

CIENCIA / INVESTIGACIÓN

Confirman que las especies emparentadas interactúan con los mismos organismos

Granada, EFE Una investigación científica basada en redes complejas ha confirmado la idea de Charles Darwin de que las especies emparentadas evolutivamente -las que provienen de un ancestro común-, tienden a interactuar con los mismos organismos.

El estudio, llevado a cabo por investigadores de la Universidad de Granada y el Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), demuestra una idea de Darwin que hasta ahora sólo se había confirmado de forma fragmentada en determinados virus o bacterias, ha informado José María Gómez, uno de los investigadores.

A partir de una importante base de datos se ha trabajado con información de más de mil especies pertenecientes a 116 grupos de organismos (virus, arqueas, bacterias, hongos, plantas o animales) utilizando una aproximación basada en redes complejas.

El investigador ha explicado que las especies normalmente interactúan con otras para poder sobrevivir, como por ejemplo los depredadores y sus presas o los parásitos y sus huéspedes.

"Las interacciones ecológicas que se establecen entre especies son cruciales para entender tanto la ecología como la evolución de los organismos", según Miguel Verdú, otro de los integrantes del grupo de trabajo.

Esta investigación, exponen sus autores, ha confirmado, mediante el uso de herramientas de redes complejas, que las especies con las que interactúan los organismos se mantienen evolutivamente.

Por ejemplo, se ha demostrado que los insectos emparentados evolutivamente tienden a parasitar a los mismos huéspedes, al igual que las bacterias y virus cercanos tienden a infectar a especies parecidas.

Esta idea es algo que venía sospechándose desde hace más de un siglo pero que no había sido verificada empíricamente de forma general.

Asimismo, esta investigación destaca por haber desarrollado una metodología que permitirá estudiar la evolución de las interacciones ecológicas tanto especializadas como generalistas, indica Francisco Perfectti, el tercer integrante del equipo de investigación que ha llevado a cabo el estudio.

Así, para poder llevar a cabo el estudio, se ha agrupado a las especies de cada género en distintos módulos dependiendo de con quién interactuaban para ver después si estaban emparentadas entre ellas.

De esta forma será posible predecir qué especies se verán afectadas ante una mutación de un virus, ya que tenderán a ser las mismas que son vulnerables a otros virus de su misma familia, siempre y cuando los sistemas estén conservados.