



Revista Mexicana de Biodiversidad

ISSN: 1870-3453

falvarez@ib.unam.mx

Universidad Nacional Autónoma de
México
México

Cerqueda-García, Daniel; Falcón, Luisa I.

La construcción del nicho y el concepto de holobionte, hacia la reestructuración de un
paradigma

Revista Mexicana de Biodiversidad, vol. 87, núm. 1, marzo, 2016, pp. 239-241

Universidad Nacional Autónoma de México
Distrito Federal, México

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=42546734026>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal

Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto



Nota de opinión

La construcción del nicho y el concepto de holobionte, hacia la reestructuración de un paradigma

The niche-construction and the holobiont concept, toward the restructuring of a paradigm

Daniel Cerqueda-García y Luisa I. Falcón*

Laboratorio de Bacteriana, Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México, Circuito exterior s/n, Cd. Universitaria, 04510, México D.F., México

En la concepción clásica de la adaptación, el ambiente gradualmente moldea los organismos para que estos se adecuen. Este enfoque implicaba que los organismos son un ente pasivo que habita el ambiente. Sin embargo, esto no es así, ya que los organismos no son agentes pasivos. Los organismos, por medio de su metabolismo y su comportamiento, modifican su medio, creando y destruyendo su ambiente desde una escala local hasta global. Algunos ejemplos de modificación del ambiente son la construcción de nidos, madrigueras, redes y formación de gradientes químicos. Estos procesos de modificación y selección ambiental se conocen con la metáfora de «construcción del nicho», considerando aquí el espacio «n» dimensional (según [Hutchinson, 1957](#)) «ocupado» por la especie, en el sentido de donde actúa —siendo un agente causal—, no solo en donde se localiza. La construcción del nicho no es exclusiva de algunas especies, sino que es un hecho de la vida, todos los organismos utilizan materia inorgánica para desarrollarse y sustentarse; además, todos secretan desechos ([Day, Laland y Odling-Smee, 2003](#); [Laland, Odling-Smee y Feldman, 2001](#); [Odling-Smee, Laland y Feldman, 1996](#)).

La construcción del nicho tiene un gran impacto en la evolución de los organismos y en la concepción de la adaptación, ya que modifica las presiones de selección natural al modificar el medio; según [Day et al. \(2003\)](#), en la naturaleza pueden existir 2 escenarios: 1) como resultado de la selección natural los organismos pueden desarrollar características que los hagan adecuarse a su ambiente; y 2) los organismos pueden modificar su ambiente para adecuarlo a sus características actuales; es decir, modificar factores ambientales de la estructura del nicho como sucede en la producción de microclimas, lo que modifica la temperatura y la humedad.

La construcción del nicho puede modificar las presiones de selección de los constructores, de las especies con las que cohabitan —el componente biótico del nicho— y de sus descendientes, ya que generalmente la modificación persiste por mayor tiempo que la vida de los constructores, por lo que la modulación del impacto ambiental continúa para las generaciones posteriores. Por lo tanto, los organismos no nacen y empiezan sus ciclos de vida en un ambiente *de novo*, sino que existe una herencia ecológica del nicho. La herencia ecológica se define como cualquier caso en el cual un organismo experimenta una relación funcional modificada entre él y su ambiente, como consecuencia de la construcción del nicho de sus ancestros genéticos o ecológicos ([Laland et al., 2001](#)). De aquí surge el concepto de «ingeniería de ecosistemas», donde se argumenta que los organismos no solo se adaptan a su ambiente, sino que también lo construyen, por lo que existe una coevolución entre el ambiente y el organismo, existiendo una retroalimentación. Un ejemplo claro de la construcción del nicho es la modificación de la atmósfera por parte de las bacterias fotosintéticas oxigénicas ([Falkowski, 2011](#)), que a una escala global modificaron las presiones de selección hacia metabolismos que toleran el oxígeno, siendo estas bacterias nuestros ancestros ecológicos.

Si bien hasta aquí se ha considerado la construcción del nicho refiriéndonos a la modificación del componente fisicoquímico —abiótico—, que a la vez afecta a las presiones de selección de otros organismos —indirectamente—, existen casos en donde este ambiente es conformado por otro organismo, como en los organismos pluricelulares, ya que surgieron en una «sopa microbiana» en donde rápidamente pudieron emerger interacciones patógenas y mutualistas, reteniendo selectivamente colonizadores que conferían un beneficio al huésped aumentando su adecuación ([Yeoman et al., 2011](#)). Toda planta o animal presenta relaciones simbióticas con microorganismos, de ahí surge el concepto de «holobionte», que se refiere a la planta o animal con todos sus microorganismos asociados —microbioma— ([Zilber-Rosenberg y Rosenberg, 2008](#)). Sabemos que 9 de cada

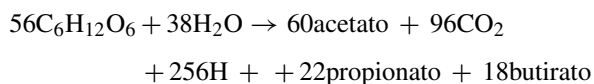
* Autor para correspondencia.

Correo electrónico: falcon@ecologia.unam.mx (L.I. Falcón).

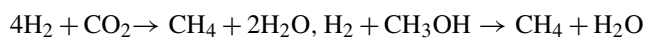
La revisión por pares es responsabilidad de la Universidad Nacional Autónoma de México.

10 células de los seres humanos son bacterianas y, por lo tanto, un animal o planta puede ser considerado como un ecosistema, el cual posee numerosos nichos epiteliales. Dependiendo de la localización del nicho puede estar colonizado por bacterias, arqueas, bacteriófagos, hongos y/o protozoarios (Yeoman et al., 2011).

Los componentes del microbioma son un claro ejemplo de organismos constructores de nicho, como lo que ocurre en el conducto vaginal de las hembras humanas, que es colonizado por *Lactobacillus* sp., que sintetizan ácido láctico y, como consecuencia, el pH vaginal disminuye, atenuando la colonización de otros organismos patógenos (Menard et al., 2010); otro ejemplo es el que ocurre en el tracto digestivo de los mamíferos, en donde bacterias metanógenas y reductoras de sulfato subsisten gracias al hidrógeno producido por bacterias fermentadoras (Macfarlane y Gibson, 1997), ya que en la reacción general de la fermentación se produce hidrógeno:



Las bacterias metanógenas lo pueden utilizar para la producción de metano:



Y las bacterias reductoras del azufre para la reducción disimilatoria del azufre:



Este es un ejemplo donde al construirse y modificarse el ambiente se abren nuevos nichos —o condiciones favorables— para ser ocupados por otras bacterias. Por ello, los organismos multicelulares eucariontes son un ecosistema constantemente modificado por su microbioma, dando como consecuencia una intrincada red de interacciones simbióticas. La construcción del nicho puede ser el preámbulo para la facilitación presente en muchas especies, que principalmente se ha descrito en plantas (Valiente-Banuet y Verdú, 2007), pero que en las relaciones entre microorganismos formadores de microbioma queda por analizarse. Las interacciones facilitadoras son comunes en la complementación metabólica bacteriana, como ocurre en las comunidades formadoras de microbialitos, en donde debido a la presencia de diversos gremios bacterianos funcionan como una unidad en donde prácticamente solo se requiere luz y materia inorgánica para su desarrollo (Visscher y Stolz, 2005).

El holobionte es, por lo tanto, una comunidad biótica que se retroalimenta debido a las actividades y características de sus componentes, pero entonces ¿qué implicaciones tiene esto en las presiones de selección y la adaptación? Para responder a esto se ha considerado a toda la comunidad —al holobionte— como una unidad de selección, ya que la cooperación entre la microbiota y el hospedero generalmente producen un aumento en la adecuación. Asimismo, la diversidad genética del microbioma puede aumentar el intervalo de tolerancia a los ambientes en los cuales el holobionte puede vivir (Rosenberg, Sharon y Zilber-Rosenberg, 2009; Zilber-Rosenberg y Rosenberg, 2008).

La presencia de algunas especies está facilitando el desarrollo de otras por medio de la complementación metabólica, por ende la estructura comunitaria está funcionando como una unidad. Además, la diversidad genética del holobionte, conocido como «hologenoma», el cual es la suma de la diversidad genética del microbioma y el hospedero, varía entre holobiontes y también es transferida entre ellos. Esto último parece tener características lamareckianas, ya que se pueden perder y ganar habilidades —por medio de la adquisición o pérdida de componentes del microbioma— que modifiquen la adecuación en una misma generación (Rosenberg et al., 2009). Un claro ejemplo de lo anterior es la transferencia del microbioma materno en el nacimiento de los humanos, que en un parto por cesárea el microbioma materno no se transfiere y el infante presenta posteriormente una mayor propensión a enfermedades inmunes, tales como el asma, y una mayor propensión a alergias (Madan, Farzan, Hibberd y Karagas, 2012; Thanabalasuriar y Kubes, 2014). Igualmente, la alimentación de los recién nacidos con leche materna resulta en la colonización del tracto digestivo por un microbioma que digiere los oligosacáridos presentes en la leche, conformado por bacterias del género *Bifidobacterium* sp., las cuales ayudan a disminuir el pH del tracto digestivo y producen ácidos grasos de cadena corta que favorecen la función del sistema inmune (Hinde y Lewis, 2015). La estructura del holobionte nos lleva a considerar que la selección actúa a múltiples niveles, desde genes a genomas, a especies y a comunidades. Dentro del propio microbioma pueden presentarse todas las interacciones ecológicas —interacciones como depredador-presa y cooperación-facilitación—. Esto implica que la estructura del microbioma no solo está determinada por las características del huésped, como en el caso del microbioma del tracto digestivo de animales, en donde se ha pensado que únicamente la dieta del huésped modifica la estructura del microbioma, la cual es una perspectiva clásica en donde el medio moldea a los organismos. Desde la perspectiva de la construcción del nicho y el concepto de holobionte, las interacciones bióticas en el microbioma y las modificaciones emergentes de las presiones de selección pueden tener un papel importante en la determinación de la estructura del mismo.

En resumen, el descubrimiento del microbioma abre nuevas posibilidades para la investigación sobre los factores que influyen en la evolución de las especies. Si bien la idea de que la selección natural actúa a diferentes niveles de la jerarquía biológica no es nueva, y biólogos como Lewontin y Gould, desde los años 70 del siglo pasado, ya discutían sobre cuál es la unidad darwiniana de la selección y a qué niveles actúa (Gould y Lloyd, 1999; Lewontin, 1970; Levins y Lewontin, 1980; Vrba y Gould, 1986), en donde la unidad darwiniana debe cumplir principios básicos para ser un agente evolutivo como un punto distinguible de nacimiento, un punto distinguible de muerte y una estabilidad suficiente, además, debe dejar descendencia y esta descendencia debe ser más parecida a este «individuo darwiniano» que a los otros miembros de la generación parental. En el holobionte —la comunidad que lo conforma— se cumplen estos principios vernáculos para la unidad de selección. Aunque la conceptualización de la comunidad como unidad de selección ha sido criticada por el hecho de que puede violar el principio

de suficiente estabilidad (Gould, 2002), en la comunidad conformada por el holobionte este principio se cumple, ya que el tiempo de estabilidad es generalmente el tiempo generacional del organismo hospedero pluricelular.

Referencias

- Day, R. L., Laland, K. N. y Odling-Smee, F. J. (2003). Rethinking adaptation: the niche-construction perspective. *Perspectives in Biology and Medicine*, 46, 80–95.
- Falkowski, P. G. (2011). The biological and geological contingencies for the rise of oxygen on Earth. *Photosynthesis Research*, 107, 7–10.
- Gould, S. J. (2002). *The structure of evolutionary theory*. Cambridge, Massachusetts and London: The Belknap Press Harvard University Press.
- Gould, S. J. y Lloyd, E. A. (1999). Individuality and adaptation across levels of selection: how shall we name and generalize the unit of Darwinism? *Proceedings of the National Academy of Science*, 96, 11904–11909.
- Hinde, K. y Lewis, Z. T. (2015). Mother's littlest helpers. *Science*, 348, 1427–1428.
- Hutchinson, G. E. (1957, January). Concluding remarks. *Cold spring harbor symposium on quantitative biology*, 22, 415–427.
- Laland, K. N., Odling-Smee, F. J. y Feldman, M. W. (2001). Niche construction, ecological inheritance, and cycles of contingency in evolution. En S. Oyama, P. E. Griffiths, y D. G. Russell (Eds.), *Cycles of contingency: developmental systems and evolution* (pp. 117–126). Cambridge, London: The MIT Press.
- Lewontin, R. C. (1970). The units of selection. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 1–18.
- Levins, R. y Lewontin, R. (1980). Dialectics and reductionism in ecology. *Synthese*, 43, 47–78.
- Macfarlane, G. T. y Gibson, G. R. (1997). Carbohydrate fermentation, energy transduction and gas metabolism in the human large intestine. In *Gastrointestinal microbiology*. pp. 269–318. New York: Springer.
- Madan, J. C., Farzan, S. F., Hibberd, P. L. y Karagas, M. R. (2012). Normal neonatal microbiome variation in relation to environmental factors, infection and allergy. *Current Opinion in Pediatrics*, 24, 753.
- Menard, J. P., Mazouni, C., Salem-Cherif, I., Fenollar, F., Raoult, D., Boubli, L., et al. (2010). High vaginal concentrations of *Atopobium vaginae* and *Gardnerella vaginalis* in women undergoing preterm labor. *Obstetrics and Gynecology*, 115, 134–140.
- Odling-Smee, F. J., Laland, K. N. y Feldman, M. W. (1996). Niche construction. *American Naturalist*, 147, 641–648.
- Rosenberg, E., Sharon, G. y Zilber-Rosenberg, I. (2009). The hologenome theory of evolution contains Lamarckian aspects within a Darwinian framework. *Environmental Microbiology*, 11, 2959–2962.
- Thanabalasuriar, A. y Kubes, P. (2014). Neonates, antibiotics and the microbiome. *Nature Medicine*, 20, 469–470.
- Valiente-Banuet, A. y Verdú, M. (2007). Facilitation can increase the phylogenetic diversity of plant communities. *Ecology Letters*, 10, 1029–1036.
- Visscher, P. T. y Stolz, J. F. (2005). Microbial mats as bioreactors: Populations, processes, and products. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, 219, 87–100.
- Vrba, E. S. y Gould, S. J. (1986). The hierarchical expansion of sorting and selection: sorting and selection cannot be equated. *Paleobiology*, 12, 217–228.
- Yeoman, C. J., Chia, N., Yildirim, S., Miller, M. E. B., Kent, A., Stumpf, R., et al. (2011). Towards an evolutionary model of animal-associated microbiomes. *Entropy*, 13, 570–594.
- Zilber-Rosenberg, I. y Rosenberg, E. (2008). Role of microorganisms in the evolution of animals and plants: the hologenome theory of evolution. *FEMS Microbiology Reviews*, 32, 723–735.