

PRINCETON GUIDE TO EVOLUTION

Dirigido por Jonathan B. Losos et al.
Princeton University Press; Princeton,
2014.

Evolución

Un campo activo

La emergencia de nuevas enfermedades o la resistencia creciente a la lucha contra epidemias y microorganismos, por no hablar del impacto de las condiciones ambientales antropogénicas sobre las poblaciones naturales, no se entienden sin la selección natural y el cambio evolutivo. En otro orden, áreas extensas de la vida moderna (del sistema legal hasta la computación, pasando por los modelos económicos) recurren al pensamiento evolutivo y utilizan los métodos desarrollados en biología. Las nuevas herramientas y planteamientos teóricos se nos ofrecen en esta guía de ponderable claridad y precisión.

De la realidad de la evolución, aceptada ahora como un hecho incontrovertible, ofreció numerosas pruebas el propio Charles Darwin, quien las recabó de fuentes muy dispares (paleontológicas, sistemáticas, embriológicas, morfológicas y biogeográficas) y las conjugó en un marco coherente de una descendencia con modificaciones. Hoy la observación directa de poblaciones naturales y artificiales nos permite ver en acción el proceso evolutivo.

Como premisa obligada, cada vez adquiere mayor importancia la evolución prebiótica, el origen de la vida que habrá de desplegarse, en el curso del tiempo, en un árbol frondoso de taxones creados a través del mecanismo de selección natural, la deriva genética o la mutación. No existe un modelo estándar, canónico, del origen de la vida. Pero todos los esgrimidos se construyen sobre cierto número de descubrimientos acerca del origen de los componentes celulares y moleculares de la vida.

Los reactivos químicos inorgánicos básicos a partir de los cuales se formó la vida son el metano (CH_4), el amoníaco (NH_3), el agua (H_2O), el ácido sulfhídrico (H_2S), el dióxido de carbono (CO_2) y el anión fosfato (PO_4^{3-}). Las condiciones prebióticas terminaron por permitir la síntesis de determinadas unidades básicas, o monómeros; por ejemplo, los aminoácidos. Quedó demostrado en el experimento, acometido en 1953, por Stanley L. Miller y Harold C. Urey. El entorno prebiótico contaba con compuestos de carbono simples y con fuentes de energía capaces de movilizar reacciones químicas. Esas reacciones producían otros compuestos de carbono de complejidad creciente; algunos de estos pudieron concentrarse en compartimentos protegidos por membrana, mientras que otros pudieron enhebrarse para formar cadenas poliméricas. Los polímeros se encapsularon en los compartimentos y produjeron numerosas protocélulas.

En el camino hacia la aparición de la protocélula se requirió el advenimiento de fosfolípidos para formar espontáneamente bicapas lipídicas, uno de los dos componentes básicos de la membrana celular. La polimerización aleatoria de los nucleótidos en moléculas de ARN pudo haber dado lugar a ribozimas autorreplicantes, que catalizaban la transferencia de péptidos y, por ende, la creación de proteínas. Estas superan a las ribozimas en capacidad catalítica y, por tanto, se convirtieron en el biopolímero dominante.

Aunque nadie ha sintetizado todavía una protocélula utilizando los componentes básicos (el llamado enfoque «de abajo arriba»), la investigación persiste.

A este respecto, destacan los trabajos de Jack Szostak y su grupo, de la Universidad Harvard. Otros autores han optado por un planteamiento «de arriba abajo». Laboran en esa línea Craig Venter y su Instituto de Investigación Genética, que se vale de la bioingeniería en células procariotas para ir recortando genes progresivamente hasta alcanzar los requisitos mínimos para la vida. John Desmon Bernal acuñó el término *biopoesis* para designar ese proceso, y sugirió que había un número de estadios reconocibles: origen de los monómeros, origen de los polímeros biológicos y evolución de lo molecular a lo celular. La evolución darwinista comenzaría en una fase muy temprana.

Los compartimentos protocelulares constituían una versión en miniatura de química combinatoria; cada protocélula contenía una mezcla diferente de polímeros y monómeros y representaba un experimento natural. (La química combinatoria es una vía de realizar múltiples reacciones químicas en paralelo. Cada combinación puede ser diferente, de modo que la información sobre condiciones de reacción puede obtenerse mucho más rápidamente que la realización de una serie de experimentos con diferentes condiciones una tras otra.) Unos polímeros podrían gozar de capacidad catalítica; otros pudieran replicarse. Unos cuantos compartimentos celulares, muy pocos, alojaban catalizadores y moléculas replicantes en cuyo seno los catalizadores podrían acelerar la replicación, y los polímeros replicantes podrían portar un tipo de información genética que codificara la secuencia de monómeros de los catalizadores. La evolución biológica comenzó con sistemas compartimentados de moléculas que podían crecer y reproducirse. Parece, pues, obvio que, para que la vida comenzara su andadura, hace unos 4000 millones de años, se requería agua líquida, una solución diluida de potenciales monómeros (aminoácidos, nucleobases) y un recinto de confinamiento.

¿Cómo pudieron los polímeros quedar encerrados en compartimentos membranosos para formar protocélulas? Es sabido que las membranas lipídicas, cuando se resecan, se fusionan en estructuras multilamelares; cabe, pues, la posibilidad de que los ciclos de humedad-sequedad en la Tierra incipiente llevaran a cabo ese proceso. Se ha comprobado que los liposomas secados en presencia de ácidos

nucleicos o proteínas atrapaban los polímeros entre las capas. Cuando se agregaba agua a la película seca, las capas lipídicas tornaban a formar vesículas. Tal podría ser un proceso plausible por el que se produjeran en la Tierra inicial los sistemas protocelulares primitivos de moléculas poliméricas.

Cada protocélula constituía una suerte de experimento natural. Los sistemas debían captar fuentes de energía disponibles para crecer por polimerización de monómeros nutrientes y reproducirse luego. Hoy eso lo hace la vida heterotrófica mediante acumulación de moléculas simples que proceden del entorno; para activar esas moléculas, se utiliza la energía química durante el metabolismo y así se constituyen polímeros (proteínas y ácidos nucleicos). Las primeras células necesitaron también almacenar información y replicarla cuando se reproducían, de modo que las propiedades pasaran a la generación siguiente. Resultaba inevitable que en ese proceso se produjera algún error, alguna mutación. Las imperfecciones en la replicación eran importantes, porque significaban que la vida podía explorar diferentes nichos e iniciar su largo recorrido hacia la vida celular. Pero, ¿qué era la vida?

No existe una definición de vida comúnmente aceptada. Ni resulta fácil establecer la frontera entre lo inerte y lo vivo. Un sistema para cuyo desarrollo todos los nutrientes requeridos estuvieran presentes en el medio, ahorrando todo metabolismo, recordaría el mundo de los virus, que dependen del citoplasma de una célula para reproducirse. Los virus, no obstante, pueden evolucionar.

Hasta el más simple de los microorganismos encierra una extraordinaria complejidad. Por eso, suelen esbozarse un conjunto mínimo de propiedades asociadas con todo sistema vivo: consta de polímeros (ácidos nucleicos y proteínas), que se sintetizan e interaccionan en el interior de un recinto delimitado por una membrana (con función de confinamiento, transporte de nutrientes y transducción de energía); los ácidos nucleicos poseen una capacidad única para almacenar y transmitir información genética, en tanto que las enzimas son proteínas con capacidad única para actuar como catalizadores; polímeros genéticos y catalíticos se incorporan en un sistema cíclico controlado por retroalimentación, en el que se utiliza la información de los polímeros genéticos para dirigir la síntesis de polí-

meros catalíticos y estos intervienen en la síntesis de aquellos.

Los sitios plausibles para el origen de la vida se caracterizan por una o varias propiedades que, se supone, han facilitado los procesos químicos y físicos obligados. Hace ya bastantes años, Desmond Bernal sugirió la arcilla. Abundando en ello, Graham Cairns-Smith propuso un mecanismo en cuya virtud la evolución podría haber producido cambios en el sustrato genético de los organismos; podría haberse dado un remplazamiento genético a medida que los compuestos orgánicos fueran adsorbidos en la arcilla y organizados por esta. El grupo encabezado por James Ferris realizó un estudio exhaustivo de la montmorillonita y demostró que los mononucleótidos químicamente activados en forma de ésteres imidazol se adsorbían en la superficie del mineral. Cuando se concentraban en la vecindad, se producía la polimerización en oligómeros de una longitud de hasta 15 o más nucleótidos.

Debemos a Gunther Wächtershäuser un modelo interesante de reacción de superficie. En su opinión, la vida pudo haber empezado en forma de química bidimensional sobre la superficie de piritita, mineral cristalino compuesto de sulfuro de hierro. La piritita posee una carga positiva de superficie; adsorbe solutos negativamente cargados (carbonato o fosfato). Además, cuando el sulfhídrico reacciona con el hierro en solución para formar piritita, la reacción puede ceder electrones a los compuestos enlazados y activar energéticamente una serie de reacciones que de otra forma no podrían darse en solución. Wächtershäuser contempla en esas reacciones el comienzo del metabolismo, que ocurren en una superficie mineral plana, no en el volumen de una célula. A diferencia de los experimentos de Urey-Miller, que dependían de fuentes externas de energía (distintos tipos de radiación), los sistemas de Wächtershäuser vienen con la fuente de energía incorporada, la piritita. La energía liberada a partir de las reacciones redox de esos sulfuros metálicos estaba disponible para la síntesis de moléculas orgánicas y para la formación de oligómeros y polímeros. Esos sistemas podrían evolucionar y formar conjuntos autocatalíticos de entidades autorreplicantes y metabólicamente activas, que podrían ser precursores de las actuales formas de vida.

En la hipótesis defendida por Jeffrey Bada y Stanley Miller, la Tierra primitiva

podría hallarse recubierta de una capa de hielo global. Bajo esas condiciones, se conservarían los compuestos orgánicos durante intervalos mucho más prolongados; la fusión ocasional producida por los impactos liberaría las moléculas orgánicas e iniciaría reacciones químicas necesarias para el origen de la vida.

Todas esas propuestas implican reacciones de compuestos bastante simples. Sin embargo, para que la evolución tome la iniciativa, debe existir un punto en el que sistemas complejos interaccionantes de moléculas poliméricas queden confinados en el interior de membranas delimitantes. El sitio más plausible para el origen de la vida no sería el océano abierto, ni tierra firme. Más propicios se nos antojan lugares donde el agua líquida y la atmósfera primitiva formaron una interfaz con superficies minerales, como las rocas volcánicas. Las interfaces poseen propiedades especiales, pues permiten que se desarrollen estos procesos esenciales que no se dan en otros sitios: ciclos de humedad-sequedad, concentración y dilución, formación de compartimentos y química combinatoria.

La vida empezó cuando algunas protocélulas, del altísimo número de las que había, encontraron el camino no solo para crecer, sino también para incorporar un ciclo que implicaba funciones catalíticas e información genética. De acuerdo con esta hipótesis, los sistemas celulares de moléculas, y no moléculas individuales, constituyeron las primeras formas de vida.

Iniciada la evolución, ¿podemos ahorrarla? ¿Podemos dirigirla? La evolución dirigida estriba en aplicar el mecanismo de selección para encauzar a los sistemas moleculares o celulares hacia determinados objetivos de interés. En general, requiere un sistema genético en el que se cifre la información, heredable y mutable; requiere también un medio para seleccionar entre variantes fundándose en diferencias en sus capacidades funcionales; y requiere la capacidad de multiplicar las moléculas u organismos seleccionados. La evolución dirigida de moléculas y células se ha realizado durante decenios, aunque los métodos empleados han ganado en refinamiento técnico y se ha ampliado la gama de sistemas con los que se puede trabajar. Si incluimos la mejora vegetal y animal, admitiremos que la evolución dirigida ha acompañado a la misma evolución de la sociedad humana.

—Luis Alonso



RNA STRUCTURE AND FOLDING. BIOPHYSICAL TECHNIQUES AND PREDICTION METHODS

Dirigido por Dagmar Klostermeier y Christian Hammann. Walter de Gruyter GMBH; Berlín, 2013.

ARN

Técnicas recientes para descubrir su estructura y función

Los estudios sobre secuenciación genómica han sacado a la luz la existencia de una diversidad y complejidad inesperadas de especies de ARN. Se estima que no llega al 2 por ciento del genoma humano la fracción que codifica proteínas, por más que la mayor parte del ADN se transcriba en ARN. Se desconoce la razón biológica de esa tarea carísima desde el punto de vista energético, pero sí sabemos ya que el ARN no codificador desempeña múltiples funciones, incluidas la catálisis y la regulación génica. El ARN comprende, en efecto, un abanico extenso de fenómenos celulares. Su papel en la traducción proteica se conoce desde hace decenios; más reciente es el conocimiento de sus actividades catalíticas, a través de ribozimas, sus actividades reguladoras, a través de microARN, pequeños ARN interferentes, ARN mensajero y ARN no codificadores. Transcrito como molécula unicatenaria, el ARN puede emparejarse consigo mismo, con otra molécula de ARN o con ADN. Puede enlazarse con numerosas macromoléculas biológicas y metabolitos celulares.

Los pormenores de su mecánica de operación dependen de la estructura. De ahí el supremo interés en el plegamiento adoptado. Y, si bien el estudio del plegamiento del ARN no es nuevo, las técnicas tradicionales ofrecen solo un cuadro promediado del comportamiento de esta molécula y no nos permiten acceder a la multiplicidad de conformaciones en las que puede plegarse, ni a los estados transitorios de su cinética. Además, las

proteínas se hallan indisolublemente asociadas con el plegamiento y la estructura in vivo del ARN.

La estructura polimérica del ARN comienza con su composición química monomérica de cuatro nucleótidos estándar: adenina, citosina, guanina y uracilo. En la naturaleza, sin embargo, hay más de cien nucleótidos de ARN. Los ácidos nucleicos son moléculas muy flexibles, que, a diferencia de las proteínas, adoptan estructuras terciarias diversas para una misma secuencia. Tamaña flexibilidad en su conformación desempeña un papel crucial en sus procesos celulares. El ARN se pliega de una manera jerárquica, con la formación inicial de estructuras secundarias, regiones dúplices generadas por emparejamiento de bases.

El conocimiento pormenorizado de la dinámica molecular del ARN avanza de la mano de la determinación de su estructura terciaria. Para el análisis de la estructura y formación se recurre a la espectroscopía óptica y la calorimetría. Las sondas utilizadas en espectroscopía aportan una lectura de los cambios operados en el entorno debidos a las transiciones estructurales; las técnicas calorimétricas miden directamente el intercambio de calor producido durante esas transiciones. Los métodos espectroscópicos (resonancia magnética nuclear, infrarrojos, transferencia de energía por resonancia de fluorescencia, o FRET, y resonancia electrónica paramagnética) resultan apropiados para investigar la dinámica de las moléculas de ARN en diferentes escalas.

La espectroscopía de resonancia magnética nuclear y los infrarrojos obtienen información estructural en una escala de longitud subnanométrica, mientras que la espectroscopía FRET y la espectroscopía de resonancia electrón-electrón aportan información para distancias en el rango de 1 a 10 nanómetros.

A lo largo de los últimos diez años hemos asistido a progresos sin precedentes en la bioquímica del ARN. Tras el crucial descubrimiento de la interferencia por ARN, por Andrew Fire y Craig Cameron, como mecanismo central de la post-transcripción de la regulación génica, se entiende la participación de moléculas de ARN no codificadoras en vías reguladoras de todos los niveles del flujo de información genética. Las funciones del ARN se fundamentan en su capacidad para adoptar estructuras tridimensionales únicas que son específicamente reconocidas por los ligandos. Las reglas estructurales que gobiernan las interacciones ARN-ligandos se basan en la identificación de los nucleótidos y los átomos implicados en el reconocimiento específico, y en mecanismos en cuya virtud ARN y ligando se adaptan entre sí. En ausencia de estructuras de alta resolución, los enfoques bioquímicos y genéticos han permitido cartografiar el sitio de enlace con el ligando (*footprinting* de ARN), para aportar información topográfica sobre complejos ligando-ARN y para identificar contactos específicos y su respectiva contribución al enlace.

La bioconjugación específica y las estrategias de marcaje del ARN desempeñan funciones importantes para diversas aplicaciones de la bioquímica del ARN. Las investigaciones in vitro de la estructura y función del ARN mediante métodos espectroscópicos requieren la incorporación específica de sitio de marcadores de los grupos funcionales. Los estudios sobre síntesis, localización y maduración de ARN que aplican técnicas de imagen exigen la agregación selectiva de cromóforos para la visualización. A las reacciones de marcaje ideal se les exige precisión en la selectividad y proceder bajo condiciones que sean compatibles con la naturaleza delicada del ARN. Se están haciendo cada vez más habituales la microscopía de muy alta resolución y la espectroscopía de fluorescencia unimolecular.

Se recurre a la electroforesis en un gel de poliacrilamida para recabar información angular relativa sobre la disposición de los brazos helicoidales en las articu-

laciones nucleocápidas. Aunque en un principio se aplicó al ADN, se generalizó para investigar las moléculas de ARN. Se trata de un método que no requiere instrumentos complicados o carísimos; su talón de Aquiles se esconde en que la electroforesis carece de un riguroso marco teórico si la comparamos con otros métodos estructurales, de suerte que las conclusiones que emergen no suelen caer en el dominio de lo cuantitativo. Mientras que podemos determinar la simetría de una articulación determinada, sus ángulos coaxiales se miden solo en un sentido muy relativo. Sin embargo, la comparación de los ángulos puede frecuentemente aportar información suficiente para una buena descripción de la estructura. Este método de electroforesis en gel comparada se desarrolla a menudo en conjunción con otros métodos biofísicos, en particular con el empleo de la FRET. Los tratamientos teóricos de la electroforesis en gel de los ácidos nucleicos se basan en el concepto de reptación: el ADN y el ARN migran, «serpenteando», a lo largo de un tubo formado por matriz polimérica de un gel. La electroforesis es un método sencillo, muy poderoso, para el estudio de la conformación global de las articulaciones helicoidales del ARN. También es un método muy mal entendido, no cuantitativo en sentido estricto, de muy baja resolución. Su nivel de detalle dista mucho del alcanzado por la cristalografía. La electroforesis en gel es mucho más simple y rápida que la cristalografía y, por supuesto, no requiere cristal alguno. La electroforesis en gel comparada descubrió la estructura en X empaquetada de la articulación Holliday del ADN diez años antes de que la observaran los cristalógrafos. El método ha desempeñado un papel destacado en la interpretación de la estructura de diversos sistemas de ARN.

La transferencia de energía por resonancia de fluorescencia es una transferencia no radiativa de energía desde un cromóforo donante hacia un cromóforo aceptor a través de una interacción espacial de sus dipolos de transición. La eficiencia de ese proceso depende de la distancia que separa las tinciones fluorescentes. El marco teórico para la descripción cuantitativa de la FRET y su distancia fue formulado por Theodor Förster. Numerosos estudios han validado la FRET como una poderosa técnica de fluorescencia para medir distancias intramoleculares en macromoléculas y

seguir cambios en la distancia causados por cambios conformacionales. En particular, la técnica FRET resulta indicada para estudiar extensos multidominios o multicomponentes que se caracterizan, además, por su flexibilidad y no pueden abordarse por resonancia magnética nuclear ni cristalografía de rayos X. De ahí su enorme interés en la investigación sobre el ARN y los complejos ARN-proteína.

Por su parte, la microscopía de fuerza atómica ha contribuido a nuestra comprensión de la estructura del ARN vírico. Ha dado frutos espectaculares en la investigación del virus satélite del mosaico del tabaco. Mediante el uso de microscopía de fuerza atómica, pinzas magnéticas y pinzas ópticas, podemos acotar moléculas y medir fuerzas en un rango típico de entre 0,1 y 100 piconewtons. En su origen, las mediciones de fuerza se emplearon para investigar las propiedades mecánicas y los mecanismos de motores moleculares. En fecha más reciente, los estudios unimoleculares de sistemas basados en el ARN han adquirido mayor difusión, con ejemplos prominentes en el despliegue mecánico de las estructuras de ARN, la observación de helicasas de ARN vírico y los estudios sobre el ensamblaje del ribosoma.

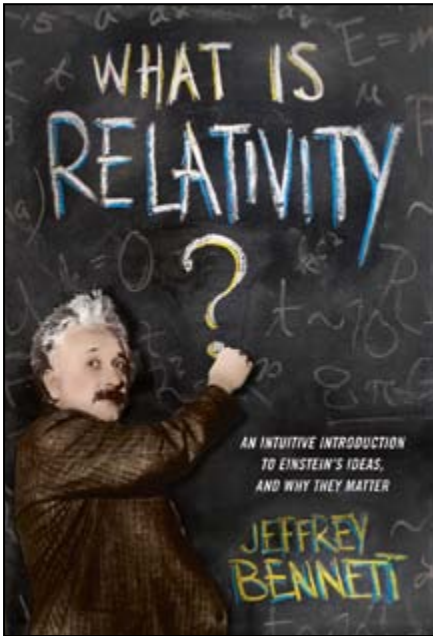
Podemos recurrir a la aplicación de las pinzas ópticas para abordar algunos de los retos que plantea la investigación sobre la estructura y el plegamiento del ARN. Para sondear, una a una, las moléculas de ARN, necesitamos una máquina que nos permita acceder a su escala. Con una distancia entre pares de bases de menos de un nanómetro y un plegamiento que se desarrolla en el rango del milisegundo y a energías equiparables a la energía térmica, una molécula de ARN puede estudiarse con herramientas sumamente precisas. Las pinzas ópticas se originan a partir de la obra seminal de Arthur Ashkin, quien descubrió que partículas dieléctricas, de una micra de tamaño, podían quedar atrapadas en el foco de un haz convergente de láser. El haz atrapador de la partícula podía actuar a modo de pinza microscópica. Para sondear una molécula de ARN con unas pinzas ópticas, hemos de empezar por aislarla y ejercer una fuerza de atracción sobre cada extremo. La molécula de ARN de interés suele ser muy pequeña para una manipulación fácil. Por consiguiente, el fragmento de ARN se incorpora a una construcción mucho mayor.

La dispersión de pequeño ángulo (SAS), o de dispersión de rayos X de pequeño ángulo (SAXS), constituye un método poderoso para el análisis de la estructura y las interacciones de macromoléculas biológicas en solución. SAXS posibilita una aproximación única a las proteínas, ácidos nucleicos y sus complejos, su plegamiento y despliegue molecular, agregación, forma, conformación y ensamblaje. Cualquier evento de dispersión está caracterizado por una ley recíproca entre tamaño de partícula y ángulo de dispersión. La radiación electromagnética incidente interactúa con los electrones en una muestra. Una parte de ellos emitirá radiación coherente. Donde las ondas interfieren constructivamente tendremos un máximo, que es lo que detectamos. Los avances en la recolección automática de datos facilitan los experimentos.

Para un examen estructural eficiente se requiere una muestra de buena calidad. Igual que los métodos de alta resolución (cristalografía molecular de alta resolución o resonancia magnética nuclear), la SAXS requiere miligramos de material muy puro y monodisperso que permanezca soluble incluso a elevadas concentraciones. Pero comparada con esos dos métodos, la SAXS tiene en su ventaja la velocidad en la recogida de datos y caracterización de la muestra. No requiere ulterior cristalización. Muchas aproximaciones al análisis de datos mediante SAXS desarrolladas para proteína se mostraron útiles para las moléculas de ARN.

La resonancia magnética nuclear en solución ofrece una poderosa ventaja en el estudio de los ARN y sus interacciones moleculares en las soluciones fisiológicamente relevantes. La cristalografía de rayos X es la técnica más poderosa para dilucidar la estructura tridimensional de macromoléculas biológicas [véase «Aportaciones de la cristalografía a la medicina», por Juan A. Hermoso; INVESTIGACIÓN Y CIENCIA, julio de 2014]. La determinación exitosa de la estructura de un ARN o de un complejo ribonucleoproteico requiere, como mínimo, la preparación de cristales bien ordenados, recogida de datos de difracción, solución experimental o computacional del problema de fases, construcción de modelo, refinamiento cristalográfico y validación de la estructura. La fuente principal de estabilidad de las estructuras del ARN es el empaquetamiento de los nucleótidos y pares de bases.

—Luis Alonso



WHAT IS RELATIVITY? AN INTUITIVE INTRODUCTION TO EINSTEIN'S IDEAS, AND WHY THEY MATTER

Por Jeffrey Bennett. Columbia University Press; Nueva York, 2014.

Relatividad

Una introducción profunda y pedagógica

Sobre dos pilares básicos, que en el universo tienen carácter absoluto, se asienta la teoría de la relatividad: primero, las leyes de la naturaleza son las mismas para todos; segundo, la velocidad de la luz es la misma para todos. La relatividad es importante para entender la instalación del hombre en el esquema general del universo. Para que las ideas de Einstein ejerzan su efecto, hemos de situarnos en velocidades cercanas a la de la luz y en la gravedad extrema que existe en la vecindad de los agujeros negros. ¿Dónde hay uno? ¿Dónde buscarlo? Tarea difícil, pues resulta invisible en el espacio.

Por definición, del agujero negro no puede escapar luz. Mas, por lo que sabemos, los agujeros negros poseen masa notable, como mínimo la de muchos soles juntos. Por consiguiente, podremos en principio detectarlos si atendemos a la influencia gravitatoria sobre sus alrededores.

La influencia gravitatoria de un agujero negro puede revelar su presencia de dos maneras. Podemos descubrirla al contemplar sus efectos sobre la órbita de compañeros que sí observamos, y que no brillan como lo harían si fueran una estrella: debe haber algo allí que dé cuenta de la órbita del objeto visible y cabe la posibilidad de que se trate de un agujero negro. Por otro lado, podemos inferir la presencia de un agujero negro a través de la luz emitida por el gas envolvente. El espacio sideral no está enteramente

vacío, y siempre encontraremos átomos dispersos incluso en las profundidades del espacio interestelar; de hecho, las nebulosas son nubes inmensas de gas. Cualquier gas que se halle en la vecindad de un agujero negro terminará por orbitar en torno al mismo. Puesto que esa estructura es a un tiempo de tamaño muy pequeño y masa muy grande, el gas de su vecindad girará a velocidades muy altas. El gas que se mueve a velocidad elevada tiende a alcanzar una temperatura muy alta; los gases de alta temperatura emiten luz de alta energía (ultravioleta y rayos X). Si observamos emisión de rayos X procedentes de la región en torno a un objeto compacto, cabe inferir que nos hallamos ante un agujero negro.

Supongamos que hay un agujero negro a 25 años luz de la Tierra. (Un año luz es la distancia que la luz puede recorrer en un año. La velocidad de la luz es de unos 300.000 kilómetros por segundo.) No existe aún técnica capaz de transportarnos hasta allí. Pero supongamos que estamos en 2040 y el progreso nos permite viajar a un 99 por ciento de la velocidad de la luz, $0,99c$. Si dejamos aparte los efectos de aceleración inicial y deceleración final, conforme nos vayamos acercando aparecerá la primera sorpresa: las estrellas de la vecindad del agujero negro se volverán de repente mucho más brillantes de lo que nos parecían; de pronto se nos han hecho más cercanas. Si pudiéramos determinar la distancia del agujero negro, ya no se hallaría a los 25

años luz que habíamos medido mientras estábamos en la Tierra, sino que se habría encogido hasta unos 3,5 años luz. La velocidad de $0,99c$ nos permitiría alcanzar el agujero negro en solo algo más de tres años y medio. El viaje de vuelta tardaría el mismo tiempo. Sumados los seis meses que pasemos en el agujero negro, habríamos estado fuera de la Tierra siete años y medio.

Si marcamos los días en un calendario tras abandonar la Tierra en 2040, este diría que estamos en 2047 cuando volvamos a la Tierra. Pero el calendario de quienquiera que se encontrara en la Tierra diría que nos encontramos en el año 2091. Habrían pasado 51 años para los habitantes de la Tierra y solo siete y medio para nosotros. No habríamos sentido nada especial, pese a que el tiempo pasó mucho más lento para nosotros. Esto no es más que un efecto de lo que predice la teoría de Einstein para los viajes próximos a la velocidad de la luz.

Einstein publicó su teoría en dos partes. La primera, o teoría especial de la relatividad, apareció en 1905. Es la teoría que explica el enlentecimiento del tiempo en nuestro viaje al agujero negro. Es también la que nos dice que no hay nada que pueda viajar más deprisa que la luz, a partir de la cual Einstein pergeñó la famosa ecuación $E = mc^2$. Se le llama «especial» para distinguirla de la teoría general de la relatividad, publicada más tarde. La teoría especial es un subconjunto de la teoría general. En particular, se aplica solo al caso especial en el que ignoramos los efectos de la gravedad. La teoría general abarca, en cambio, la gravedad y explica las observaciones sobre la poderosa gravedad del agujero negro; constituye también la teoría que nos permite entender la estructura del universo como un todo, incluida la expansión percibida del mismo.

Que la velocidad de la luz sea de 300.000 kilómetros por segundo no es una idea, sino una ley que se extrae de la teoría especial. Se trata de la velocidad a través de un espacio vacío; la luz viaja más despacio cuando atraviesa el agua, el cristal o el aire.

En los últimos años, los científicos han logrado, en el laboratorio, ralentizar la velocidad de la luz al paso de un peatón. Sostiene la teoría de la relatividad que nada puede adelantar a la luz. Aunque, de acuerdo con la astronomía moderna, hay probablemente galaxias que están a miles de millones de años luz de nosotros

(allende los límites de nuestro universo observable), que se están alejando con la expansión del universo a velocidades mucho más céleres que las de la luz, ello no viola la teoría especial de la relatividad porque el distanciamiento de esas galaxias de nosotros no implica nada que adelante a la luz.

Para entender la relatividad hay que establecer respecto a qué se es relativo. La teoría no propone que todo sea relativo. Antes bien, la teoría especial explicita que el movimiento es siempre relativo. Solo podemos describir el movimiento cuando indicamos con respecto a qué nos movemos.

Por eso, podemos afirmar que el avión se mueve en relación con la superficie de la Tierra a 1670 kilómetros por hora y que ese mismo avión, visto desde la Luna, se muestra estacionario mientras la Tierra gira debajo del mismo. Ambos enfoques son igualmente válidos. Hay más puntos de vista igualmente válidos sobre el vuelo del aeroplano. Los observadores que miran al sistema solar desde otra estrella verían al avión moverse a una velocidad de más de 100.000 kilómetros por hora, porque esa es la velocidad de la Tierra en su órbita alrededor del Sol. Los observadores que vivieran en otra galaxia verían el aeroplano moverse con la rotación de la Vía Láctea, a unos 800.000 kilómetros por hora. En lenguaje de la relatividad, cualquier descripción del movimiento del avión dependerá del marco de referencia del observador. Cada uno de los diferentes puntos de vista sobre el movimiento del avión (desde la superficie de la Tierra, desde la Luna, desde otra estrella y desde otra galaxia) representa un marco de referencia distinto. De forma general, decimos que dos personas u objetos comparten el mismo marco de referencia solo si son estacionarios en relación mutua.

Importa desentrañar el concepto de espaciotiempo, que exige entender el concepto de dimensión. Podemos definir la dimensión como el número de direcciones independientes en que puede desarrollarse un movimiento. El punto tiene dimensiones cero. El desplazamiento del punto forma la línea, unidimensional porque solo cabe movimiento en una dirección. El desplazamiento de la línea atrás y adelante genera un plano, bidimensional. Las dos direcciones del plano son a lo largo y a lo ancho. Cualquier nueva dirección es combinación de esas dos. Si desplazamos un plano arriba y abajo, ocu-

pa un espacio de tres dimensiones, con tres direcciones independientes: longitud, amplitud y profundidad. Si pudiéramos desplazar el espacio atrás y adelante en «otra» dirección, generaríamos un espacio tetradimensional. No lo podemos visualizar, pero resulta muy fácil describirlo matemáticamente. En álgebra se nos presentan problemas unidimensionales con la variable x , problemas bidimensionales con las variables x e y , y problemas tridimensionales con las variables x , y y z . Un problema tetradimensional precisaría una cuarta variable: x , y , z y w . Podríamos continuar con cinco, seis, etcétera, dimensiones.

Al espacio con más de tres dimensiones se le denomina hiperespacio. El espaciotiempo es un espacio particular, en el que las cuatro direcciones de un movimiento posible son longitud, amplitud, profundidad y tiempo. El tiempo no es la cuarta dimensión, sino una dirección más del espacio.

Los objetos que vemos como tridimensionales en nuestra vida ordinaria aparecerían como objetos tetradimensionales en el espaciotiempo. Así como diferentes personas pueden ver diferentes dibujos bidimensionales del mismo libro tridimensional, diferentes observadores pueden ver distintos cuadros tridimensionales de la misma realidad espaciotemporal. Esos cuadros diferentes son las diferentes percepciones de tiempo y espacio de los observadores en distintos marcos de referencia. Por ese motivo, observadores distintos pueden obtener resultados diferentes cuando miden tiempo, longitud o masa, aun cuando todos ellos estén observando la misma realidad espaciotemporal. De acuerdo con el enunciado canónico: el espacio es distinto para diferentes observadores y el tiempo es distinto para diferentes observadores, pero el espaciotiempo es el mismo para todos.

Einstein, que creía en un universo intrínsecamente simple, tardó diez años en colmar las lagunas que dejaba la teoría especial. En 1915 dio con la solución global: redefinió la forma en que se interpretaba la gravedad, su logro más excelso. Durante siglos se creyó que la gravedad operaba solo en la Tierra y que los cielos seguían otras leyes. Hasta que en 1666 Isaac Newton se percató de que la fuerza que sostenía a la Luna en órbita junto a la Tierra era la misma que la que producía la caída de los cuerpos. Empleó una herramienta, el cálculo, en

buena medida creada por él con esa finalidad, para demostrar que la fuerza de la gravedad era la responsable de los movimientos conocidos de los planetas en torno al Sol.

La ley de gravitación universal es una sencilla ecuación que nos permite calcular la fuerza de gravedad que opera entre dos cuerpos. Establece que la fuerza total depende del producto de las masas y del cuadrado inverso de la distancia. Amasando la ley de la gravitación con las leyes del movimiento, Newton creó una teoría de la gravedad que explicaba con éxito un amplio abanico de fenómenos, que abarcan desde la razón de que tengamos peso hasta las órbitas de los planetas, pasando por la caída de los graves. Entre sus éxitos más espectaculares se cuenta la predicción de la existencia y ubicación del planeta Neptuno antes de descubrirse mediante el telescopio. Se utiliza para proyectar las trayectorias de las sondas espaciales.

Para Newton, la gravedad era una fuerza que ejercía la acción a distancia entre dos objetos. Einstein propone que los efectos de la gravedad y los efectos de la aceleración son los mismos. Con su teoría general de la relatividad, elimina el misterio de esa acción a distancia. Las órbitas planetarias no son resultado de una fuerza gravitatoria oculta, sino las trayectorias más rectas posibles a través de regiones curvas del espaciotiempo. El hecho de que las órbitas representen las trayectorias más rectas posibles a través del espaciotiempo resulta muy útil: significa que, aun cuando no podemos ver la curvatura del espaciotiempo, sí podemos cartografiarla mediante la observación de las trayectorias orbitales.

No podemos ver directamente la curvatura del espaciotiempo, pero sí podemos someterla a prueba mediante la observación de la trayectoria de los rayos luminosos. La luz viaja siempre a la misma velocidad: nunca se acelera ni decelera, por lo que ha de seguir la trayectoria más recta posible a través del espacio y del espaciotiempo. Si el propio espacio es curvo, entonces la luz curvará su trayectoria al atravesar dicho espacio. Apoyándose en ese hecho, Einstein realizó una de las predicciones más espectaculares de la historia de la ciencia: que las estrellas deberían aparecer ligeramente desplazadas de su posición cuando se las observara cerca del Sol durante un eclipse solar total.

—Luis Alonso