



SOCIEDAD DE AMIGOS DEL MUSEO

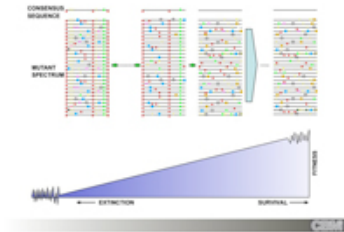
HAZTE AMIGO

PUBLICACIONES

ACTIVIDADES

CONFERENCIAS

CURSOS



Conferencias

Esteban Domingo

Centro de Biología molecular "Severo Ochoa" (CSIC-UAM); Centro de Astrobiología (CSIC-INTA)

Los virus como modelos para la evolución darwiniana

11-11-2009

19:00

Sala de Biología del Museo Nacional de Ciencias Naturales 91 411 13 28



Más información sobre la SAM:
mcncf557@mncn.csic.es

Volver
<http://www.sam.mncn.csic.es>

El mundo microbiano ofrece pruebas directas de selección natural, el concepto central del pensamiento de Darwin. Las evidencias de la extraordinaria diversidad biológica a nivel molecular, el paralelo a la diversidad morfológica de animales y plantas observada por Darwin, no ha dejado de aumentar hasta nuestros días. Diseños experimentales con virus que tienen ácido ribonucleico (RNA) como material genético han permitido diseccionar los procesos básicos de la evolución biológica: variación genética, competición y selección. Como si se tratara de objetos biológicos primitivos no necesitados de una replicación fiel, los virus con RNA no cesan de producir copias erróneas de sus genomas durante su multiplicación en las células y organismos infectados. A pesar de que durante años este hecho fue considerado una consecuencia inevitable y no esencial de su ciclo replicativo, ahora sabemos que la producción continua de errores tiene un valor para la adaptabilidad de los virus. La dinámica poblacional que caracteriza a los virus con RNA se conoce como dinámica de cuasiespecies, término que se refiere a una teoría del origen de la vida, desarrollada hace cuatro décadas por M. Eigen y P. Schuster. Esta teoría propuso que los primeros objetos dotados de replicación autónoma pudieron sintetizarse, hace unos 4 mil millones de años, a partir de moléculas pequeñas, iguales o similares al RNA que conocemos actualmente. Estas moléculas primitivas pudieron evolucionar gracias a la continua producción de copias erróneas, tal como se observa con los virus RNA actuales. La dinámica de cuasiespecies permite a los virus sobrevivir en los organismos a los que parasitan y responder a las presiones selectivas que intentan frenar su multiplicación (componentes del sistema inmune, agentes antivíricos, etc.). Entre los virus RNA se encuentran patógenos humanos tan notables como son el virus causante del SIDA, la gripe humana (como la pandemia que sufrimos en estos momentos), virus asociados a varias formas de hepatitis y varios virus emergentes y re-emergentes. Todos ellos son altamente adaptables debido a su gran capacidad de variación genética, por lo que las implicaciones de la dinámica de cuasiespecies para el origen y el control de enfermedades víricas son muy claras. En los últimos años se están explorando nuevas estrategias para evitar la capacidad de adaptación de los virus. Una de ellas, denominada mutagénesis letal, está en fase inicial de desarrollo y trata de extinguir virus por un exceso provocado de mutaciones. Investigaciones recientes sobre los mecanismos que subyacen a la mutagénesis letal han establecido que dentro de las poblaciones de virus se dan interacciones entre los componentes de la misma cuasiespecie, de tal manera que el conjunto de mutantes que interaccionan entre sí se comportan como una "unidad de selección". El reconocimiento de interacciones dentro de una población vírica representa una notable extensión conceptual respecto a lo que se pensaba hace pocos años. Las poblaciones de virus no pueden considerarse como meros agregados de mutantes y el comportamiento del conjunto no es necesariamente predecible por el comportamiento de los genomas individuales que componen la población. Ello representa la introducción del concepto de complejidad en virología y tiene varias implicaciones tanto teóricas como médicas

Lista de conferencias