiva. Sin embargo, la respuesta no es tan simple como puede parecer y, francamente, sigue siendo una pregunta profunda con muchas implicaciones en campos más allá de la propia evolución biológica (Moya, 2015, 2017).

2. AYALA Y EL PROGRESO BIOLÓGICO

En un famoso texto, que puede considerarse uno de los primeros en desarrollar la nueva rama especializada de la filosofía de la ciencia, la filosofía de la biología, cuyos editores fueron Ayala y Dobzhansky (1974), Ayala escribió un capítulo sobre el tema del progreso en la evolución (Ayala, 1974). Con el rigor que siempre le ha caracterizado y la amplia formación intelectual de que ha disfrutado, primero considera el concepto de progreso en la evolución biológica. Cree que el término implica una consideración axiológica: el progreso supone una tendencia en la que las entidades biológicas más antiguas son peores que las más nuevas que han evolucionado. Mejor o peor, sin embargo, no es equivalente a bueno o malo, lo que implicaría términos más

morales. Uno puede ser mejor o peor en algo sin que esto conlleve bondad o maldad. Esta consideración de Ayala es importante porque no niega que haya valores en la cuestión del progreso —de ahí la axiología— pero no podemos pensar que estos valores son exclusivamente propios de la moralidad. En este estudio, Ayala trata otras cuestiones relacionadas sobre si esta tendencia puede sostenerse y si puede haber casos de evolución no progresiva.

Los temas que Ayala abordó en su estudio de 1974 se desarrollan nuevamente y con mayor detalle en un artículo que publicó en 1982 en la revista española *Arbor* (Ayala, 1982). Desarrollaremos aquí este último estudio porque Ayala incluye consideraciones sobre la nueva ciencia de la genómica, que estaba en sus inicios. Así, este texto puede considerarse de gran influencia con respecto al progreso según Ayala, que trató con cierta sistematicidad en estudios posteriores (Ayala, 1988, 2017).

Comparación con otros conceptos

Ayala señala que “progreso” tiene similitudes con “cambio”, “evolución” o “dirección o tendencia”, pero no son idénticos. Un “cambio” implica un cambio biológico, pero, aunque el progreso implica cambio, no todos los cambios biológicos son progresivos. Lo mismo ocurre con el término “evolución”, ya que los cambios evolutivos no son necesariamente progresivos, aunque impliquen cambio prolongado. Su tercera comparación es con “dirección o tendencia”. Las tendencias evolutivas son cambios direccionales, pero para que esa tendencia sea progresiva, debe haber una mejora de algo - importante no una mejora “hacia algo” sino, repetimos, de algo. Por lo tanto, el progreso implica un cambio direccional, pero el cambio direccional no implica necesariamente progreso.

Definición de progreso

Para Ayala, “progreso” es el cambio sistemático de una característica presente en todos los componentes (taxones) de una secuencia evolutiva, de modo que los taxones más recientes muestran una mejora con respecto a los taxones precedentes. Muy sintéticamente, el progreso sería un cambio direccional para mejor de una característica dada. Sin embargo, como se mencionó anteriormente, “para mejor” no implica necesariamente bondad o maldad. Entonces, ¿de qué tipo de rasgos estamos hablando? Ayala mencio-

na tres posibles cualidades. Mejor podría ser “más eficaz”, “más abundante” o “más complejo”. Considerando una secuencia evolutiva de entidades biológicas a lo largo del tiempo, podemos señalar que estas tres características indicarían progreso si aumentaran con el tiempo. Otra cuestión es la posibilidad de medirlas, principalmente cuando las secuencias corresponden a tiempos geológicos de millones de años. Veamos brevemente qué podemos esperar de estas tres métricas de progreso evolutivo.

Tres medidas de progreso

La eficacia equivale a una mayor eficacia biológica, pero ¿de quién? En términos de cambios en la estructura genética de las poblaciones, los individuos con mayor eficacia biológica las pueblan con su descendencia a lo largo del tiempo más que los individuos con menor eficacia biológica. Sin embargo, por la naturaleza de la selección natural, esta tendencia poblacional depende del entorno, siendo más eficaces aquellos que producen relativamente más descendencia. No obstante, las condiciones ambientales pueden variar, lo cual es bastante posible cuando hablamos de intervalos de tiempo largos, no solo de unas pocas generaciones, sino de millones de años. Aquí debemos considerar si la acción continua de la selección natural, siempre favoreciendo a algunos individuos sobre otros, aumenta sistemáticamente la eficacia promedio de las poblaciones. Nótese que no estamos hablando de un individuo siendo universalmente más eficaz que otro. Dependiendo de factores ambientales, los individuos pueden cambiar sus eficacias, y quien era más eficaz en un momento puede dejar de serlo en otro.

Por otro lado, aunque podemos considerar esta característica conceptualmente importante, es difícil determinar la métrica empíricamente, ya que comparar el aumento de la eficacia entre taxones en la serie que están separados en el tiempo es difícil. Sin embargo, vale la pena tener esto en mente, porque a menudo se ha criticado que la selección no puede estar detrás de una tendencia evolutiva sostenida. Después de todo, las condiciones ambientales bajo las cuales los taxones en la serie evolucionan cambiarán. Veamos esto desde la perspectiva no de individuos específicos y su descendencia, sino de poblaciones. El tema toma una dimensión diferente con la selección natural como mecanismo explicativo de la tendencia direccional y mejora de las poblaciones y especies a lo largo del tiempo. Darwin y Julian Huxley vieron la selección natural como un motor para el progreso de las especies, para su mejora y, en última instancia, para que las especies derivadas más recientemente fueran más eficaces que sus ancestros filogenéticos.

La abundancia puede ser una segunda métrica. Esta métrica presenta una dificultad similar a la eficacia biológica en escalas de tiempo significativas. Pero para Ayala, volviendo al ámbito conceptual, la abundancia, en este caso el número de especies o individuos de cada especie, podría ser otra métrica de progreso biológico. Cuanto mayor sea el número de especies, mayor será la posibilidad de crear nuevos entornos para que las nuevas especies exploren. Si pudiéramos medir (realmente contar) el número de individuos de las especies a lo largo del tiempo o el número de especies o, incluso más generalmente, medir la masa de todos los seres vivos (biomasa), la abundancia así entendida podría ser un indicador de progreso si pudiera demostrarse que aumenta con el tiempo.

La tercera métrica a la que se refiere Ayala es la de la complejidad. Es una métrica con muchos problemas, comenzando por su definición y eventual medición. No obstante, y como indicamos en la introducción, hay una cierta convicción en la comunidad evolucionista de que la complejidad crece con la evolución, independientemente de si lo que podría estar impulsándola es la selección natural o, para ir al otro extremo, si es algo inevitable porque lo que se puede esperar en la evolución de la vida, que comenzó con pocas entidades complejas, es que sus descendientes se vuelvan más complejos.

En este entorno sobre la métrica de complejidad, Ayala da un paso adelante y considera que un posible criterio de progreso podría ser el aumento de la cantidad de información genética de los organismos y que los que viven hoy presentan en promedio una mayor cantidad de información genética que la de los ancestros de los que provienen. Sin embargo, reconoce (el artículo es de 1982) que una enorme dificultad con esta métrica es que no hay forma de medir la cantidad de información genética en el ADN de los organismos. Además, Ayala cree que la cantidad de información no es necesariamente la cantidad de ADN, sino que la “complejidad” de un organismo podría aproximarse de esta manera. Hace lo que cualquier científico haría: tratar de encontrar una manera de aproximar la complejidad midiéndola con las técnicas disponibles en ese momento.

3. COMPLEJIDAD

Como hemos señalado, la cuestión de la complejidad en la evolución biológica es recurrente. Adami (2002) ya afirmó que “si la complejidad aumenta o no en la evolución es una de las preguntas centrales de la biología evolutiva.” Podemos estar de acuerdo con él, pero definir la complejidad es un

reto porque podemos tener muchos enfoques del concepto. La complejidad se refiere a la estructura o función de los organismos o especies, o a la información involucrada en su construcción, desarrollo o funcionamiento. Sin pretender ser exhaustivos, podemos hablar de cuatro tipos significativos de complejidad: estructural, funcional, jerárquica o física.

La complejidad estructural podría considerarse respecto al número de tipos estructurales que componen a los individuos. La idea subyacente es la de "partes." En una noción simple de complejidad, el organismo con más partes es más complejo. Pero, por supuesto, "parte" es un término algo ambiguo. Las partes podrían ser muchos tipos de células, tejidos, órganos, etc. Más complejo serían aquellas especies cuyos individuos tienen más de estos tipos de partes. Algo similar podría decirse de la complejidad funcional. ¿Cuántas funciones puede realizar un organismo? Esta es una pregunta bastante difícil de responder. Sin embargo, conceptualmente, si pudiera contarse, diríamos que el organismo que puede realizar más funciones es más complejo. De la misma manera, podríamos considerar la complejidad basada en la jerarquización. Por ejemplo, para exponerlo simplemente, considerando que los organismos tienen células que se organizan en tejidos, tejidos en órganos y órganos en aparatos, el grado de control de los niveles superiores de la jerarquía de función sobre los inferiores y algunos de los inferiores sobre los superiores, todo esto configura un grado de complejidad tal que aquellas especies con mayores niveles de dicha jerarquización serían más complejas que otras con niveles más bajos de la misma.

Tan pronto como pensamos en estas tres posibles métricas de complejidad, podemos apreciar la enorme dificultad en encontrar una medida universal de la complejidad basada en consideraciones estructurales, funcionales o jerárquicas cuando consideramos los taxones del Árbol de la Vida. Entonces, por supuesto, la posible detección de tendencias evolutivas y los valores de las métricas son más altos en taxones más recientes. Un excelente estudio fundamental sobre este tema de la complejidad basada en el número de partes y su diferenciación fue desarrollado por McShea y Brandon (2010), donde los autores argumentan que es una tendencia natural universal en la evolución observar un proceso hacia una mayor biodiversidad y complejidad.

4. COMPLEJIDAD FÍSICA

Una cuarta medida de complejidad es la complejidad física (Adami, 2002). No es más que una evaluación de la cantidad de información en una población

de genomas. La propuesta de Adami es una medida que calcula la cantidad de información basada en la definición clásica de Shannon. Aquellos sitios nucleotídicos en los genomas ocupados por el mismo tipo de nucleótido probablemente muestran el efecto que la selección natural ha tenido en el individuo que lleva ese nucleótido en esa posición. Un cambio mutacional a un nucleótido diferente generalmente sería seleccionado en contra, y ese organismo tendría menos eficacia biológica. También podría haber, aunque es menos probable, una nueva mutación que implicaría una mayor eficacia en el individuo portador. La tendencia sería entonces que ese nuevo nucleótido en ese sitio se propague a la población descendiente con el tiempo.

Por otro lado, tendríamos sitios con una frecuencia más o menos equiprobable de nucleótidos en la población del genoma. La situación puede interpretarse como que estos sitios no son tan discriminados por la selección natural y la tendencia sería, como se indicó, que estos sitios sean mucho más variables o polimórficos que los sitios bajo selección. La medida de la información sería la suma de la información detectada para cada sitio en la población de genomas.

Ha habido propuestas similares para medir la información en genomas a nivel de población. Hay un precedente antes de Ayala (1982) en Kimura (1962), el padre de la teoría neutral de la evolución molecular, que también utilizó medidas basadas en la información de Shannon aplicada a la genética de poblaciones. Esta medida de la información en genomas se conoce comúnmente como una medida de complejidad física. La disponibilidad de la secuencia de nucleótidos de los genomas ha abierto el campo para determinar la complejidad basada en genomas. Esto era imposible en la época de Kimura, el artículo de Ayala de 1982 o el trabajo temprano de Adami unos años después. La genómica surgió como una ciencia mayor de la biología después del trabajo de estos y algunos otros autores. Es esencial señalar esta circunstancia porque, en comparación con las otras métricas que hemos discutido, la complejidad física tiene la enorme ventaja empírica de ser medible y comparable. Los organismos tienen sus genomas y los genomas en poblaciones y especies pueden determinarse.

Una buena métrica de complejidad debería cumplir con tres requisitos: definición precisa, medición empírica y universalidad. La definición es un tema problemático, como hemos visto, pero tener definiciones conceptualmente comprensibles es importante para avanzar en el estudio de la complejidad. Los tipos de complejidad esbozados aquí, incluida la complejidad física, son posibles definiciones. La siguiente propiedad es una posible medida empírica. Esta propiedad es altamente deseable para avanzar en la demostración de

tendencias de complejidad y progreso. A pesar de su claridad conceptual, algunos tipos de complejidad mencionados anteriormente tienen muchos problemas de medición. ¿Cómo determinamos el número de partes o funciones de un organismo? No estamos sugiriendo que esto no pueda aproximarse, pero es un desafío. Finalmente, tenemos la universalidad. Esta propiedad es relevante para fines comparativos: la métrica de complejidad debe ser factible o existir en cualquier organismo en el Árbol de la Vida. El genoma y cualquier métrica que propongamos cumple las tres propiedades.

Es posible criticar las métricas de complejidad del genoma como reduccionistas porque ignoran muchas fuentes potenciales de complejidad. En este sentido, se podría aceptar que cualquier complejidad en los genomas sería una pobre indicación de la verdadera complejidad del organismo o especie. Esta crítica no puede ignorarse, pero también podemos pensar en el genoma como un registro histórico de la evolución de los organismos. Los eventos que una línea particular atravesó para convertirse en la especie que es hoy están de alguna manera registrados en su genoma. Es cierto que uno podría pensar que otras cosas no están registradas y aquí debatiríamos si alguna métrica de complejidad en el genoma es un buen indicador de la complejidad general del organismo.

5. MÉTRICAS DE COMPLEJIDAD EN ORGANISMOS INDIVIDUALES

Volviendo al influyente trabajo de Ayala (1982), debe señalarse que propone una idea para la métrica de la complejidad del genoma que creemos superior a la de Adami (2002). Como hemos comentado, este autor propone una medida de la complejidad del genoma a nivel de población. Se necesita una población para obtener el valor de la métrica. Esto hace que los estudios comparativos sean difíciles, especialmente cuando se consideran especies filogenéticamente distantes. Digamos que este enfoque tiene un problema específico de medición empírica. Sin embargo, Ayala propone una medida que no puede especificar en este momento debido al estado nascente de la genómica que considera directamente al organismo individual. Una medida de la población podría darse recurriendo a los valores medios u otra estadística de las métricas de los organismos que componen la población.

Como resultado, muchas métricas de complejidad física ya se miden directamente en los genomas de organismos individuales. Este no es el lugar para desarrollarlas en detalle (el lector interesado puede consultar Moya et al.,

2020; de la Fuente et al., 2023). Hay métricas basadas en la posible compresión de genomas, el análisis de la distribución de k-meros (segmentos de nucleótidos de una longitud dada), la segmentación composicional o el estudio de la periodicidad de los genomas, por nombrar algunas. La mayoría de estas métricas intentan derivar una medida de información comparando un genoma real con un genoma aleatorio de la misma longitud y están estrechamente relacionadas con cuánto de entropía existe en los genomas y cuánto de anti-entropía y, a partir de la relación entre los dos, derivar una medida de información indicativa de su complejidad.

6. TENDENCIAS EVOLUTIVAS EN LA COMPLEJIDAD FÍSICA

Armados con algunas de estas métricas, ahora podemos evaluar posibles tendencias en la evolución de la complejidad y considerar si hay evidencia de progreso como lo definió Ayala. Es un programa de investigación, pero la idea fundamental es ver si tenemos evidencia de que la complejidad física es más notable en diferentes linajes cuando los organismos más recientes dentro de ellos muestran una mayor complejidad que los más antiguos. También vale la pena considerar la formulación de la confirmación de la tendencia eventual para todo el Árbol de la Vida. En este sentido, Ayala introduce dos términos muy pertinentes: lo que llama “progreso uniforme” y “progreso neto”. En el primero, se observaría un aumento sistemático en la métrica, mientras que, en el segundo, no necesariamente se observaría un aumento sistemático; sin embargo, cuando se examina en su conjunto, se observaría que los miembros más antiguos del linaje tendrían valores más bajos que los más recientes y que el resultado general sería un aumento. Ayala es consciente de que es común observar variaciones descendentes en una métrica o incluso ninguna variación durante un período determinado en la evolución biológica. Pero esto no contradeciría la noción de progreso neto.

También es plenamente consciente de lo que podríamos llamar evolución regresiva, tendencias uniformes o netas, pero de la pérdida de complejidad y progreso. [Amparo Latorre y yo] hemos estado trabajando en el caso de la regresión evolutiva de bacterias que viven en endosimbiosis con sus huéspedes eucariontes. La endosimbiosis es la vida intracelular de bacterias dentro de otros organismos. Observamos que estas bacterias reducen y degradan sus genomas, perdiendo autonomía e independencia como entidades autónomas que son bacterias de vida libre de las que evolucionaron (Latorre y Manzano-Marín, 2017). La endosimbiosis es una forma particular de evolu-

ción regresiva, pero hasta cierto punto, porque el hecho es que el huésped eucarionte evoluciona con estas bacterias y forma una nueva entidad, en principio, más compleja que si consideramos al huésped sin este tipo de microorganismos. Es bien conocido el papel importante de la simbiosis en el origen de la propia célula eucariótica (Margulis, 1981).

Estamos comenzando a ver evidencia de la evolución de la complejidad física en diferentes linajes de la evolución. En un estudio reciente, examinamos el aumento de la complejidad genómica de las cianobacterias, un grupo de bacterias muy antiguas que ha dado lugar a linajes cada vez más complejos en términos de la complejidad que hemos medido (Moya et al., 2020). En este estudio, aplicamos algunas de las métricas mencionadas anteriormente. Encontramos, en el caso de algunas de ellas y con suficiente consistencia estadística, que los taxones más recientes tenían un valor más alto de estas métricas que los más antiguos. Es interesante notar que, al aplicar métodos de inferencia filogenética, podríamos estimar cuál podría ser ahora el valor de las métricas de complejidad de los ancestros cuyo genoma no está disponible.

Mencionamos el tema de la consistencia estadística de las tendencias. Este es un asunto muy importante. Ayala formula sus definiciones de progreso neto o uniforme y no menciona explícitamente la necesidad de pruebas estadísticas de tendencias. Sin embargo, hay procedimientos bien desarrollados para obtener evidencia estadística significativa de valores de tendencia, especialmente en paleontología. En este sentido, Gould (1966) analiza extensamente esta cuestión de las pruebas estadísticas para volver a abordar cualquier tendencia en la evolución, especialmente la que podría existir para todo el Árbol de la Vida.

Para Gould, la evolución de lo más simple a lo más complejo es un producto pasivo de la evolución, que es de esperarse dado que hay una pared a la izquierda de la evolución impuesta por las formas más elementales de vida, los primeros microorganismos. Desde allí, solo podemos esperar que la evolución crezca en complejidad sin dirección. Pasivo es una palabra importante que indica lo opuesto de "direccionalidad dirigida". Pero, ¿quién podría dirigir una tendencia evolutiva hacia una mayor complejidad? El propio Gould, siguiendo a otros autores (notablemente McShea) que habían trabajado en tendencias evolutivas en macroevolución, formuló una serie de pruebas de naturaleza estadística para examinar si las tendencias podrían ser un producto inerte no dirigido de la vida misma una vez que apareció en el planeta o si, por el contrario, teníamos evidencia tangible de que las tendencias estaban dirigidas por la selección natural. En nuestro trabajo (Moya et al., 2020) tomamos muy en cuenta las pruebas estadísticas mencionadas anteriormente

para confirmar si hay evidencia de una tendencia dirigida en la evolución de la complejidad genómica (física) en las cianobacterias y encontramos, como ya se indicó, que algunas de las métricas así lo muestran.

Como señaló Ayala, no podemos creer que las tendencias, en nuestro caso hacia una mayor complejidad física, no sean una constante universal, ni uniforme ni neta. Hay muchas tendencias evolutivas; ya mencionamos la endosimbiosis, que puede considerarse una tendencia regresiva, así como la evolución del parasitismo, un fenómeno generalizado en la evolución biológica. Sin embargo, la pregunta crítica permanece: ¿es posible pensar en la evolución general como un proceso de progreso incremental neto en la complejidad física? En el caso de Gould, un crítico ardiente de este concepto, no creemos que haya resuelto la pregunta. Curiosamente, señala que, si hoy en día la vida se caracteriza por algo, es por la extraordinaria diversidad de la vida microbiana, como el número de especies, individuos o biomasa representada por la vida eucariótica de organismos multicelulares. En este sentido, argumenta Gould, deberíamos decir que la vida no ha evolucionado hacia una mayor complejidad, ya que los procariotas primitivos que aparecieron primero son los que han persistido, evolucionado y diversificado más. Pero este argumento no es suficiente. La pregunta es si las entidades biológicas que han aparecido en la evolución son progresivamente más complejas. Nuestro enfoque pregunta si las entidades más recientes exhiben una mayor complejidad física en cualquier métrica que consideremos medir.

7. EN CONCLUSIÓN

La cuestión del progreso reconsiderada aquí desde la perspectiva de la evolución de la complejidad, particularmente la complejidad física de los genomas, según cualquier métrica que mida dicha complejidad, permanece abierta. De hecho, la pregunta sigue siendo un desafío significativo en el estudio de la evolución biológica, más allá de si se nos presenta como evidente que la evolución hacia una mayor complejidad es un hecho de la evolución.

Agradecimientos

El presente trabajo ha sido financiado por la Generalitat Valenciana (CI-PROM/2021/042).

Referencias

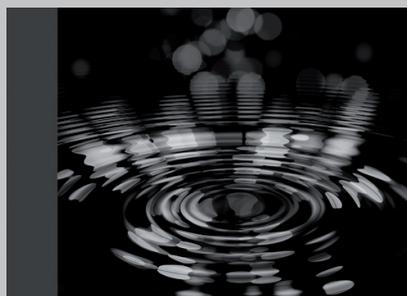
- Adami, C. (2002). What is complexity. *BioEssays*, 24, 1085-1094.
- Ayala, F. J. (1974). The concept of biological progress, In F. J. Ayala and Th. Dobzhansky (ed.). *Studies on the philosophy of Biology*. University of California Press, pp. 339-355.
- Ayala, F. J. (1982). Darwin y la idea de progreso, *Arbor*, 113, 59-75.
- Ayala, F. J. (1988). Can 'progress' be defined as a biological concept?, In Nitecki, M. H. (Ed.). *Evolutionary Progress*, Chicago University Press, pp. 75-96.
- Ayala, F. J. (2017). Human Evolution and Progress, In M. Tibayrenc y F. J. Ayala (Eds.). *On Human Nature*, Academic Press, 565-577.
- Ayala, F. J., y Dobzhansky, Th. (1974). Studies in the Philosophy of Biology, In Ayala, F. J., y Dobzhansky, Th. (Ed.). California University Press.
- de la Fuente, R., Diaz-Villanueva, W., Arnau, V., y Moya, A. (2023). Genomic signature in evolutionary biology: a review, *Biology*, 12, 322.
- Gould, S. J. (1996). *Full house. The spread of excellence from Plato to Darwin*, Harmony Books.
- Kimura, M. (1961). Natural selection as the process of accumulating genetic information in adaptive evolution, *Genetical Research* 2, 127-140.
- Latorre, A., y Manzano-Marín, A. (2017). Dissecting genome reduction and trait loss in insect endosymbionts, *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1389, 52-75.
- Margulis, L. (1981). Symbiosis in cell evolution: life and its environment on the early Earth, W. H. Freeman.
- McShea, D., y Brandon, R. (2010). *Biology's first law: the tendency for diversity and complexity to increase in evolutionary systems*, Chicago University Press.
- Moya, A. (2015). *The Calculus of Life*, Springer.
- Moya, A. (2017). *Biología y espíritu*, Sal Terrae.
- Moya, A., Oliver, J. L., Verdú, M., Delaye, L., Arnau, V., Bernaola-Galván, P., de la Fuente, R., Díaz, W., Gómez-Martín, C., González, F.M., Latorre, A., Lebrón, R., y Román-Roldán, R. (2020). Driven progressive evolution of genome sequence complexity in Cyanobacteria, *Scientific Reports*, 10, 19073.
- Sober, E. (2009). Did Darwin Write the Origin Backwards?. *PNAS*, 106, 10048-10055.

Evolución espiritual

Diez científicos escriben sobre su fe

John Marks Templeton
Kenneth Seeman Giniger (eds.)

Un libro que recoge los testimonios espirituales de diez grandes científicos internacionales -astrónomos, físicos, filósofos, matemáticos y médicos-. Grandes profesores, pensadores e investigadores que han crecido en los descubrimientos de la Ciencia y de la Fe, y que son capaces de reconocer unas prácticas espirituales que permiten comprender el ámbito de lo divino desde las perspectivas de las ciencias. Tra diferencia cualitativa frente al resto de los animales, a la vez que construimos una sociedad futura basada en la defensa de la dignidad e igualdad de todos los humanos. Una recopilación de los mejores documentos para conocer y entender la historia intelectual más reciente sobre el diálogo entre la ciencia y la religión.



EVOLUCIÓN ESPIRITUAL

Diez científicos escriben sobre su fe

John Marks Templeton
Kenneth Seeman Giniger (eds.)

SALTERRAE

COMILLAS
UNIVERSIDAD PONTIFICIA



Colección Ciencia y Religión

Número 16

Págs. 200

ISBN: 978-84-293-2841-7

Universidad Pontificia Comillas,
Ed. Sal Terrae, 2019.



SERVICIO DE PUBLICACIONES
edit@comillas.edu
<https://tienda.comillas.edu>
Tel.: 917 343 950