

Bizidunak sailkatzen: morfologiatik DNA-sekuentziara

Etxebeste Aduriz, Egoitz

Elhuyar Zientziaren Komunikazioa



N. KURZENKO & G.W. ROUSE/TREE OF LIFE WEB PROJECT

Edozein sistema ikertzeko eta ulertzeko, ia ezinbestekoa da sistema hori nolabait ordenatzea: sistemako elementuak bereizi, izendatu eta sailkatzea. Horixe egiten du, hain zuzen ere, taxonomiak: izaki bizidunak izendatu eta sailkatu. Baina sailkapen hori egiteko modua aldatzen ari da.

K.A. 350. URTE INGURUAN BIZIDUNEN SAILKAPEN BAT EGIN ZUEN ARISTOTELESEK. Bi taldetan banatu zituen: animalien erreinua eta landareena. Eta espezie terminoa ere erabili zuen. Hala ere, benetako taxonomia XVIII. mendean jaio zela esan daiteke, Lineo suediarren eskutik. Jaungoikoak sortutako landare, animalia eta mineralak sailkatu nahi izan zituen Lineok.

Haren garaiko pentsamoldeen arabera, Jaungoikoak plan edo ordena batekin sortu zituen gauzak. Eta, ordena hura aurkitzea zen, nonbait, Lineoren helburua. Hala, ezaugarri morfologikoak aztertu eta antzekotasunak eta desberdintasunak kontuan hartuz sailkapen hierarkiko bat sortu zuen. *Species Plantarum* liburuan, landare-espezieak deskribatu zituen; antzeko espezieak —hainbat ezaugarri komun zituztenak— generotan bildu zituen, eta, gisa berean, generoak familiatan. Gainera, espezie bakoitza izendatzeko latinezko izen binomiala —Generoa espeziea— erabili zuen. Gaur egun, horrelako izenak erabiltzen dituzte oraindik mundu osoko zientzialariek espezie bati modu berean deitzeko; eta egungo taxonomiaren oinarriak ere Lineok ezarritakoak dira.

Dena den, Darwinen eboluzioaren teoriarekin batera, aldatu egin zen izakien sailkapenaren filosofia. Izan ere, eboluzioaren teoriaren arabera, espezie batzuetatik beste batzuk sortu ziren biziaren historian zehar, eta, hala, Jaungoikoaren planak ezagutzea baino gehiago, biziaren historia hori —filogenia— islatuko duen sailkapen bat egitea izan da taxonomiaren helburua Darwinez geroztik.

Zuhaitz baten itxura hartzen du bizidunen sailkapenak, eta zuhaitz filogenetikoa deitzen zaio. Zuhaitzaren mutur batean izaki bizidun guztien arbasoa edo arbasoak daude, eta beste muturrean egungo espezie guztiak. Zuhaitz horretan, espezieak ez dira generotan biltzen antzeko ezaugarriak dituztelako bakarrik, baizik eta jatorri bera dutelako; eta, hain zuzen ere, horregatik dituzte antzeko ezaugarriak.

Morfologiaren arrastoan

Ezaugarri morfologikoak izan dira denbora luzez taxonomoek izan dituzten arrasto garrantzitsuenak biziaren zuhaitza eraiki ahal izateko. Baina ezaugarri horien arabera izakiak sailkatzea ez da lan samurra. Esate baterako, barraskiloek eta bareek antzeko ezaugarriak dituztela nahiko erraz ikusiko dugu, begi hutsez; edo txipiroiak, txokoak eta olagarroak. Baina, horiek guztiek ere, beste maila batean, jatorri bera dutela ikusteko, sakonago begiratu beharra dago. Guztiak moluskuak dira, oinarrizko antolakuntza-eredu bera dutelako. Hau da, gezurra badi-rudi ere, barraskiloen, bareen, txipiroien, olagarroen edo muskuiluen ezaugarriak molusku guztien arbaso hipotetiko batek zituen ustezko ezaugarrien eboluzioz esplikatu daitezke.

“biziaren historia islatuko duen sailkapen bat egitea da taxonomiaren helburua, Darwinez geroztik”

Horrelako ondorioetara iristeko, begibistan dauden ezaugarriak baino zerbait gehiago aztertu behar da. Esaterako, askotan arrasto baliagarriak aurkitzen dira bizidunen lehenengo garapen-faseetan. Adibidez, gure arbasoek buztana zuten, eta guk ere badugu enbrioi-egoeran. Edo, baleen enbrioiak, gainerako ugaztunek bezala, lau hanka garatzen dituzte lehenengo, eta, gero, ia desagertu egiten dira bi.

Bestalde, kontu handia izan behar da arrasto faltsuekin. Kasu askotan, eboluzioan zehar antzeko ezaugarriak lortu izan dituzte hainbat espeziek, bide desberdinetatik. Konbergentzia ebolutiboa deitzen zaio horri, eta horren adibide dira hegaztien eta saguzarren



MACROPHILE



SARAE



D. BURDICK/NOAA



J. PETERSEN

Lau animalia hauek moluskuak dira. Horrek esan nahi du lauren ezaugarri morfologikoak arbaso beraren eboluziotik sortu direla.

Raúl Bonal: "taxonomo klasikoek filogenia molekularra mehatxu gisa ikusi

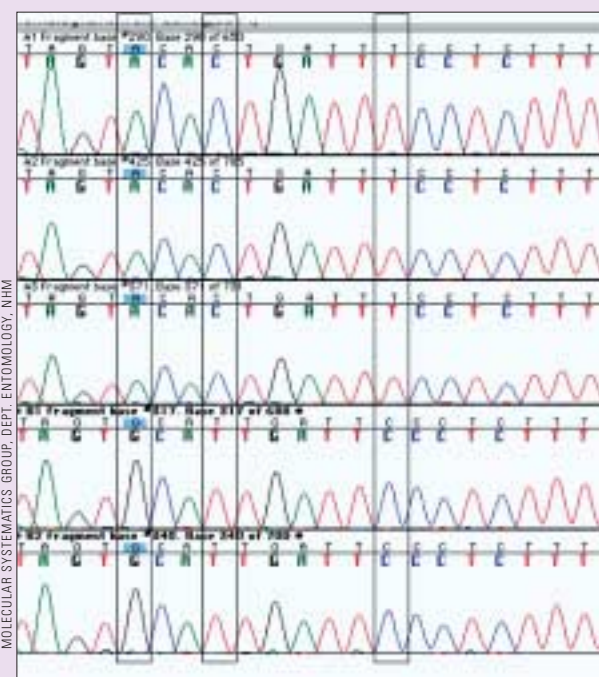
Londresko Natural History Museum-eko Entomologia Departamenduan, Alfried Voglerrek zuzendutako ikertzaile-talde bat kakalardoen filogenia ikertzen ari da, DNA-sekuentziazioan oinarrituta. Hain zuzen ere, 1.900 kakalardo espezierekin egindako zuhaitz filogenetikoa argitaratu dute berriki. Raúl Bonal doktorea talde horretako ikertzailea da, eta oso borondate onez erantzun die gure galderei.

Badirudi teknika molekularrei esker taxonomia indartzen ari dela. Hori ukaezina da, ezta?

Bai, egia da; teknika molekularrak iraultza eragiten ari dira taxonomian. Azken urteetan garatutako teknikei esker, gaur egun nahiko erraza da DNA sekuentziaztea. Eta hainbat genetaren eboluzioan zehar gertatu diren aldaketak konparatuz, izakiak sailka daitezke.

Teknika molekularrei esker, taxonomia klasikoak zituen arazo batzuk konpondu egiten dira, neurri handi batean; konbergentzia ebolutiboarena, esaterako. Hala ere, filogenia molekularrek ere badituzte antzeko arazoak: batzuetan, mutazio baten bidez gertatutako aldaketa bat beste batek lehenera dezake, eta kasu horietan ez dugu aldaketarik detektatuko, berez bi aldaketa egon diren lekuan.

Bestalde, leku jakin bateko biodibertsitatea modu azkar batean ezagut daiteke, aurkitutako izakien DNA sekuentziazuz eta sailkatuz. Gainera, izaki batzuen bizi-ziklo fase batzuk identifikatzeko ere oso baliagarria da. Intsektu askoren larbek, adibidez, ez dute identifikazio-gakorik; eta haien DNA identifikatutako helduen DNArekin konparatuz identifika daitezke. Gauza bera morfologikoki bereizi ezin diren espezie desberdinekin (kriptikoak) edo morfologikoki desberdinak izanagatik espezie bera direnekin ere. Kasu horietan oso baliagarria da DNA-sekuentziazioa.



DNA-kromatograma honetan sei banakoren DNA-sekuentziak konpara daitezke.



S. CHOZAS

Baina taxonomia molekularrak eztabaida handiak sortzen ditu...

Nire ustez, arazo teknikoengatik baino gehiago, taxonomo klasikoek filogenia molekularra mehatxu gisa ikusi dutelako sortzen dira eztabaidak. Intsektu talde batean aditua den taxonomo klasiko batek, esaterako, —zeinaren lana errespetatu eta estimatu behar den— ez du gustuko beste arlo bateko zientzialariak —genetikariak, adibidez— espezie berriei buruz hitz egiten hastea. Eurena dena inbaditzen ari direla sentitzen dute.

Gainera, abiadura handian agertzen dira espezie berriak; eta, askotan izenik eman gabe eta deskribatu ere egin gabe erabiltzen dira filogenietan espezie horiek. Hori ez zaie batere gustatzen klasikoek. Baina, planetako zenbait lekutan biltzen diren espezie berrien kopurua hain da handia, ezen oso zaila baita deskribapen morfologikoa egitea filogenia eraiki baino lehen.

Azken finean, eskola eta profesional desberdinen arteko liskar bat da, nire ustez.

Taxonomiaren arazo nagusietako bat espeziea ongi definitzeko arazoa izan da beti. Genetikak konponduko du arazo hori?

Espezie bat zer den definitzea oso gauza zaila da. Definizio klasiko 'gogorak' dio espezie desberdinak ezin direla gurutzatu, eta gurutzatzen badira ondorengo hibridoek antzuak izan behar dutela. Baina, errealitatean, hori ez da beti betetzen. Darwin-en txonta famatuak dira horren adibide bat, eta, hala ere, espezie desberdintzat hartzen dira. Horregatik, ezaugarri batzuk partekatzen dituzten eta espazioan eta denboran elkarriz eragiten dioten populazioen multzoa ere erabiltzen da espeziea definitzeko.

Filogenia molekularrek azken definizio hori hartzen dute kontuan. DNA sekuentziak konparatuz egindako zuhaitz filogenetikoen, kalkulatu estatistikoaren eta eboluzio molekularren ereduaren bidez espeziea non hasten den kalkula daiteke. Hau da, zuhaitzaren adarrak altuera jakin batean moztuko dituen marra bat marraz daiteke, eta hor elkarrekin gelditzen diren banakoak espezie berekoak dira. Hortik aurrera sortzen diren adarrek, aldiz, espezie beraren aniztasun genetikoa adierazten dute.

“dutelako sortzen dira eztabaidak”

Espezie kontzeptua eztabaidagarria da biologian, baina DNA sekuentzien bidez espezieak determinatzeko modu honen eraginkortasuna frogatuta dago. Espezie ezagunekin proba egin den kasuetan, era klasikoan lortutakoaren oso antzeko emaitzak lortu dira.

DNA oinarritutako sailkapenek alde batera utziko ote dute morfologia?

Agian, elkar aditzera iritsi behar dutela pentsatzen dudalako edo, nik ezetz uste dut. Egia da genetika askoz azkarragoa dela. Jende asko ez da ohartzen zenbat espezie dauden aurkitzeko. Intsektuetan, adibidez, hamar milioi espezie egon daitezkeela kalkulatu da, eta ez dugu hamarren bat ere ezagutzen. Zentzu horretan, morfologia ezin da genetikarekin lehiatu.

Baina ez dut uste morfologia alde batera utzi behar denik. Espezieak morfologikoki deskribatzea garrantzitsua da. Ezaugarri molekularrak eta morfologikoak konbinatzen dituzten filogeniak ere egin daitezke. Gainera, DNA-sekuentziazioa gero eta zientzialari gehiagoren eskura badago ere, ez dago naturalista afizionatuen eskura, eta, horregatik, ona da gako morfologikoak izatea. Gainera, taxonomo klasikoek duten jakintza ezin da galdu. Eta, hemen, salatu nahi dut galtzen ari dela, museo askotan ez baitira plaza berriak ateratzen honelako profesionalentzat.

Zer iritzi duzu barra-kode genetikoari buruz?

Idea interesgarria eta erakargarria da, supermerkatuetan egiten den antzera ia: izaki bat detektagailu batetik pasatu, eta detektagailuak zer espezie den esatea...

Hasieran planteatu zen bezala, hainbat arazo ditu. Ideia zen espezie guztientzat gene bera sekuentziatu, eta, hala, sekuentzia jakin bat erabiltzea espezie bakoitzaren identifikatzaile gisa. Baina espezieak sailkapen klasikoaren arabera definitzen dira. Hala, taxonomia morfologikoak dituen arazoak mantentzen dira, eta akats berdinak egiten dira. Gainera, morfologikoki desberdintzen ez diren baina sekuentzia genetiko desberdina duten espezie kriptikoen kasuan, zer irizpide hartu behar da?

Nire ustez egokiagoa da filogenia DNA oinarrituta egitea, eta, hala, egindako sailkapena erabiltzea espezie bakoitzari zer barra-kode dagokion finkatzeko.



Curculio generoko kakalardoek ezkurak zulatu, eta haietan jartzen dituzte arrautzak.



ENTOMART

Intsektu askoren larbak identifikatzeko, oso baliagarriak dira DNA-azterketak.

Zuk koleopteroekin lan egiten duzu. Intsektuen talderik handiena da, eta aniztasun morfologiko handia dute. Zer abantaila eskaintzen dituzte teknika molekularrek koleopteroen kasuan?

Aipatzen dituzun ezaugarriengatik, koleopteroen taldea da lehen aipatutako abantailak gehien nabarmentzen dituen taldeetako bat. Halako espezie-kopuru ikaragarria izanik, asko ez dira ezagutzen edo gaizki ezagutzen dira, eta taxonomia klasikoan hainbat hutsune daude. Eskualde tropikaletan oso nabarmena da ezjakintasun hori. Gainera, larba askorentzat ez dago identifikazio-gakorik (kasu batzuetan, larbak ez dira inoiz bildu). Arazo horiek guztiak konpon daitezke taxonomia molekularrari esker.

Zer ari zarete ikertzen, zehazki?

Gure taldean, koleoptero talde desberdinekin lan egiten duen jendea dago: kakalardo koprofagoak, graniboroak, urtarrak... DNA oinarrituta zuhaitz filogenetikoak eraikitzen ditugu, espezieak determinatu... Eta, zuhaitza ikertzeaz gain, geneen eboluzio-ereduak ere ikertzen dira.

Bestalde, filogeniatik abiatuta, zenbait ezaugarri morfologikoren, ekologikoren, ugalketa-estrategien eta abarren eboluzioa ere ikertzen dugu. Ni neu *Curculio* generoaren gorputz-tamainaren eboluzioa ikertzen ari naiz. Intsektu horien larbak ezkurren parasitoak dira. Lehenengo pausoa da filogenia molekular bat eraikitzea, eta, hurrengo, filogenia horren arabera gorputz-tamainak zer eboluzio-ereduri jarraitu dion aztertzea.

Hain zuzen ere, ikerketa hauek eginez, taxonomia molekularren abantaila batzuk frogatzeko aukera izan dut. European *Curculio* generoko bost espezie daude, eta ongi ezagutzen dira. Estatu Batuetan espezie gehiago dira, baina ongi ikertuak daude. Erdialdeko Amerikan, berriz, oso bestelakoa da kontua. Mexikon hilabetez egin genuen laginketa batean, 20 espezie aurkitu genituen, DNA-azterketen arabera, eta lagintzeko falta diren eremuak kontuan hartuz ehunka espezie izan daitezkeela kalkulatu dugu. Aniztasun-ikerketa hori morfologian oinarrituta egin beharko bagenu, sekulako denbora piloa beharko genuke. Gainera, DNAren bidez eginda, larbak sar ditzakegu filogenian, eta horiek askoz errazagoak dira biltzeko.



ARTXIBOKOA



DR. HEWERT



ARTXIBOKOA

Animalia hegodunek bide desberdinetatik garatu dituzte hegoak.

hegoak, edo animalia urtarrek modu desberdinetan garatu dituzten hegats moduko egiturak. Batzuetan, argi dago antzeko ezaugarriak dituzten izakiek ez dutela harremanik, beste ezaugarri asko desberdinak dituztelako. Baina, beste batzuetan, ez da erraza ezaugarri batzuek jatorri bera duten edo ez jakitea, eta, ezaugarri horiek filogenia eraikitzeke erabiltzen badira, elkarrengandik urrun dauden taldeak gertu daudela pentsa daiteke.

Morfologikoki oso sinpleak diren izakiek, aldiz, nematodoek kasu, oso arrasto gutxi eskaintzen dituzte. Horrelako taldeek buruhauste handiak eragiten dizkiete taxonomiei. Eta zer esanik ez mikroorganismoen kasuan. Askotan, oso zaila da ezaugarri morfologikoen bidez sailkatzea.

Hala, morfologian oinarrituta filogenia eraikitzen lan handia egin bada ere, bere mugak ditu. Eta puntu batzuetan zailtasun handiak daude morfologiarekin soilik aurrera egiteko.

Biziaren historia genoman

Azken 30 urteetan, DNAn oinarritutako teknika molekularrak iraultzaileak izan dira izaki bizidunen sailkapenean. Azken finean, eboluzioan gertatutako aldaketak izakien genoman islatuta

daude; eta, beraz, genoman dagoen informazioa oso baliagarria izan daiteke filogenia aztertzeke.

“DNAn oinarritutako teknika molekularrak iraultzaileak izan dira izaki bizidunen sailkapenean”

Filogenomika deitzen zaio datu genetikoko kantitate handien bidez filogenia aztertzeari. PCR eta DNAREN sekuentziazio automatikoa teknikei esker, adibidez, gene ugari amplifika eta sekuentzia daitezke nahiko erraz eta azkar. Hala, genetikariak jo eta su ari dira DNA sekuentziazien. Dagoeneko mila bat espeziaren genoma osoak sekuentziatu dituzte, eta hileroko espezie gehiagoren genoma sekuentziatuak argitaratzen ari dira. Eta genoma-horien —edo gene batzuen— sekuentziak konparatuz, filogenia molekularrak eraikitzen dira.

Izan ere, denboran zehar mutazioak edo aldaketak gertatzen dira genoman. Aldaketa horiek, batzuetan, on-

dorio erabakigarriak izango dituzte, eta hautespen naturalaren arabera aurrera egingo dute, edo ez. Baina beste aldaketa askok ez dute ondorio esanguratsurik izaten. Esate baterako, geneetan badaude proteinarik kodetzen ez duten eskualdeak: intronak. Gune horietan gertatzen diren aldaketek, gehienetan, ez dute eragiten hautespenean, eta, horregatik, eboluzioan zehar pilatuz joaten dira. Gauza bera gertatzen da mitokondrioko DNAn ere, aldaketa asko pilatzen dira; hain zuzen ere, mitokondrioko DNA asko erabiltzen da taxonomia molekularrean. Elkarrengandik gertu dauden taldeek aldaketa bertsuak izango dituzte pilatuta, eta, beraz, haien DNA-sekuentziak oso antzekoak izango dira.

Teknika molekularrei esker, aurreakuntza handiak egin ahal izan dira mikroorganismoen sailkapenean. Duela 10-15 urte DNA-sekuentzien bidez egindako bakterioen dibertsitate-azterketak emaitza harrigarriak eman zituen. Hainbat ingurunetako laginak hartu eta RNA erribosomikoaren geneak (SSU) amplifikatu eta sekuentziatu zituztenean ikusi zuten ordura arte kulturetan oinarritutako azterketetan ikusitakoa baino 20-100 aldiz handiagoa zela SSU-sekuentzia desberdinen kantitatea. Gainera, sekuentzia haietako batzuk kulturetan hazitako

bakterio ezagunen sekuentzien antzekoak baziren ere, beste asko nahikoa desberdinak ziren, ordezkari ezagunik gabeko eboluzio-lerro desberdinak iradokitzeko.

“DNA-sekuentzien bidez egindako bakterioen dibertsitate-azterketak emaitza harrigarriak eman zituen”



Mikroorganismoen taxonomian, garrantzi handia hartu dute teknika molekularrek.

Eta, eztabaida ugari eragiten baditu ere, gainerako bizidunetan ere gero eta garrantzi handiagoa du DNAn oinarritutako taxonomiak. Baditu bere arazoak, baina baita taxonomia kla-

sikoaren aurrean hainbat abantaila ere. Batetik, ezaugarri morfologikoen bidez argitu ezin diren gauza asko argitzeko oso baliagarriak dira, eta, bestetik, azterketa morfologikoak egitea baino askoz azkarragoa da.

Eztabaidak eztabaida, badirudi taxonomian genetikak aurrea hartuko diola morfologiari, eta, aurrerantzean, DNA-sekuentzietan biziaren historiari buruzko pasarte asko irakurtzeko aukera izango dugula.

Injección Biométrica
 Ingeniería Injeneriaritza
 Energía Energia
 Logística Logistika
 Servicios Zerbitututa
 Comunicación Komunikazioa
 Formación Formazioa
 Directivos Zuzendakariak
 Gestión del Tiempo Libre Librea denbora kudeaketa
 Tecnología Digital Digitala teknologia
 Confección Confezioa
 Telescopio Teleskopioa
 Ferramienta Ferramentak
 Finanzas Finantza
 Ingeniería Ambiental Ing. Ambiental
 Logística Logistika
 Autowood Autowood

Azkenean ere! Hemengo enpresa
AGERI-AGERIAN
 Por fin, la empresa de aquí al desnudo

GESTION 2-17.com

zuretzat berritzen, zure enpresarentzat ere