

Holobiontes como unidades evolutivas

por [Javier Suárez](#)

Los microorganismos, incluidos virus, bacterias, arqueas y algunos hongos, son ubicuos y ocupan diversos nichos y ecosistemas. Se asocian de manera estable o transitoria con todos los macrobios en la Tierra, y esta interacción a veces da lugar a conexiones muy cercanas e íntimas. De hecho, algunos microorganismos llevan los genes que codifican rasgos fenotípicos muy importantes para sus huéspedes (animales y plantas), algunos de los cuales son necesarios para actividades importantes como nutrición, desarrollo, protección contra parásitos, tolerancia térmica, entre otros.

A la luz de estos hallazgos, un grupo de biólogos y filósofos ha acuñado recientemente los conceptos de "holobionte" y "hologenoma". Holobionte se refiere a la entidad ecológica de un huésped macrobiano más el conjunto de microorganismos que componen su microbioma. El hologenoma se refiere a la colección de genes de esta unidad ecológica (genoma del huésped más genes del microbioma). El objetivo de este ensayo es explicar las implicaciones biológicas de la perspectiva del hologenoma. Mostraré por qué, si los biólogos quieren tener una imagen completa del proceso evolutivo, deberían prestar más atención a los efectos evolutivos del microbioma en la evolución animal y vegetal.

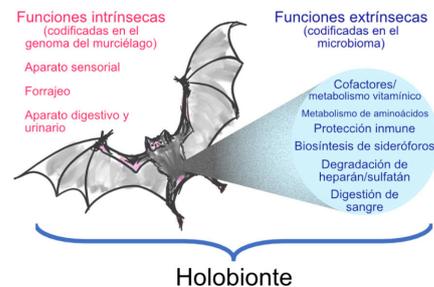
El concepto de hologenoma reconceptualiza a los huéspedes como comunidades o ecosistemas de organismos genéticamente diversos. Como resultado, la variación en las composiciones del holobionte (ya sea a nivel del huésped, a nivel del microbioma o en ambos niveles) puede conducir a cambios neutros o selectivos (adaptativos o maladaptativos) en la composición del hologenoma a lo largo de múltiples generaciones. Un punto clave del concepto de hologenoma es que la respuesta a la selección no sólo puede ocurrir en el genoma del huésped, sino también en los microbios del huésped, lo cual sugiere que el holobionte es un nivel (o unidad) de selección evolutiva.

Quienes proponen el concepto de hologenoma asumen una visión jerárquica de varios niveles del proceso evolutivo (la selección se produce en múltiples niveles, incluido el del holobionte). También aceptan que el hologenoma puede formarse tanto por fuerzas de selección como de neutralidad (la selección no es el único proceso que determina las trayectorias evolutivas); así, el concepto de hologenoma no requiere necesariamente la coespeciación del huésped y sus microbios. Su punto es que la amplia variedad de especializaciones (dietéticas, conductuales, ecológicas, etc.) que vemos en los macrobios puede ser el resultado de una selección o un proceso de deriva en el genoma del huésped y/o en los componentes genéticos del microbioma, y por tanto ambos niveles deben ser estudiados.

En [mi investigación](#), introduje los conceptos de "recurrencia de rasgos" o "estabilidad de rasgos", para describir esta perspectiva. Esta terminología pone énfasis en los genes del microbioma que transgeneracionalmente dan lugar al fenómeno de la recurrencia del rasgo fenotípico en el holobionte. La peculiaridad de la perspectiva de la estabilidad de los rasgos es que no requiere que los taxones bacterianos (o genomas) que contienen los genes con efectos fenotípicos sobre el holobionte se conserven de forma transgeneracional: sólo los genes relevantes deben conservarse de manera

consistente. Esto significa que en última instancia lo que importa es la preservación de los efectos fenotípicos, independientemente de los taxones que los llevan.

Para la perspectiva de la estabilidad de los rasgos, por lo tanto, el microbioma no debe tomarse simplemente como parte del entorno del huésped, sino que debe integrarse con él como un "genoma extendido" u hologenoma.



Permíteme usar un ejemplo que resalta la importancia de la perspectiva del hologenoma para caracterizar adecuadamente la evolución animal. En un [reciente trabajo](#) de investigación sobre el origen evolutivo de la especialización dietética de la sangre en murciélagos vampiros comunes (orden Chiroptera), la Dra. Mendoza y sus colegas demostraron que los genes en el genoma del huésped, así como los genes en el microbioma habían sido moldeados de formas específicas para hacer frente a los desafíos alimentarios que plantea la hematofagia (dieta obligatoria basada en chupar sangre). Su investigación se realizó en tres etapas:

- Primero, observaron que los genes en el genoma del murciélago vampiro eran insuficientes para explicar algunas de sus adaptaciones a la hematofagia, incluida la capacidad de tratar con patógenos transmitidos por la sangre, o la adaptación a una dieta basada en proteínas.
- Segundo, observaron que el microbioma del murciélago vampiro era funcionalmente diferente de los microbiomas de los murciélagos frugívoros, insectívoros y carnívoros, lo que indica la especificidad de éste microbioma a la hematofagia.
- Tercero, demostraron que parte de los genes funcionales divergentes en el microbioma de vampiro estaban directamente relacionados con la hematofagia. Concretamente, dichos genes desempeñan un papel importante en los desafíos dietéticos asociados con el estilo de vida hematófago.

La Dra. Mendoza y sus colaboradores concluyeron que el microbioma había desempeñado un papel evolutivo sustancial en la evolución de los murciélagos vampiros. Esto los llevó a concluir también, que algunos de los genes del microbioma, a pesar de no estar físicamente integrados en el genoma del murciélago, evolucionaron como parte de un "genoma extendido del murciélago". La principal lección que podemos aprender de esta investigación es que los genomas de animales y plantas tienen la capacidad de "externalizar" parte de sus recursos genéticos, en lugar de incorporarlos dentro de su estructura molecular. Al "externalizar" estos recursos, una entidad emergente, el hologenoma, resulta de la suma del genoma animal o vegetal, más los genes codificados en su microbioma. Esta entidad emergente puede experimentar selección (y mutación, neutralidad, deriva, etc.).

A través de este proceso de externalización, adaptaciones complejas en los huéspedes se vuelven factibles sin la necesidad de cambios genómicos sustanciales, dependiendo en algunos casos sólo de los cambios en la composición genética de sus microbiomas. Como los cambios en las composiciones genéticas del microbioma pueden ocurrir (y propagarse) más rápidamente que los cambios en el genoma del huésped, la posibilidad de evolución hologenómica abre una vía completamente nueva para la evolución de animales y plantas, incluidas nuevas formas de hacer frente a desafíos ambientales repentinos como el cambio climático.

Se acerca el momento de la perspectiva del hologenoma y, por lo tanto, es hora de que los biólogos se den cuenta de que la mejor manera de pensar adecuadamente la evolución animal y vegetal requiere tener en cuenta los efectos selectivos importantes del microbioma en la evolución de genomas animales y vegetales.



Javier es un filósofo de la ciencia y de la biología, que trabaja en Egenis (en la Universidad de Exeter) y en Logos (en la Universidad de Barcelona). Estudia las implicaciones filosóficas de la investigación en microbiomas y el concepto de hologenoma en evolución. Su sitio web puede accederse [aquí](#), y su lista de publicaciones en acceso libre [aquí](#). Puedes contactarlo en javier.suarez@ub.edu.