

INTRODUCCIÓN A LA EVOLUCIÓN MOLECULAR A TRAVÉS DE UNA ANALOGÍA LINGÜÍSTICA

Rocío Esteban Gallego, José María Marcos-Merino
*Departamento de Didáctica de las Ciencias Experimentales y las Matemáticas,
Facultad de Educación (Badajoz), Universidad de Extremadura*

Jesús Gómez Ochoa de Alda
*Departamento de Didáctica de las Ciencias Experimentales y las Matemáticas,
Facultad de Formación del Profesorado (Cáceres), Universidad de Extremadura*

RESUMEN: La evolución, teoría vertebral de la biología, no se aborda hasta la Educación Secundaria y su base molecular, el gen, no se explica hasta el Bachillerato. El lenguaje y los genes evolucionan siguiendo mecanismos de variación y selección, y la diversidad resultante se expresa, en ambos casos, con árboles filogenéticos. Al contrario que con la genética, el alumno de Educación Primaria está familiarizado con otras lenguas, por lo que una analogía lingüística podría permitir introducir, en este nivel educativo, conceptos básicos de evolución que difícilmente pueden ser explicados de otra manera. En este trabajo mostramos una analogía lingüística para introducir conceptos evolutivos mediante una aproximación interdisciplinar en la que se articulan habilidades lingüísticas, geográficas, biológicas y matemáticas.

PALABRAS CLAVE: Didáctica de la evolución, Interdisciplinariedad, Analogía, Educación Primaria y Educación Secundaria.

OBJETIVOS: Desarrollar una analogía lingüística para la enseñanza de conceptos básicos de evolución molecular en los últimos cursos de Educación Primaria y en Educación Secundaria. Estos conceptos son: i) la existencia de un ancestro común, ii) los mecanismos de la evolución (variación, herencia y selección), iii) los métodos estudio (homología, alineamiento y reconstrucción filogenética) y iv) su aplicación (filogeografía).

INTRODUCCIÓN

La evolución es un pilar esencial de la biología moderna, y sus mecanismos genéticos subyacentes de herencia, variabilidad y selección son fundamentales para entender la unidad y la diversidad de la vida. La comprensión de la historia evolutiva compartida por los seres vivos resulta esencial para cualquier estudiante (Dobzhansky, 1973).

Las relaciones evolutivas entre los seres vivos se muestran comúnmente a través de árboles filogenéticos en los que las ramas representan a los diferentes organismos, los nudos en los que se agrupan dos o más ramas representan el ancestro común de éstas, y la raíz representa al ancestro común de todos los organismos incluidos en el árbol. La interpretación correcta de este tipo de árboles es clave para una comprensión completa de la evolución desde un ancestro común. Sin embargo, los conceptos relativos a la filogenia

molecular y la interpretación de árboles filogenéticos suelen estar asociados a ideas alternativas. Los estudiantes que carecen de una correcta comprensión de estos conceptos probablemente tengan dificultades para relacionar distintas áreas biológicas a través del pensamiento evolutivo (Baum, Smith y Donovan, 2005).

En los sistemas educativos europeos la enseñanza de la filogenia se inicia en la etapa de Educación Secundaria y se basa en la comparación de caracteres anatómicos, embriológicos y fisiológicos, mientras que el estudio de la filogenia molecular, esencial para comprender la evolución de dichos caracteres, no se aborda hasta el Bachillerato (Moore, 2008; White, Heidemann y Smith, 2013). Dada la importancia de la evolución y su carácter vertebrador, sería conveniente iniciar su estudio en edades más tempranas a través de un enfoque integrador. Por ello, es necesario el desarrollo de materiales y secuencias de enseñanza-aprendizaje de filogenia, y en concreto de filogenia molecular, que sean eficaces y accesibles desde los inicios de la Educación Secundaria.

Una herramienta eficaz para ello es el uso de analogías, comparaciones entre dominios de conocimiento que mantienen una cierta similitud. Las analogías ayudan a los estudiantes a entender los fenómenos naturales mediante la comparación de un concepto científico con un objeto o evento familiar, llamado análogo, que es bien comprendido por los alumnos (Coll, 2015). Permiten la visualización de conceptos científicos que son, en su mayoría, abstractos, y hacen que la información nueva sea más concreta y fácil de imaginar (Aubusson, Harrison y Ritchie, 2005). Según Oliva *et al.* (2001), el análogo utilizado tiene que ser más accesible que el objeto de estudio y debe referirse a una situación cotidiana, ya que la referencia a temas familiares ayuda a dividir los conceptos en unidades comprensibles para los estudiantes. Además, debe ser específico y capaz de ser representado a través de una imagen. Un ejemplo es el empleo de analogías lingüísticas para explicar varios procesos celulares (Serenó, 1991).

Cuando una analogía es apropiada promueve el aprendizaje significativo y evita el desarrollo de ideas erróneas (Glynn, 2008). Así, el uso de analogías puede hacer la biología evolutiva una materia más accesible para los alumnos (Hertweck, 2014). Las similitudes entre la diversidad lingüística y la diversidad biológica, y la conveniencia de representar ambas mediante árboles filogenéticos ya fue observada por Charles Darwin y sus contemporáneos. Trabajos más recientes han mostrado que la herencia cultural y la herencia genética pueden ser analizadas siguiendo la misma metodología (Bouckaert *et al.*, 2012; Pagel, 2009). En el presente trabajo se describe una analogía entre la evolución molecular y la evolución lingüística, para facilitar la comprensión de conceptos de biología evolutiva y de la metodología empleada en el análisis de la filogenia molecular.

ENSEÑANZA DE FILOGENIA MOLECULAR MEDIANTE ANALOGÍAS LINGÜÍSTICAS

Una característica común de las palabras, los genes, y la traducción molecular de estos, las proteínas, es que evolucionan siguiendo pautas similares: i) se heredan, ii) varían a medida que se heredan y, iii) algunas variantes son seleccionadas. Este proceso da como resultado una gran diversidad de palabras, por ejemplo las diferentes formas de decir *hecho* en Europa, y una gran diversidad de genes y proteínas, por ejemplo, las diferentes formas de hemoglobina en humanos. Además, la historia común de los genes y la de las palabras puede servir para representar la distribución geográfica de las poblaciones humanas: su filogeografía. Por ejemplo, a lo largo de la historia los pueblos se han dispersado sobre la Tierra colonizando nuevos territorios, como ocurrió con el Imperio Romano, que se expandió desde la actual Italia por gran parte de Europa. Asociado a la migración de las poblaciones, y a su establecimiento en regiones distintas, se produjeron variaciones en su acervo genético y en las lenguas que utilizaban, surgiendo distintas versiones de los genes y de las palabras. El uso de estas nuevas palabras, y la proporción de algunos genes, prevaleció sobre el uso y la proporción de sus predecesores, con lo que fueron seleccionados y dieron lugar a nuevas lenguas y acervos genéticos.

Otra característica análoga de las palabras, los genes y las proteínas es que todos se representan con letras. Nuestro alfabeto comprende 27 letras, la secuencia del ADN se representa con 4 (A, T, G, C) y la estructura primaria de las proteínas con 20 (G, A, I, L, V, R, N, K, D, E, Q, C, M, S, T, F, W, Y, H, P). De la misma manera que dentro de las lenguas se distinguen grupos de palabras con un presumible origen común, denominadas cognados, caracterizadas por ser fonéticamente similares y tener el mismo significado en diferentes lenguas; dentro de los seres vivos se distinguen tanto genes como proteínas con un presumible origen común, denominados homólogos, que se caracterizan por tener secuencias primarias similares y la misma función. Por ejemplo, la palabra castellana *hecho* mantiene su significado desde su raíz latina *factu* y se conserva en distintos idiomas europeos, tanto actuales como pasados (*fact*, *fait*, *feito*...), con el mismo significado en todos ellos. De forma similar, a medida que los seres vivos se diversifican, ciertos genes y proteínas evolucionan hacia estructuras primarias distintas que conservan una identidad apreciable y la misma función. Por ejemplo, en el linaje de los mamíferos la secuencia de la insulina muestra una gran similitud y la misma función. Utilizando estos dos ejemplos (palabras y genes/proteínas), se puede introducir en el aula los 3 mecanismos básicos de la evolución: herencia, variación y selección.

Las mutaciones a nivel molecular

Esta analogía general entre evolución lingüística y evolución molecular permite explicar conceptos específicos como los tipos de mutaciones. Los cambios que la evolución produce en las secuencias de nucleótidos que constituyen los genes, y que se traducen en cambios en las proteínas, son los mismos que se producen en la evolución de las palabras, y pueden ser de tres tipos: i) inserciones, incorporación de nucleótidos/aminoácidos/letras nuevas en la secuencia original, ii) deleciones, pérdida de nucleótidos/aminoácidos/letras originales y, iii) sustituciones, cambio de uno o más elementos originales por otros nuevos. Así, la evolución de la palabra *hecho* permite a los profesores explicar los tres tipos de mutaciones genéticas: la evolución de *factu* (latín vulgar) a *factum* (latín culto) es un ejemplo de inserción, mientras que el cambio de *facto* (romance) a *fait* (francés) muestra una sustitución y una deleción (Figura 1).

Lengua	Alineamiento	Grado de identidad	Genes (nucleótidos)	Proteínas (aminoácidos)
Latín culto	FACTUM	100%	AAU ACG	NT
Latín vulgar	FACTU-	83%	AAU AC-	N-
Inglés	FACT--	66%	AAU A--	N-
Romance	FACTO-	66%	AAU AU-	N-
Francés	FAIT--	50%	AAG A--	K-
Italiano	FATTO-	50%	AAA AU-	K-
Portugués/Gallego	FEITO-	33%	AGG AU-	R-
Castellano antiguo	FECHO-	33%	AGU UU-	S-
Castellano	HECHO-	17%	CGU UU-	R-
Catalán	FET---	17%	AGA ---	R-

Fig. 1. Alineamiento de cognados de la palabra *hecho* y su similitud con los cambios observados en los genes. Se muestra la lengua a la que pertenece el cognado y el porcentaje de identidad de cada cognado y cada gen con respecto a la palabra *factum* y la secuencia de nucleótidos (AAU ACG) respectivamente. La columna de la derecha muestra la traducción de la secuencia de nucleótidos a proteínas.

Alineamiento y homología

El alineamiento de secuencias en genética es una forma de comparar secuencias de nucleótidos, o aminoácidos, para resaltar las similitudes entre ellas. Cuando las secuencias comparadas presentan un alto grado de similitud se considera que son homólogas, es decir, los genes o proteínas correspondientes tienen un origen común y podrían desempeñar funciones relacionadas. El alineamiento puede realizarse manualmente cuando las secuencias son muy cortas o similares, como es el caso de las secuencias de nucleótidos o los cognados de la Figura 1. En el aula, utilizando cognados, los docentes pueden explicar a los alumnos los conceptos de alineamiento y homología de una secuencia genética. Tanto el alineamiento de una palabra en distintas lenguas, como el de su análogo (las secuencias de nucleótidos), permiten inferir un origen común de las palabras y las secuencias, respectivamente (Figura 1). Por ejemplo la palabra inglesa *fact*, la italiana *fatto* y la portuguesa *feito* tienen un alto grado de identidad y significan lo mismo, lo que permite deducir que tienen un origen común.

Árboles filogenéticos, reconstrucción filogenética y filogeografía

En el aula, la reconstrucción de árboles filogenéticos puede partir de la analogía anterior en la que se explica el alineamiento de secuencia. Primero, es necesario calcular la distancia genética entre los pares de secuencias y construir una matriz de distancias (Figura 2). Esta distancia se calcula como la proporción de diferencias entre pares de secuencias (de nucleótidos o de letras), es decir, la fracción del número de diferencias puntuales (inserciones, deleciones o sustituciones de nucleótidos/letras) entre el número de caracteres totales (número de nucleótidos/letras de la secuencia o palabra más larga). Por ejemplo, entre las 6 letras de la palabra *factum* y las de *factu* hay 1 diferencia (la deleción de la m), es decir 1/6 (0,17). Esta misma matriz se obtendría si se utilizaran las secuencias de nucleótidos análogos mostradas en la Figura 1.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
(1) FACTUM	0	0,17	0,34	0,34	0,50	0,50	0,67	0,67	0,83	0,83
(2) FACTU-		0	0,17	0,17	0,34	0,34	0,50	0,50	0,67	0,83
(3) FACT- -			0	0,17	0,17	0,34	0,50	0,50	0,67	0,50
(4) FACTO-				0	0,34	0,17	0,34	0,50	0,50	0,83
(5) FAIT- -					0	0,34	0,34	0,67	0,83	0,50
(6) FATTO-						0	0,34	0,50	0,67	0,50
(7) FEITO-							0	0,34	0,50	0,50
(8) FECHO-								0	0,17	0,50
(9) HECHO-									0	0,67
(10) FET- - -										0

Fig. 2. Matriz de distancias de los cognados de la palabra *hecho* en distintos idiomas europeos. En negrita se señalan las distancias más cortas entre las palabras con un único vecino próximo.

La construcción del árbol filogenético a partir de estas distancias evolutivas (de genes o palabras) puede realizarse utilizando el método *neighbor-joining* o unión de vecinos. Este proceso es fácil de explicar cuando se aplica a la construcción de un árbol con pocas secuencias. Así, para abordarlo con los alumnos se propone plantear la construcción de un árbol de pocas palabras (por ejemplo tres palabras: *hecho*, *fecho* y *feito*). Primero se buscan los vecinos más próximos en la matriz de distancias (Figura 3a), o parejas de palabras que tengan la distancia mínima entre ellas. Se representan las ramas de cada una de estas palabras con un tamaño proporcional a la mitad de la distancia evolutiva que las separa, y se unen en el nudo (punto medio de la distancia) que define el ancestro común de ambas (Figura 3b). Posteriormente se construye otra matriz considerando ambas palabras como una sola, se calculan las distancias evolutivas entre esta nueva pareja y el resto de las palabras (Figura 3c) y se continúa representando el árbol filogenético (Figura 3d). Éste mismo árbol se obtendría si se utilizan las secuencias de nucleótidos análogas de la Figura 1 (CGU UU-; AGU UU- y AGG AU-).

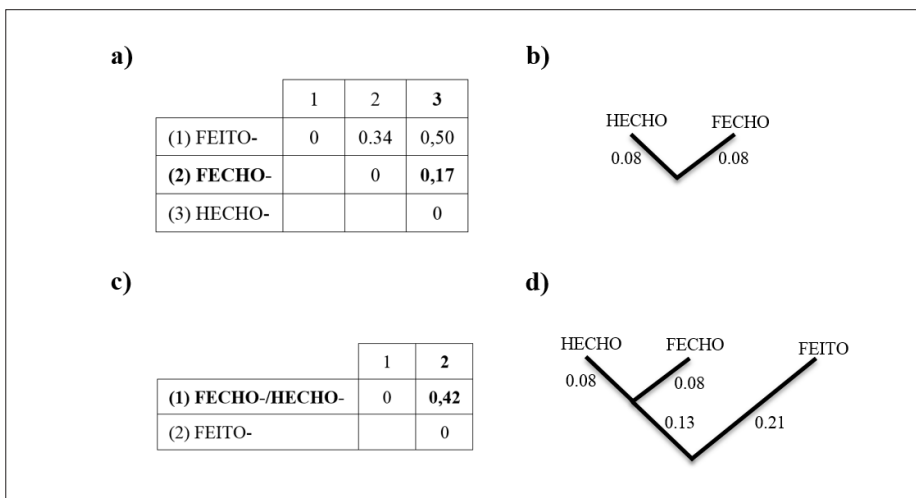


Fig. 3. Construcción de un árbol filogenético entre las palabras *hecho*, *fecho* y *feito* siguiendo el algoritmo de unión de vecinos.

Para construir un árbol filogenético de un conjunto más amplio de secuencias (como la palabra *hecho* en distintas lenguas europeas o de más secuencias de nucleótidos) se repite este proceso el número de veces necesario hasta deducir las distancias evolutivas entre todos los componentes. Al unir los resultados de las matrices en una figura se construye un árbol filogenético de grupos (Figura 4a), en el que se representan las relaciones entre las secuencias de nucleótidos/palabras sin asumir un origen determinado. Para representar la evolución de las palabras desde un ancestro común es necesario enraizar el árbol con la palabra preexistente antes de la diversificación, en este caso, la variante de latín vulgar *factu* (Figura 4b).

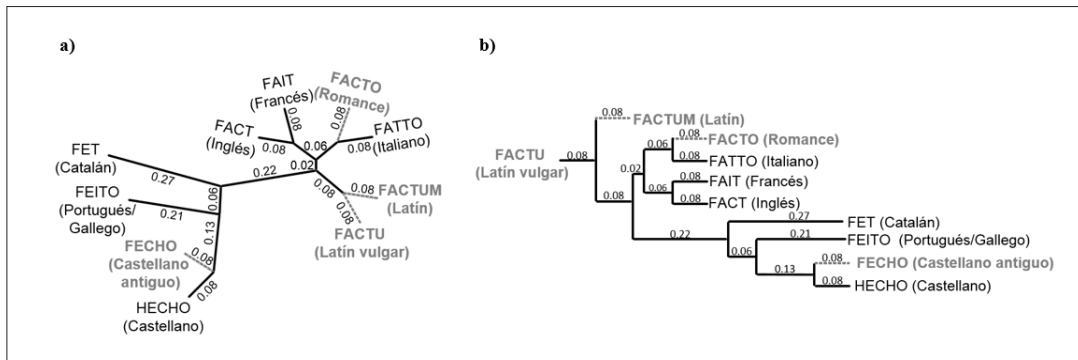


Fig. 4. a) Árbol filogenético reconstruido a partir de las distancias evolutivas de los cognados de la palabra *hecho* en distintos idiomas europeos. b) Árbol filogenético de estos mismos cognados enraizado desde el latín vulgar *factu*. Las lenguas extintas se representan en gris.

Esta analogía también permite introducir el concepto de filogeografía, disciplina que se encarga del estudio de las distribuciones geográficas contemporáneas de los individuos en función de la genealogía de sus genes. Así, como se observa en la figura 5, el árbol filogenético anteriormente realizado puede superponerse sobre el mapa de Europa, explicando la actual distribución de las lenguas europeas en términos evolutivos.



Fig. 5. Filogeografía de los cognados de la palabra *hecho* en distintos idiomas europeos. Las lenguas extintas se representan en gris.

CONCLUSIÓN

La analogía lingüística descrita podría facilitar la comprensión del concepto general de evolución a partir de los últimos cursos de Educación Primaria, así como los mecanismos por los cuales se produce (herencia, variación y selección); y en cursos superiores podría permitir la enseñanza de conceptos complejos de evolución molecular como mutación, homología, alineamiento, reconstrucción filogenética y filogeografía.

BIBLIOGRAFÍA

- AUBUSSON, P. J., HARRISON, A. G., y RITCHIE, S. M. (2005). Metaphor and analogy in science education. Dordrecht: Springer
- BAUM, D. A., SMITH, S. D., y DONOVAN, S. S. (2005). The tree-thinking challenge. *Science*, 310(5750), 979-980.
- BOUCKAERT, R., LEMEY, P., DUNN, M., GREENHILL, S. J., ALEKSEYENKO, A. V., DRUMMOND, A. J., GRAY, R. D., SUCHARD, M. A., y ATKINSON, Q. D. (2012). Mapping the origins and expansion of the Indo-European language family. *Science*, 337(6097), 957-60.
- COLL, R. (2015). Analogies in Science. En R. Gunstone (Ed.), *Encyclopedia of Science Education*, 41-42. Dordrecht: Springer.
- DOBZHANSKY, T. (1973). Genetic diversity and human equality. New York: Basic Books.
- GLYNN, M. (2008). Making science concepts meaningful to students: teaching with analogies. En S. Mikelskis-Seifert (Ed.), *Four Decades of Research in Science Education: from Curriculum Development to Quality Improvement*, 113-127. Postfach: Waxmann.
- HERTWECK, K. L. (2014). Phylogenetic biology for both novice and expert learners. *Evolution: Education and Outreach*, 7(1), 29-30.
- MOORE, A. (2008). Science teaching must evolve. *Nature*, 453(7191), 31-32.
- OLIVA, J. M., ARAGÓN, M. M., BONAT, M., y MATEO, J. (2001). Una propuesta didáctica basada en la investigación para el uso de analogías en la enseñanza de las ciencias. *Enseñanza de las Ciencias*, 19(3), 453-470.
- PAGEL, M. (2009). Human language as a culturally transmitted replicator. *Nature Reviews Genetics*, 10(6), 405-415.
- SERENO, M. I. (1991). Four analogies between biological and cultural/linguistic evolution. *Journal of Theoretical Biology*, 151(4), 467-507.
- WHITE, P. J., HEIDEMANN, M. K., y SMITH, J. J. (2013). A new integrative approach to evolution education. *BioScience*, 63(7), 586-594.

