

DIME DÓNDE ANDAS Y TE DIRÉ CÓMO ERES, ASÍ FUNCIONA LA EVOLUCIÓN CONVERGENTE

Luis D. Verde-Arregoitia^{1,2*} y M. Julia Saravia Agulleiro³

¹Laboratorio de Macroecología Evolutiva, Red de Biología Evolutiva, Instituto de Ecología, A.C. Xalapa, Veracruz, México. luis@liomys.mx

²Laboratorio de Conservación y Bienestar Humano, Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB). Chile.

³Laboratorio de Genómica y Ecología Molecular Antártica y sub-Antártica (LAGEMAS), Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Universidad Austral de Chile.

Valdivia, Los Ríos, Chile. saravia.julia@gmail.com

*Autor de correspondencia

En la naturaleza es frecuente encontrarnos con grupos de organismos que se parecen mucho, aunque no sean de la misma especie. El parecido puede ser tan notorio que se ve reflejado en los nombres comunes de algunos animales, y existen tantos ejemplos como seamos capaces de combinar: la rata topo, la rata conejo, la rata canguro, la musaraña topo, el ratón musaraña, y otras (muchas) tantas.

En algunos casos el parecido físico entre especies llega a confundir a biólogos y taxónomos, y es así como muchas veces organismos no emparentados han sido clasificados -erróneamente- como parientes estrechos.

Por ejemplo, durante mucho tiempo se creyó que los colugos (Orden Dermoptera), unos pequeños mamíferos (35 a 40 cm, 1 a 2 kg) que habitan el sureste asiático, eran parientes cercanos de las musarañas arborícolas de esa región (11 a 18 cm, 40 a 300 g, Orden Scandentia). Esto porque comparten varios rasgos de valor diagnóstico (ej., la orientación hacia adelante de sus dientes inferiores), es decir, características distintivas que no comparten con otros grupos, y que sirven para identificar y diferenciar taxones. Tal era la confusión con los colugos que algunas veces se les llama "lémures voladores", aunque no son lémures (y tampoco vuelan). Por sus características tan particulares y su parecido con varios otros animales, la clasificación de estos pequeños animales fue por mucho tiempo motivo de controversia. No fue sino hasta el surgimiento de técnicas más modernas como la genómica que se logró identificar el verdadero lugar de estos curiosos animales en el árbol de la vida, esto es, junto a los primates.

Ya sea por algún rasgo físico, o por su estilo de vida, la tendencia lógica a agrupar especies por su parecido no es tan descabellada. Es más, puede que, sin saberlo, estemos ante el resultado de un fenómeno biológico llamado "evolución convergente".

La evolución convergente es un proceso que ocurre cuando especies no emparentadas (o con un ancestro común muy pero muy lejano), desarrollan características similares por haber estado sometidas a condiciones ambientales que influyeron en su capacidad de sobrevivir o dejar descendencia, moldeando sus características hacia formas similares, y que en conjunto se entienden como presión selectiva. Un claro ejemplo de la convergencia evolutiva son las aletas que poseen los peces y los cetáceos (como las ballenas). Éstas se desarrollaron de manera independiente por ambos linajes, y siguiendo caminos evolutivos muy distintos, pero convergieron en estructuras similares como consecuencia de la fuerte presión selectiva del ambiente en el que han habitado a lo largo de las generaciones. La causa última de la convergencia es la presión que ejerce el ambiente, ya que entornos similares favorecen rasgos similares en especies que ocupan el mismo nicho ecológico, es decir, el mismo rol y hábitat en un ecosistema, aun cuando tengan poco parentesco evolutivo.

Pero la convergencia evolutiva no necesariamente se refiere a un rasgo físico en particular, sino que puede ocurrir a otros niveles. Por ejemplo, determinados hábitos



Colugo (*Galeopterus variegatus*; izquierda) y musaraña arborícola (*Tupaia belangeri*; derecha). Fotografías: Lip Kee y Onkel Ramírez, licencias CC-BY.

alimentarios pueden ser convergentes, como alimentarse de frutas (frugivoría) que ocurre en mamíferos, aves, peces y reptiles y surgió independientemente en estos linajes; un rasgo locomotor como el vuelo que observamos en insectos, aves y mamíferos también es convergente; y hasta patrones de coloración brillantes que indican "¡PELIGRO!" han sido desarrollados por anfibios, insectos, y moluscos, en lo que colectivamente llamamos aposematismo.

Los roedores, al ser un grupo tan diverso y con tiempos generacionales relativamente cortos, son un excelente grupo para estudiar la convergencia evolutiva y ofrecen casos muy interesantes para ilustrar este proceso. Las ratas canguro (género *Dipodomys*), habitan diferentes ambientes secos y arenosos, con climas áridos y con muy poca agua en México y parte de Norteamérica. Su apariencia es muy similar a los ratones saltadores australianos (género *Notomys*), a la mal llamada liebre saltadora (*Pedetes capensis*) de África, y a algunos jerbos (subfamilia Dipodinae) de Asia y África. Todos ellos poseen un cuerpo muy similar: patas delanteras cortas, patas traseras muy largas, y una larga cola con un pincel de pelo en la punta. Se desplazan dando grandes saltos usando su cola para mantener el equilibrio, y lo hacen así independientemente de la especie y el continente en cuestión. Si bien todos ellos son roedores, y como tales poseen un ancestro común, éste es muy -pero muy- lejano en el tiempo (más de 30 millones de años), y los rasgos que comparten hoy son más bien el resultado de un largo tiempo evolutivo en distintos continentes, pero bajo condiciones ambientales muy parecidas. El peculiar cuerpo de los roedores saltadores ilustra cómo surgen soluciones similares cuando distintos linajes evolutivos se enfrentan con el mismo problema, en este caso, la vida en el desierto.

En un grupo tan diverso como los roedores, que además incluye cientos de especies poco estudiadas, es posible que existan muchos otros grupos de especies que por el efecto de la selección natural se asemejan, tal vez, de manera más sutil. Por ésto, también es importante entender la relación entre la morfología de una especie y la manera en la que se desenvuelve en su entorno. Por ejemplo: conocer la relación entre la forma de la mandíbula y la dieta nos puede ayudar a detectar e interpretar casos de especies con poco parentesco pero con mandíbulas similares.

Entonces ¿la similitud entre especies se debe o al parentesco (filogenia) o por el hecho de habitar ambientes similares (convergencia)? Ojalá fuera tan simple, pero no, ¡aún hay más! Las especies pueden llegar a parecerse mucho simplemente por acción del azar, y es un factor muy importante que también debemos considerar ¿Entonces cómo sabemos si dos o más especies se parecen por filogenia, por convergencia, o simplemente por azar?

La fórmula para saber si dos o más especies son convergentes tiene tres pasos. Primero, necesitamos un árbol filogenético que nos permita conocer las relaciones evolutivas entre las especies en cuestión. Por definición no consideramos que el parecido entre miembros de un mismo género, entendido como categoría taxonómica, es resultado de convergencia ya que, a ese nivel, las especies conservan características que heredaron de un ancestro común más reciente. Por lo tanto, no buscaríamos convergencia dentro del género *Canis*, es decir entre lobos, coyotes y chacales, porque entendemos que su gran similitud se debe más a un ancestro común muy cercano (menos de 3 millones de años en este caso) que a evolución en ambientes similares. Segundo, debemos cuantificar su fenotipo, es decir, aquellas características físicas observables de un organismo. Para ello tomamos medidas corporales (ej. largo del antebrazo, ancho del cráneo, número de dedos, etc.), hacemos descripciones cualitativas de algún rasgo (ej. su dieta: granívoro, omnívoro, etc.; uso del sustrato: arborícola, terrestre, fosorial, etc.), o incluso analizamos atributos genéticos y moleculares (ej., proteínas con la misma función). Por último, reunimos toda esta información en modelos estadísticos capaces de determinar si estas especies son más parecidas de lo que se esperaría simplemente por acción del azar, dado su escaso parentesco evolutivo.

Hasta hace algunos años, el método para determinar si dos o más especies eran convergentes consistía en primero suponer que sí lo eran, y luego comparar la similitud fenotípica (i.e., todos los rasgos medidos) con el grado de parentesco evolutivo (i.e., árbol filogenético) para entonces saber si estábamos en lo cierto o no. Gracias a los avances tecnológicos, informáticos y teóricos hechos en el campo, actualmente es posible ajustar modelos para encontrar grupos de especies que han evolucionado a parecerse entre sí, sin necesidad de especificarlos previamente.



Rata canguro (*Dipodomys ordii*; izquierda superior), jerbo (*Dipus sagitta*; izquierda inferior), y ratón saltador australiano (*Notomys fuscus*; derecha). Fotografías: Andy Teucher, Aleksandr Popov, y Yingyod Lapwong, licencias CC-BY.

Dentro del campo de métodos para analizar y comparar muchas especies usando filogenias y datos fenotípicos, un tipo de modelo muy utilizado es el de Ornstein-Uhlenbeck (OU). En pocas palabras, el modelo OU se utiliza para modelar cómo cambian los rasgos de los organismos a través del tiempo, y toma en cuenta que los rasgos no cambian descontroladamente, sino que la selección natural impone limitaciones sobre qué tanto cambiarán. Los modelos tipo OU incorporan parámetros que permiten simular el efecto (intensidad y dirección) de la selección natural sobre los rasgos, de tal manera que si encontramos grupos de especies con parámetros similares en el modelo significa que éstas podrían estar respondiendo de la misma forma a fuerzas selectivas parecidas. Es decir, es indicio de que son convergentes. Las tuzas de Norte y Centroamérica (familia Geomyidae) y los tuco-tucos sudamericanos (familia Ctenomyidae) son roedores excavadores que se asemejan mucho. Estas especies comparten tendencias evolutivas en uno o más rasgos por el hecho de vivir en entornos similares: tienen garras grandes y poderosas, dientes anchos, orejas reducidas, y brazos fuertes. Si ajustáramos modelos de cómo cambiaron en el tiempo (evolutivo) los valores para, por ejemplo, el ancho y largo de las garras delanteras, seguramente encontraríamos que para los dos grupos la tendencia es hacia garras más anchas y robustas que les permiten llevar una vida subterránea exitosa. Por otro lado, siendo que no comparten un ancestro común reciente podemos afirmar que se trata de dos grupos convergentes.

La evolución convergente está presente en todo el árbol de la vida, y esa universalidad nos muestra cómo la selección natural y la presión del ambiente pueden conducir hacia soluciones repetibles y predecibles para desafíos evolutivos compartidos. El estudio de la evolución convergente ha progresado a lo largo de los años, desde identificar subjetivamente organismos que se parecen por llevar estilos de vida similares hasta poder detectarla y cuantificarla sin sesgos.

La Biología Evolutiva tiene como misión conocer cómo se genera, mantiene y modifica la diversidad biológica. Por esto, entender mejor la convergencia evolutiva es imprescindible para comprender el papel de la adaptación y la selección natural en los patrones de biodiversidad a gran escala.

AGRADECIMIENTOS

LDV-A agradece al Programa de Estancias Posdoctorales por México (BP-PA-20210507174010734-948446) del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT). LDV-A y MJSa agradecen a A. Ortiz Medrano, C. González Wevar y J. Bustamante por sus comentarios.

LITERATURA CONSULTADA

- Bini, L.M., F. Villalobos y J.A.F. Diniz-Filho. 2014. Explorando patrones en rasgos macroecológicos utilizando regresión secuencial de autovectores filogenéticos. *Ecosistemas* 23:21-26.
- García, C.L. 2017. Paralelismo, convergencia y homología profunda en la biología: una propuesta conceptual. *Metatheoria* 8:57-69.
- Mares, M. 1993. Desert rodents, seed consumption, and convergence. *BioScience* 43:372-379.
- Mason V.C., *et al.* 2016. Genomic analysis reveals hidden biodiversity within colugos, the sister group to primates. *Science Advances* 2:e1600633.
- Page, C. y N. Cooper. 2017. Morphological convergence in 'river dolphin' skulls. *PeerJ* 5:e4090.



Tuco tuco (*Ctenomys* sp.; izquierda y derecha inferior), y tuza (*Thomomys bottae*; derecha superior).
Fotografías: Ezequiel Racker y Katja Schulz, licencias CC-BY.

Sometido: 08/sep/2022.

Revisado: 29/sep/2022.

Aceptado: 25/oct/2022.

Publicado: 27/oct/2022.

Editor asociado: Dra. Susette S. Castañeda-Rico.