

## 18

## Sistemática: Búsqueda de orden en medio de la diversidad



Los biólogos que estudian la historia evolutiva del virus de la inmunodeficiencia humana tipo 1 (VIH-1) descubrieron que este virus, causante del SIDA, probablemente se originó en los chimpancés.

### ESTUDIO DE CASO: El origen de un asesino

#### 18.1 ¿Cómo se nombran y clasifican los organismos?

Cada especie tiene un nombre único constituido por dos elementos

La clasificación se originó como una jerarquía de categorías

Los sistemáticos identifican las características que revelan las relaciones evolutivas

La anatomía desempeña un papel clave en la sistemática

Las semejanzas moleculares también son útiles para reconstruir la filogenia

#### 18.2 ¿Cuáles son los dominios de la vida?

El sistema de cinco reinos mejoró los esquemas de clasificación

El sistema de tres dominios refleja con más precisión la historia de la vida

La clasificación en términos de reinos aún no está totalmente establecida

[De cerca: Reconstrucción de los árboles filogenéticos](#)

#### 18.3 ¿Por qué cambian las clasificaciones?

La designación de las especies cambia cuando se descubre nueva información

La definición de especie biológica en ocasiones es difícil o imposible de aplicar

Investigación científica: La genética molecular pone al descubierto las relaciones evolutivas

#### 18.4 ¿Cuántas especies existen?

[Enlaces con la vida: Un mundo pequeño](#)

### OTRO VISTAZO AL ESTUDIO DE CASO

#### El origen de un asesino



## ESTUDIO DE CASO EL ORIGEN DE UN ASESINO

UNA DE LAS ENFERMEDADES más aterradoras del mundo es también una de las más misteriosas. El síndrome de inmunodeficiencia adquirida (SIDA) surgió aparentemente de la nada, y cuando se le reconoció por primera vez en los inicios de la década de 1980, nadie sabía cuál era su causa ni de dónde provenía. Los científicos compitieron para resolver el misterio y, al cabo de unos años, identificaron el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) como el agente infeccioso causante del SIDA. Una vez identificado el VIH, la atención de los investigadores se volcó hacia la cuestión de su origen.

Para encontrar la fuente del VIH fue necesario aplicar un enfoque evolutivo. Pre-

guntar de dónde proviene el VIH en realidad equivale a preguntar qué clase de virus fue su antecesor. Los biólogos que examinan los asuntos relacionados con la ascendencia reciben el nombre de sistemáticos, quienes buscan establecer categorías de organismos de acuerdo con su historia evolutiva, así como construir clasificaciones que reflejen con precisión la estructura del árbol de la vida. Cuando un sistemático llega a la conclusión de que dos especies están estrechamente emparentadas, significa que ambas comparten un ancestro común reciente a partir del cual evolucionaron.

Los sistemáticos que exploraron la ascendencia del VIH descubrieron que sus parientes más cercanos no se encuentran entre

los demás virus que infectan a los seres humanos, sino entre los que infectan a los monos y antropoides. De hecho, las investigaciones más recientes acerca de la historia evolutiva del VIH han permitido concluir que el pariente más cercano del VIH-1 (el tipo de VIH que es el causante principal de la epidemia mundial de SIDA) es una cepa viral que infecta a una subespecie particular de chimpancé que habita en espacios limitados de África occidental. Así pues, el antepasado del virus que ahora conocemos como VIH-1 no evolucionó a partir de un virus ya existente que atacaba a los humanos, sino que de alguna manera debió saltar de los chimpancés de África occidental a los seres humanos.

## 18.1 ¿CÓMO SE NOMBRAN Y CLASIFICAN LOS ORGANISMOS?

La **sistemática** es la ciencia que estudia la reconstrucción de la **filogenia**, o historia evolutiva. Como parte de sus esfuerzos por descubrir el árbol de la vida, los sistemáticos dan nombre a los organismos y los clasifican en categorías sobre la base de sus relaciones evolutivas. Existen ocho categorías principales: **dominio, reino, filum, clase, orden, familia, género y especie**. Estas categorías forman una jerarquía de nichos, en la que cada nivel incluye todos los demás niveles que están por debajo de él. Cada dominio contiene muchos reinos, cada reino contiene muchos filum (a menudo se utiliza el término *fila* como plural), cada filum incluye muchas clases, cada clase incluye muchos órdenes, y así sucesivamente. Conforme se desciende en la jerarquía, se incluyen grupos cada vez más reducidos. En otras palabras, las categorías se van haciendo más estrechas y especifican un grupo cuyo ancestro común es más reciente conforme se desciende. La **tabla 18-1** incluye algunos ejemplos de clasificación de organismos específicos.

### Cada especie tiene un nombre único constituido por dos elementos

El **nombre científico** de un organismo se forma a partir de las dos categorías más reducidas: el género y la especie. Cada género incluye un grupo de especies muy estrechamente emparentadas, y cada especie de un género incluye poblaciones de organismos que en principio se pueden cruzar en condiciones naturales. Así, por ejemplo, el género *Sialia* (azulejos) incluye el azulejo oriental (*Sialia sialis*), el azulejo occidental (*Sialia mexicana*) y el azulejo de las montañas (*Sialia currucoides*); todos ellos son pájaros muy semejantes que normalmente no se cruzan (**FIGURA 18-1**).

Cada nombre científico compuesto de dos elementos es único, por lo que al hacer referencia a un organismo por su nombre científico se elimina cualquier posibilidad de ambigüedad o confusión. Por ejemplo, el ave *Gavia immer* se conoce comúnmente en Norteamérica como somorgujo, en Gran Bretaña como colimbo del norte, y recibe muchos otros nombres en los idiomas de los distintos países donde habita. Pero los biólogos de todo el mundo reconocen el nombre científico en latín *Gavia immer*, con lo cual se superan las barreras del idioma y se hace posible una comunicación precisa.

Hay que advertir que, por convención, los nombres científicos siempre se escriben subrayados o en *cursivas*. La prime-

ra letra del nombre del género siempre es mayúscula, y la primera letra del nombre de la especie, minúscula. Nunca se usa sólo el nombre de la especie, sino que siempre va acompañado del nombre de su género.

### La clasificación se originó como una jerarquía de categorías

Aristóteles (384-322 a. C.) fue de los primeros en tratar de formular un lenguaje lógico y estandarizado para nombrar a los seres vivos. Sobre la base de características como la complejidad estructural, el comportamiento y el grado de desarrollo al nacer, Aristóteles clasificó alrededor de 500 organismos en 11 categorías. Las categorías de Aristóteles formaban una estructura jerárquica, en la que cada categoría era más incluyente que la ubicada debajo de ella, un concepto que se sigue aplicando en la actualidad.

Tomando como base el trabajo de Aristóteles, y más de 2000 años más tarde, el naturalista sueco Carl von Linné o Carlos Linneo (1707-1778) —quien se llamaba a sí mismo Carolus Linnaeus, una versión latinizada de su nombre— puso los cimientos del sistema moderno de clasificación. Linneo colocó cada organismo en una serie de categorías dispuestas jerárquicamente sobre la base de su semejanza con otras formas de vida, y también introdujo el nombre científico compuesto de género y especie.

Casi 100 años más tarde, Charles Darwin (1809-1882) publicó *El origen de las especies*, donde demostró que todos los organismos están emparentados por un ancestro común. Los biólogos comenzaron entonces a reconocer que las categorías deberían reflejar las líneas del parentesco evolutivo entre los organismos. Cuanto mayor es el número de categorías que dos organismos comparten, más cercana es su relación evolutiva.

### Los sistemáticos identifican las características que revelan las relaciones evolutivas

Los sistemáticos se proponen reconstruir el árbol de la vida, pero deben hacerlo sin mucho conocimiento directo de la historia evolutiva. Puesto que no pueden mirar al pasado, deben deducirlo en la medida de lo posible, sobre la base de las similitudes que presentan los organismos vivos. Sin embargo, no todas las semejanzas resultan útiles, ya que algunas se deben a una evolución convergente de organismos que no están estrechamente emparentados y, por consiguiente, no ayudan a inferir la historia evolutiva. En cambio, los sistemáticos valo-

**Tabla 18-1** Clasificación de algunos organismos, en la que se refleja su grado de parentesco\*

	Ser humano	Chimpancé	Lobo	Mosca de la fruta	Secoya	Girasol
Dominio	<b>Eukarya</b>	<b>Eukarya</b>	<b>Eukarya</b>	<b>Eukarya</b>	<b>Eukarya</b>	<b>Eukarya</b>
Reino	<b>Animalia</b>	<b>Animalia</b>	<b>Animalia</b>	<b>Animalia</b>	<b>Plantae</b>	<b>Plantae</b>
Filum	<b>Chordata</b>	<b>Chordata</b>	<b>Chordata</b>	Arthropoda	Coniferophyta	Anthophyta
Clase	<b>Mammalia</b>	<b>Mammalia</b>	<b>Mammalia</b>	Insecta	Coniferosida	Dicotyledoneae
Orden	<b>Primates</b>	<b>Primates</b>	Carnivora	Diptera	Coniferales	Asterales
Familia	Hominidae	Pongidae	Canidae	Drosophilidae	Taxodiaceae	Asteraceae
Género	<i>Homo</i>	<i>Pan</i>	<i>Canis</i>	<i>Drosophila</i>	<i>Sequoiadendron</i>	<i>Helianthus</i>
Especie	<i>sapiens</i>	<i>troglydytes</i>	<i>lupus</i>	<i>melanogaster</i>	<i>giganteum</i>	<i>annuus</i>

\*Las categorías en negritas son aquellas que comparten dos o más de los organismos clasificados. Los nombres de géneros y especies siempre se escriben en cursivas o se subrayan.



**FIGURA 18-1** Tres especies de azulejo

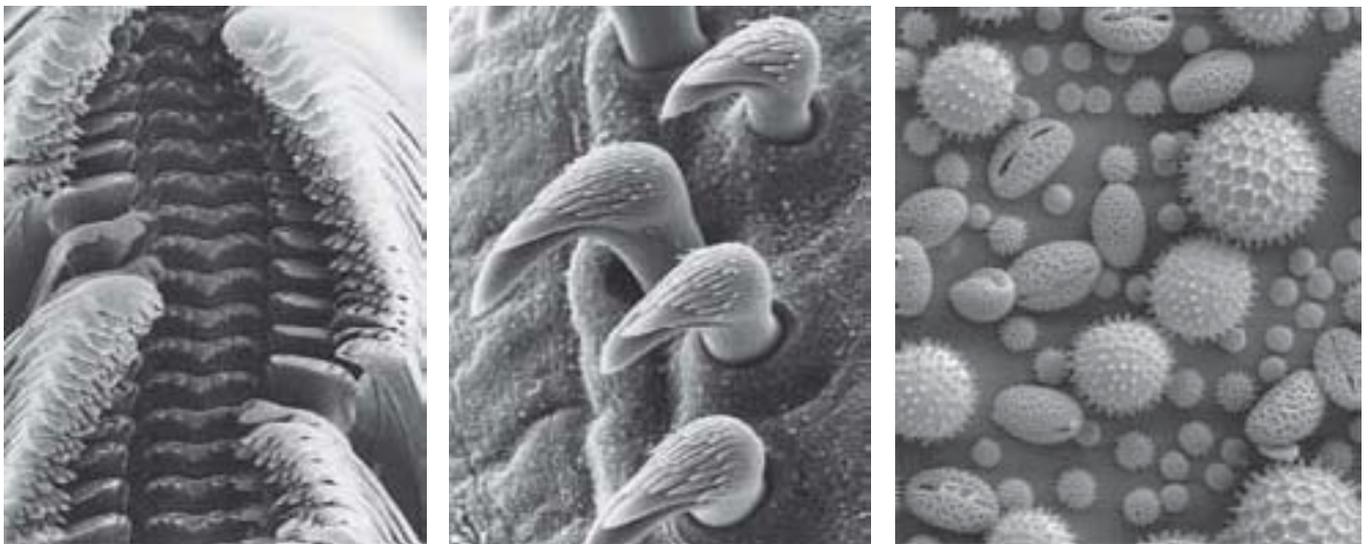
Pese a sus evidentes semejanzas, estas tres especies de azulejo se conservan distintas porque no se cruzan. Las tres especies que se muestran son (de izquierda a derecha) el azulejo oriental (*Sialia sialis*), el azulejo occidental (*Sialia mexicana*) y el azulejo de las montañas (*Sialia currucoides*).

ran las semejanzas que surgen cuando dos clases de organismos comparten una característica porque ambos la han heredado de un ancestro común. Por eso, una de las tareas principales del sistemático es distinguir entre las similitudes informativas que se deben a un ancestro común y las semejanzas menos útiles que son el resultado de una evolución convergente. En su búsqueda de similitudes informativas, los biólogos examinan características de muy diversa índole.

### La anatomía desempeña un papel clave en la sistemática

Históricamente, las características distintivas más importantes y útiles han sido las anatómicas. Los sistemáticos exami-

nan detenidamente las similitudes en cuanto a la estructura corporal externa (véase la figura 18-1) y en cuanto a las estructuras internas, como el esqueleto y los músculos. Por ejemplo, las estructuras homólogas, como los huesos dactilares de delfines, murciélagos, focas y seres humanos (véase la figura 14-7) son indicio de un ancestro común. Con el fin de identificar las relaciones entre especies más estrechamente emparentadas, los biólogos utilizan el microscopio para discernir detalles más finos: el número y forma de los “dentículos” de la rádula con aspecto de lengua de un caracol, la forma y posición de las cerdas de un gusano marino o la estructura externa de los granos de polen de una planta en floración (**FIGURA 18-2**).



a)

b)

c)

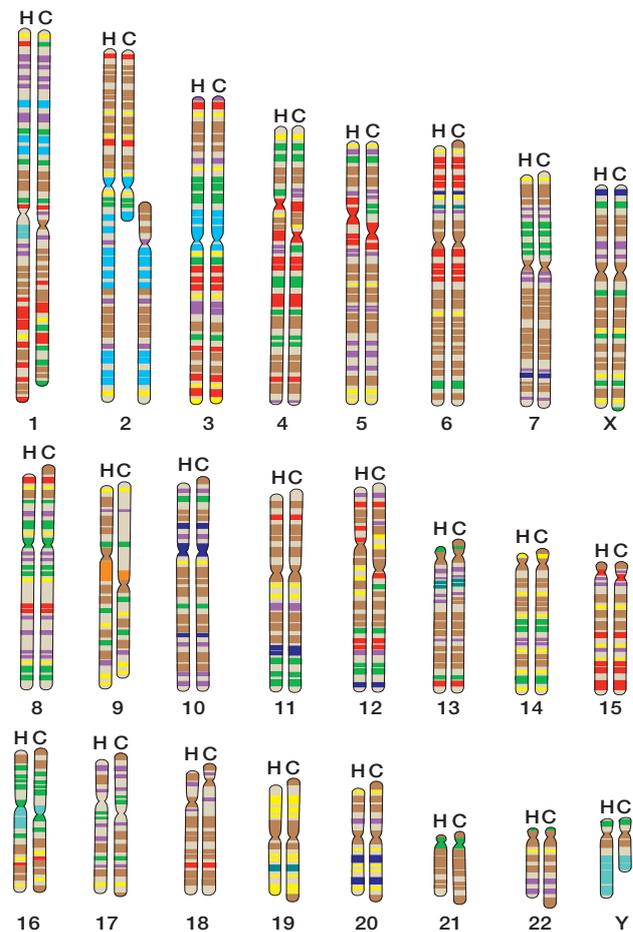
**FIGURA 18-2** Las estructuras microscópicas ayudan a clasificar los organismos

a) Los “dentículos” de la rádula con aspecto de lengua de un caracol (una estructura que utiliza para alimentarse), b) las cerdas de un gusano marino y c) la forma y las características superficiales de los granos de polen son rasgos potencialmente útiles para hacer la clasificación. Tales estructuras finamente detalladas revelan similitudes entre especies que no son evidentes en estructuras más grandes y visibles.

## Las semejanzas moleculares también son útiles para reconstruir la filogenia

Las características anatómicas que comparten organismos emparentados son expresiones de semejanzas genéticas subyacentes, por lo que es razonable esperar que las relaciones evolutivas entre las especies también se reflejen en semejanzas genéticas. Por desgracia, las comparaciones genéticas directas no fueron posibles durante la mayor parte de la historia de la biología. Sin embargo, a partir de la década de 1980, los avances en las técnicas de genética molecular han puesto en marcha una revolución en los estudios de las relaciones evolutivas.

Como resultado de estos avances técnicos, los sistemáticos actuales tienen la posibilidad de usar la secuencia de nucleótidos del DNA (es decir, el genotipo) para investigar el parentesco entre diferentes tipos de organismos. Las especies estrechamente emparentadas tienen secuencias similares de DNA. En algunos casos, la semejanza de las secuencias de DNA se verá reflejada en la estructura de los cromosomas. Por ejemplo, tanto las secuencias de DNA como los cromosomas de los chimpancés y los seres humanos son sumamente parecidos, lo que demuestra que estas dos especies están estrechamente emparentadas (FIGURA 18-3). Algunos de los métodos y descubrimientos fundamentales del análisis genético se examinan en la sección “Investigación científica: La genética molecular pone al descubierto las relaciones evolutivas”. El proceso por el que los sistemáticos usan las semejanzas genéticas y anatómicas para reconstruir la historia evolutiva se analiza en “De cerca: Reconstrucción de los árboles filogenéticos”.



**FIGURA 18-3** Los cromosomas de los seres humanos y de los chimpancés son similares

Los cromosomas de especies diferentes se comparan por medio de la distribución de bandas que se hace visible por tinción. La comparación que se ilustra aquí, entre cromosomas humanos (miembro izquierdo de cada par; H) y cromosomas de chimpancé (C), indica que las dos especies son muy similares genéticamente. De hecho, se ha determinado la secuencia de los genomas completos de ambas especies y son idénticos en un 96 por ciento. El sistema de numeración que se muestra es el que se utiliza en los cromosomas humanos; observa que el cromosoma 2 humano corresponde a una combinación de dos cromosomas de chimpancé.

El sistema de cinco reinos, en tanto que refleja con más exactitud nuestro conocimiento de la historia evolutiva, constituyó un avance respecto al antiguo sistema de dos reinos. Sin embargo, conforme nuestro conocimiento aumenta, se vuelve necesario modificar nuestra perspectiva de las categorías más fundamentales de la vida. La obra innovadora del biólogo Carl Woese demuestra que los biólogos pasaron por alto un suceso fundamental en la historia primitiva de la vida, el cual demanda una nueva y más exacta clasificación.

## El sistema de tres dominios refleja con más precisión la historia de la vida

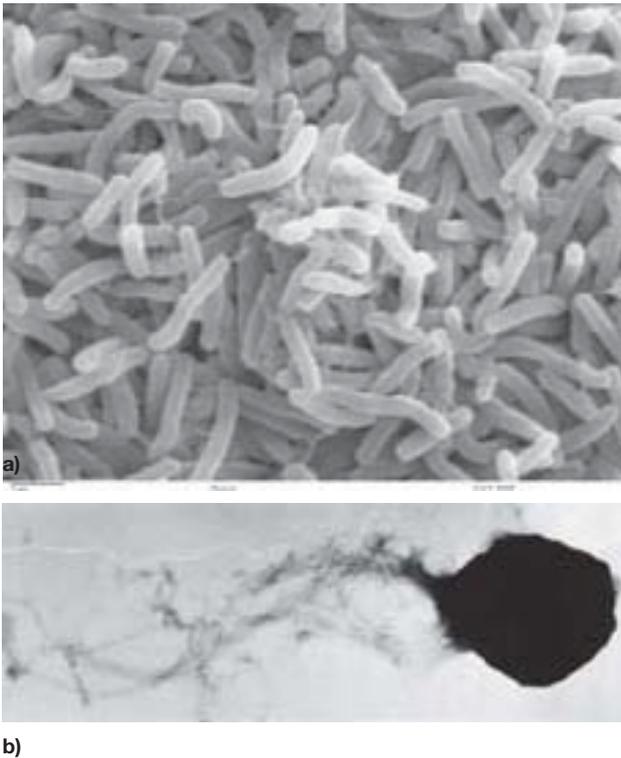
Woese y otros biólogos interesados en la historia evolutiva de los microorganismos han estudiado la bioquímica de los orga-

## 18.2 ¿CUÁLES SON LOS DOMINIOS DE LA VIDA?

Antes de 1970, todas las formas de vida se clasificaban en dos reinos: Animalia y Plantae. Se consideraba a todas las bacterias, hongos y eucariotas fotosintéticos como plantas, y todos los demás organismos se clasificaban como animales. Sin embargo, conforme los científicos aprendían más acerca de los hongos y los microorganismos, se hizo evidente que el sistema de dos reinos simplificaba en exceso la verdadera naturaleza de la historia evolutiva. Para contribuir a corregir este problema, Robert H. Whittaker propuso en 1969 un esquema de clasificación de cinco reinos que fue adoptado finalmente por casi todos los biólogos.

### El sistema de cinco reinos mejoró los esquemas de clasificación

El sistema de cinco reinos de Whittaker coloca a todos los organismos procarióticos en un solo reino y divide a los eucariotas en cuatro reinos. La designación de un reino aparte (llamado Monera) para los organismos procarióticos reflejó el reconocimiento de que la trayectoria evolutiva de estos organismos diminutos y unicelulares había divergido de los eucariotas muy temprano en la historia de la vida. Entre los eucariotas, el sistema de cinco reinos reconoció tres reinos de organismos multicelulares (Plantae, Fungi y Animalia) y colocó a todos los restantes, la mayoría de los cuales son eucariotas unicelulares, en un solo reino (Protista).



**FIGURA 18-4** Dos dominios de organismos procarióticos

Aunque de apariencia similar, **a)** *Vibrio cholerae* y **b)** *Methanococcus jannaschi* tienen un parentesco más lejano que el que existe entre el champiñón y el elefante. *Vibrio* pertenece al dominio Bacteria y *Methanococcus*, al dominio Archaea.

nismos procarióticos. Estos investigadores, concentrando su atención en las secuencias de nucleótidos del RNA presente en los ribosomas, establecieron que lo que hasta entonces se había considerado como el reino Monera se compone en realidad de dos clases muy diferentes de organismos. Woese dio a estos dos grupos los nombres de Bacteria y Archaea (**FIGURA 18-4**).

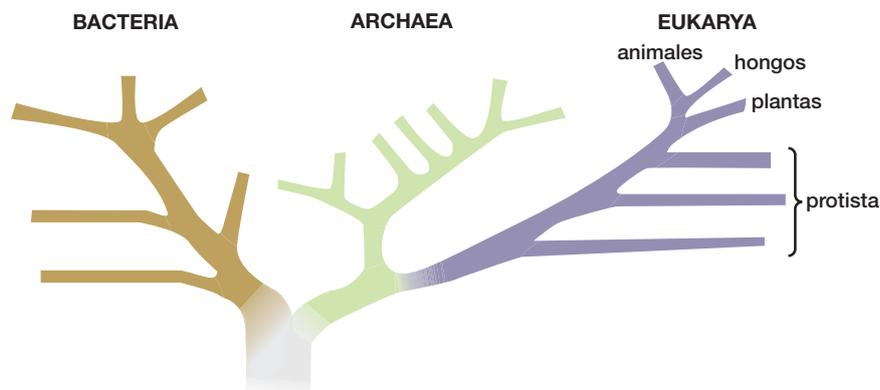
Pese a las semejanzas superficiales en cuanto a su apariencia bajo el microscopio, el grupo Bacteria y el Archaea son ra-

dicalmente diferentes. Los integrantes de estos dos grupos no tienen un parentesco más cercano entre sí que el que tienen con cualquier eucariota. El árbol de la vida se dividió en tres partes muy al principio de la historia de la vida, mucho antes de que se originaran las plantas, los animales y los hongos. Como resultado de esta nueva comprensión, el sistema de cinco reinos se reemplazó por una clasificación que divide la vida en tres dominios: **Bacteria**, **Archaea** y **Eukarya** (**FIGURA 18-5**).

### La clasificación en términos de reinos aún no está totalmente establecida

El cambio a un sistema de tres dominios hizo indispensable que los sistemáticos reexaminaran los reinos dentro de cada dominio, y el proceso de establecer tales reinos aún no concluye. Si aceptamos que las considerables diferencias entre plantas, animales y hongos demandan que cada uno de estos linajes evolutivos conserve su estatus de reino, entonces la lógica de clasificación requiere también que asignemos el estatus de reino a grupos que se derivaron del árbol de la vida antes que estos tres grupos de eucariotas pluricelulares. Siguiendo esta lógica, los sistemáticos reconocen unos 15 reinos entre el dominio Bacteria y tres o más entre el Archaea. Los sistemáticos también reconocen reinos adicionales dentro del dominio Eukarya, lo que refleja un número de divisiones evolutivas muy tempranas dentro del conjunto diverso de eucariotas unicelulares antes agrupados en el reino Protista. Sin embargo, los sistemáticos aún tienen que llegar a un consenso en torno a las definiciones precisas de los nuevos reinos procariota y eucariota, aunque está surgiendo nueva información acerca de la historia evolutiva de los organismos unicelulares. De manera que la clasificación a nivel de reinos se encuentra en un estado de transición, en tanto que los sistemáticos tratan de incorporar la información más reciente.

Las descripciones de este libro acerca de la diversidad de la vida —que aparecen en los capítulos 19 a 24— esquivan el estado aún no definitivo de los reinos de la vida. Los dominios procariotas Archaea y Bacteria se explican sin hacer referencia a las relaciones a nivel de reinos. Los hongos, las plantas y los animales, entre los eucariotas, se consideran unidades evolutivas distintas y el término genérico “protista” designa el conjunto diverso de eucariotas que no son miembros de estos



**FIGURA 18-5** El árbol de la vida

Los tres dominios de la vida representan las “ramas” más primitivas de la historia evolutiva.

Los sistemáticos están empeñados en desarrollar un sistema de clasificación que refleje la filogenia (es decir, la historia evolutiva) de los organismos. De ahí que su principal tarea sea reconstruir la filogenia. Reconstruir la historia evolutiva de todos los organismos que habitan la Tierra es, desde luego, una tarea colosal, así que cada sistemático, por lo general, elige trabajar con una porción específica de la historia.

El resultado de una reconstrucción filogenética generalmente se representa en un diagrama. Estos diagramas pueden adoptar diversas formas, pero todos muestran la secuencia de los eventos de ramificación a partir de los cuales las especies ancestrales dieron origen a las especies descendientes. Por esta razón, los diagramas de filogenia normalmente tienen forma de árbol.

Estos árboles representan la filogenia de cualquier conjunto de taxa (el singular es taxón) específicos. Un taxón es una especie con nombre, como *Homo sapiens*, o un grupo de especies con nombre, como los primates, los escarabajos o los helechos. Así que los árboles filogenéticos permiten mostrar la historia evolutiva a diferentes niveles. Por ejemplo, los sistemáticos podrían reconstruir un árbol de 10 especies comprendidas en un género particular de almejas o un árbol de 25 filum de animales o un árbol de tres dominios de la vida.

Después de seleccionar los taxa que se van a incluir, un sistemático está listo para comenzar a construir el árbol. La mayoría de los sistemáticos utilizan el enfoque *cladístico* para reconstruir árboles filogenéticos. De acuerdo con este enfoque, las relaciones entre taxa se ponen de manifiesto mediante la presencia de semejanzas conocidas como *sinapomorfias*. Una sinapomorfia es una característica similar en dos o más taxa porque éstos heredaron una versión "derivada" del rasgo que se modificó a partir de su estado original en un ancestro común. La formación de sinapomorfias se ilustra en la **FIGURA E18-1**.

En el escenario hipotético que se ilustra en la figura E18-1, podemos identificar fácilmente las sinapomorfias porque cono-

ceamos el estado ancestral de la característica y los cambios posteriores que tuvieron lugar. Sin embargo, en la vida real, los sistemáticos no tienen conocimiento directo del ancestro, que vivió en el pasado remoto y cuya identidad se desconoce. Sin este conocimiento directo, un sistemático que observa una semejanza entre dos taxa se enfrenta a un desafío. ¿La semejanza observada es una sinapomorfia o tiene alguna otra causa, como la evolución convergente o la herencia común del estado ancestral? El enfoque cladístico provee técnicas para identificar las sinapomorfias, pero la posibilidad de una interpretación errónea subsiste. Para evitar que surjan problemas al identificar equivocadamente las sinapomorfias, los sistemáticos emplean numerosas características al construir un árbol, con lo que reducen al mínimo la influencia de cualquiera de los rasgos individuales.

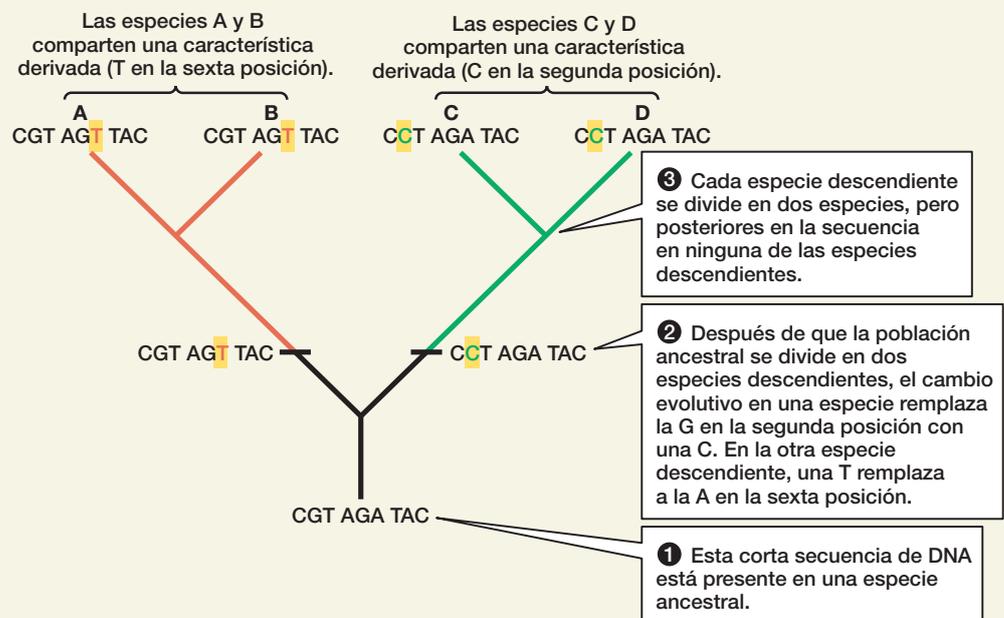
En la última fase del proceso de construcción de un árbol, el sistemático compara diferentes árboles posibles. Por ejemplo, tres taxa pueden ordenarse en tres diferentes patrones de ramificación (**FIGURA E18-2**). Cada patrón de ramificación representa una hipótesis diferente acerca de la historia evolutiva de los taxa A, B y C. Imagina, por ejemplo, que el sistemático identifica varias sinapomorfias que vinculan a los taxa A y B, pero que no se presentan en el taxón C; además, ha encontrado sólo algunas sinapomorfias que vinculan al taxón B con el C o al taxón A con el C. En este caso, el árbol 1 representa la hipótesis con más fundamento.

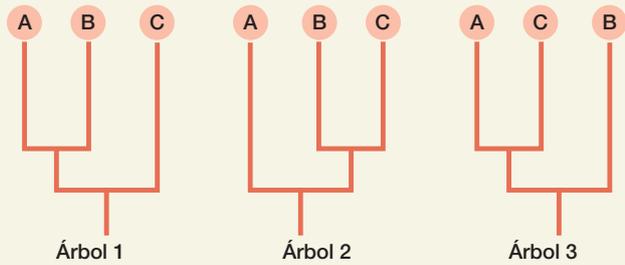
Con grandes cantidades de taxa, el número de posibles árboles crece considerablemente. De manera similar, un gran número de características también complica el trabajo de identificar el árbol que se fundamenta más en los datos. Sin embargo, por fortuna, los sistemáticos han desarrollado programas de cómputo complejos que les ayudan a lidiar con estas dificultades.

De acuerdo con el enfoque cladístico, los árboles filogenéticos desempeñan un papel clave en la clasificación. Cada grupo

**FIGURA E18-1** Los taxa emparentados se vinculan mediante características derivadas compartidas (sinapomorfias)

Una característica derivada es aquella que se ha modificado a partir de la versión ancestral del rasgo. Cuando dos o más taxa comparten una característica derivada, se dice que el rasgo compartido es una sinapomorfia. El escenario hipotético que se ilustra aquí muestra cómo surgen las sinapomorfias.



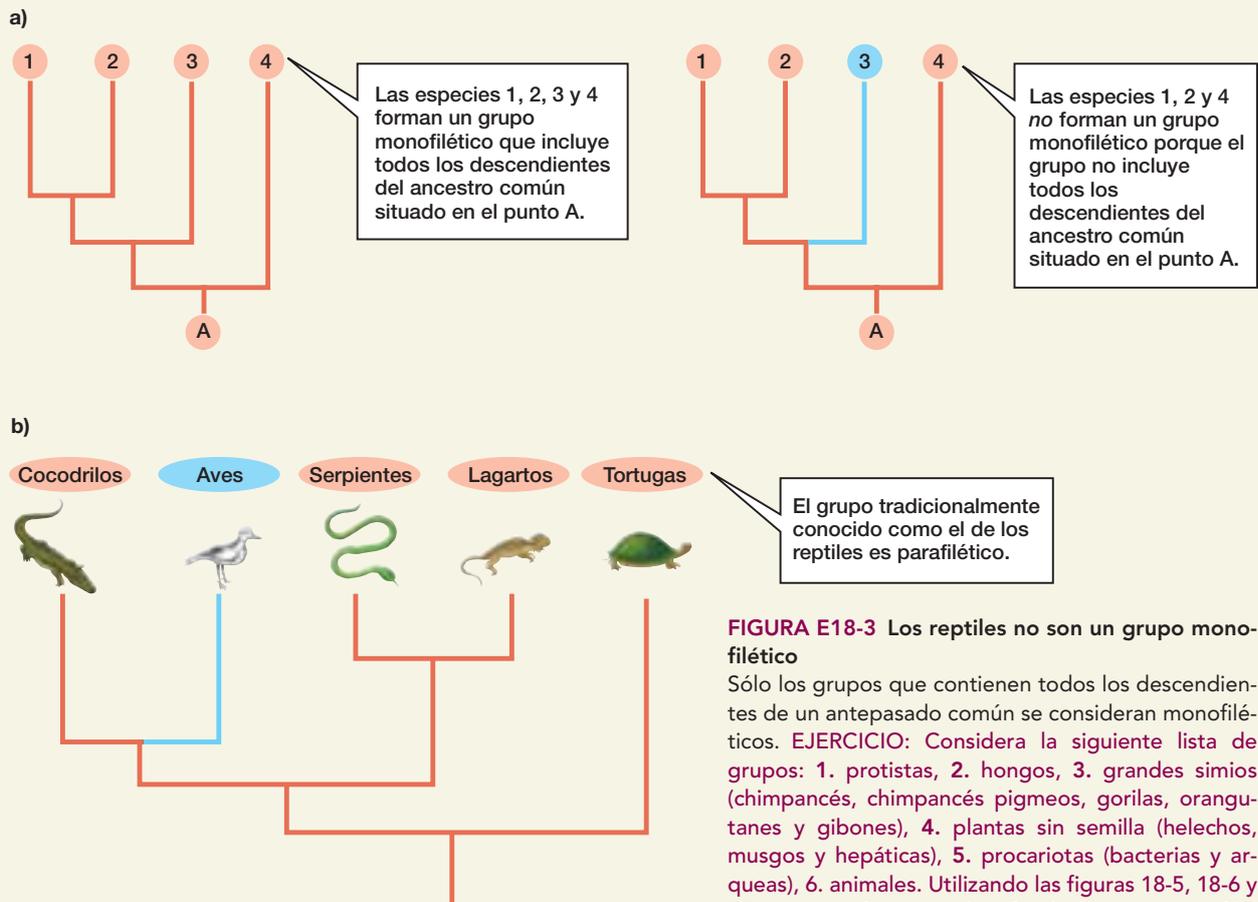


**FIGURA E18-2** Los tres posibles árboles para tres taxa

designado en una clasificación sólo debe contener los organismos que están más estrechamente emparentados entre sí que con cualquier otro organismo fuera del grupo. De esta manera, por ejemplo, los miembros de la familia Canidae (que incluye perros, lobos, zorros y coyotes) están más estrechamente emparentados entre sí que con cualquier miembro de otra familia. Otra forma de enunciar este principio es decir que cada grupo designado debe contener *todos* los descendientes vivos de un

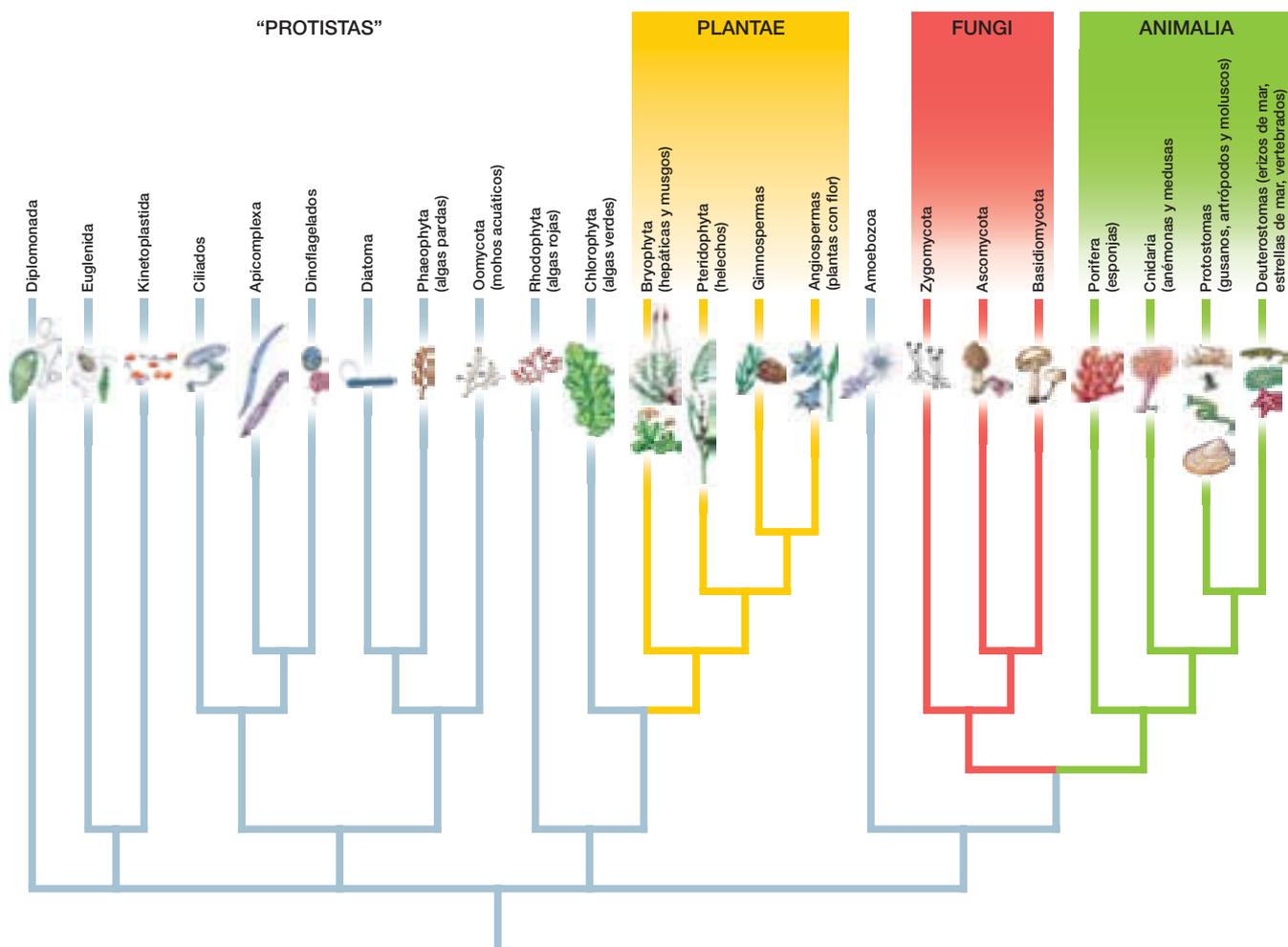
antepasado común (**FIGURA E18-3a**). En la terminología de la sistemática cladística se dice que tales grupos son *monofiléticos*.

Algunos nombres, especialmente aquellos que se acuñaron antes del enfoque cladístico, designan grupos que contienen algunos de los descendientes, pero no todos, de un antepasado común. Tales grupos son *parafiléticos*. Un grupo parafilético bien conocido es el de los reptiles (**FIGURA E18-3b**). Como se definen históricamente, los reptiles excluyen a las aves, las cuales, ahora se sabe, pertenecen directamente al árbol de la familia de los reptiles. Por consiguiente, los reptiles no incluyen todos los descendientes vivos del antepasado común que dio origen a las serpientes, lagartos, tortugas, cocodrilos y aves. Por eso, los sistemáticos preferirían dejar a un lado la antigua clase Reptilia y utilizar un esquema que nombre sólo los grupos monofiléticos. Sin embargo, es probable que la palabra "reptiles" se quede con nosotros todavía durante algún tiempo, en tanto que mucha gente está acostumbrada a utilizarlo (incluidos los sistemáticos). Después de todo, el término constituye una forma conveniente de describir un grupo de animales que comparten algunas adaptaciones interesantes, aun cuando ese grupo no sea monofilético.



**FIGURA E18-3** Los reptiles no son un grupo monofilético

Sólo los grupos que contienen todos los descendientes de un antepasado común se consideran monofiléticos. **EJERCICIO:** Considera la siguiente lista de grupos: 1. protistas, 2. hongos, 3. grandes simios (chimpancés, chimpancés pigmeos, gorilas, orangutanes y gibones), 4. plantas sin semilla (helechos, musgos y hepáticas), 5. procariotas (bacterias y arqueas), 6. animales. Utilizando las figuras 18-5, 18-6 y 22-1 como referencia, identifica los grupos monofiléticos en la lista.



**FIGURA 18-6** El árbol eucariótico de la vida en detalle

Aquí se muestran algunos de los principales linajes evolutivos dentro del dominio Eukarya. El término “protista” se refiere a los numerosos eucariotas que no son plantas ni animales ni tampoco hongos.

tres reinos. La **FIGURA 18-6** muestra las relaciones evolutivas entre algunos miembros del dominio Eukarya.

### 18.3 ¿POR QUÉ CAMBIAN LAS CLASIFICACIONES?

Como lo demuestra el surgimiento del sistema de tres dominios, las hipótesis de relaciones evolutivas que son la base de la clasificación están sujetas a revisión conforme surgen nuevos datos. Incluso los dominios y reinos, que representan ramificaciones antiguas y profundas del árbol de la vida, en ocasiones deben modificarse. Los cambios de este tipo en los niveles superiores de clasificación se producen sólo raras veces, pero en el otro extremo de la clasificación jerárquica, entre las designaciones de las especies, las revisiones son más frecuentes.

#### La designación de las especies cambia cuando se descubre nueva información

Conforme los investigadores descubren nueva información, los sistemáticos por lo regular proponen cambios en la clasificación en el nivel de las especies. Por ejemplo, todavía hasta

hace poco, los sistemáticos reconocían dos especies de elefantes: el africano y el asiático. Ahora, sin embargo, reconocen tres especies de elefantes; el que antes se conocía como elefante africano ahora se divide en dos especies: el elefante de la sabana y el elefante de la selva. ¿A qué se debe el cambio? El análisis genético de los elefantes en África reveló que hay poco flujo de genes entre los elefantes que habitan en la selva y los que viven en la sabana. Los dos grupos no son más parecidos genéticamente que los leones y los tigres.

#### La definición de especie biológica en ocasiones es difícil o imposible de aplicar

En ciertos casos, los sistemáticos se encuentran ante la imposibilidad de afirmar con certeza dónde termina una especie y dónde comienza otra. Como señalamos en el capítulo 16, los organismos de reproducción asexual plantean una dificultad especial para los sistemáticos, porque el criterio de cruce (la base de la definición de “especie biológica” que hemos utilizado en este texto) no sirve para distinguir entre las especies. Lo inoperante de este criterio en los estudios de organismos asexuales deja amplio espacio para el desacuerdo de los investigadores acerca de cuáles poblaciones asexuales constituyen una especie, sobre todo cuando se comparan grupos que

## INVESTIGACIÓN CIENTÍFICA

### La genética molecular pone al descubierto las relaciones evolutivas

La evolución es el resultado de la acumulación de cambios heredados en las poblaciones. Puesto que el DNA es la molécula de la herencia, los cambios evolutivos deben reflejarse necesariamente en cambios del DNA. Los sistemáticos han sabido desde hace mucho tiempo que la comparación del DNA dentro de un grupo de especies sería un método muy poderoso para inferir las relaciones evolutivas, pero el acceso directo a la información genética fue sólo un sueño durante casi toda la historia de la sistemática. Sin embargo, en la actualidad, la determinación de **secuencias de DNA**, es decir, el establecimiento de las secuencias de nucleótidos en los segmentos de DNA, es un procedimiento relativamente económico, fácil y ampliamente disponible. La *reacción en cadena de la polimerasa* (PCR; véase el capítulo 13) permite a los sistemáticos acumular con facilidad grandes muestras de DNA de organismos, y máquinas automatizadas hacen de la determinación de secuencias una tarea relativamente sencilla. Esta técnica se ha convertido rápidamente en una de las herramientas principales para conocer la filogenia.

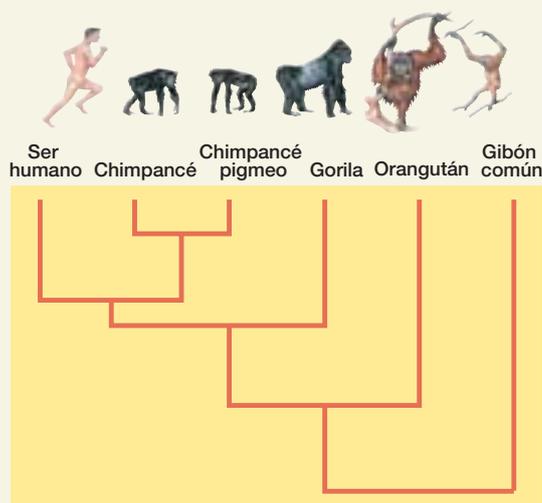
La lógica en la que se fundamenta la sistemática molecular es sencilla. Se basa en la observación de que cuando una sola especie se divide en dos, la poza génica de cada especie resultante comienza a acumular mutaciones. Sin embargo, las mutaciones concretas de cada especie serán diferentes porque cada una evoluciona ahora de forma independiente, sin flujo de genes entre ambas. Conforme pasa el tiempo, se acumulan cada vez más diferencias genéticas. De esta forma, si un sistemático obtiene secuencias de DNA de representantes de ambas especies, puede comparar las secuencias de nucleótidos de las dos especies en cualquier punto dado del genoma. Un número menor de diferencias indica organismos más estrechamente emparentados.

Para poner en práctica los sencillos principios antes descritos, generalmente se necesita un razonamiento algo más refinado. Por ejemplo, la comparación de secuencias se vuelve mucho más compleja cuando un investigador se da a la tarea de evaluar las relaciones entre 20 o 30 especies. Por fortuna, los matemáticos y los programadores de computadoras han ideado algunos métodos muy ingeniosos para comparar un gran número de secuencias y deducir la filogenia que mejor explica las diferencias de secuencias observadas.

Los sistemáticos moleculares también deben tener cuidado al elegir el segmento de DNA cuya secuencia se establecerá. Las diversas partes del genoma evolucionan con diferente rapidez, y es muy importante analizar la secuencia de un segmento de DNA cuya rapidez de cambio concuerde con la cuestión filoge-

nética que se esté tratando. En general, los genes de evolución lenta son los mejores para comparar organismos con parentesco lejano, y las partes del genoma que cambian con rapidez son las más idóneas para analizar relaciones más cercanas de parentesco. A veces resulta difícil localizar un gen individual que aporte la información suficiente para reproducir una imagen exacta del cambio evolutivo en todo el genoma, por lo que con frecuencia es indispensable examinar varios genes para construir filogenias confiables, como la que se ilustra en la **FIGURA E18-4**.

En la actualidad, los datos de secuencias se están acumulando con una rapidez sin precedentes, y los sistemáticos tienen acceso a secuencias de un número siempre creciente de especies. Se ha establecido ya la secuencia de los genomas completos de más de 180 especies, y se espera que este número llegue a 1000 en la próxima década. El Proyecto del Genoma Humano ha concluido, y nuestras secuencias de DNA ahora están disponibles en un registro público. La revolución de la biología molecular ha promovido un gran salto hacia delante en nuestro conocimiento de la historia evolutiva.



**FIGURA E18-4** La comparación de secuencias de DNA permite establecer el parentesco

Este árbol evolutivo se dedujo a partir de las secuencias de nucleótidos de varios genes diferentes que son comunes a los seres humanos y a los antropoides.

tienen fenotipos similares. Por ejemplo, algunos sistemáticos reconocen 200 especies de zarzamora británica (una planta que produce semillas por partenogénesis, es decir, sin fecundación), pero otros reconocen sólo 20 especies.

La dificultad para aplicar la definición de especie biológica a los organismos asexuales constituye un serio problema para los sistemáticos. Después de todo, una fracción importante de los organismos de nuestro planeta se reproduce por medios no sexuales. Casi todas las bacterias, arqueas y protistas, por ejemplo, se reproducen asexualmente casi siempre. Algunos sistemáticos consideran que se necesita una definición de especie de aplicación más universal, que no excluya

los organismos asexuales ni dependa del criterio de aislamiento reproductivo.

#### **El concepto de especie filogenética ofrece una definición alternativa**

Se han propuesto otras definiciones de especie a lo largo de la historia de la biología evolutiva, pero ninguna ha resultado lo suficientemente convincente como para desplazar la definición de especie biológica. No obstante, una definición alternativa ha ganado adeptos en años recientes. El *concepto de especie filogenética* define una especie como “el grupo diagnóstico más pequeño que contiene todos los descendientes

de un ancestro común”. En otras palabras, si dibujamos un árbol evolutivo que describa la distribución de los ancestros entre un conjunto de organismos, cada rama definida del árbol constituye una especie diferente, independientemente de que los individuos representados por esa rama puedan cruzarse o no con individuos de otras ramas. Como se intuye, la aplicación rigurosa del concepto de especie filogenética haría aumentar considerablemente el número de especies diferentes reconocidas por los sistemáticos.

Los defensores y los críticos del concepto de especie filogenética se encuentran inmersos actualmente en un vigoroso debate acerca de su pertinencia. Quizá algún día el concepto de especie filogenética tomará el lugar del concepto de especie biológica como “definición de libro de texto” de la especie. Mientras tanto, el debate y la revisión de las clasificaciones proseguirán a medida que los sistemáticos conozcan cada vez mejor las relaciones evolutivas, en particular con la aplicación de técnicas derivadas de la biología molecular. Aunque todavía se nos escapa el conocimiento preciso de las relaciones evolutivas de muchos organismos, la clasificación resulta enormemente útil para ordenar nuestras ideas e investigaciones en torno a la diversidad de la vida en la Tierra.

#### 18.4 ¿CUÁNTAS ESPECIES EXISTEN?

Los científicos ignoran, incluso en términos de un orden de magnitud, cuántas especies comparten nuestro mundo. Cada año, entre 7000 y 10,000 especies nuevas reciben un nombre, casi todas de insectos, y muchas de las cuales habitan en las selvas tropicales. El número total de especies con nombre es actualmente de alrededor de 1.5 millones. Sin embargo, muchos científicos piensan que tal vez existan entre 7 y 10 millones de especies, y algunas estimaciones alcanzan los 100 millones. Esta gama total de diversidad de especies se conoce como **biodiversidad**. De todas las especies que se han identificado hasta ahora, aproximadamente un 5 por ciento son procariontas y protistas. Otro 22 por ciento son plantas y hongos, y el resto son animales. Esta distribución tiene poco que ver con la abundancia real de tales organismos y mucho con su tamaño, su facilidad de clasificación, su accesibilidad y el número de científicos que los estudian. Históricamente, los sistemáticos han concentrado su atención sobre todo en los organismos grandes o llamativos de las regiones templadas, pero la biodiversidad es mayor entre los organismos pequeños y poco perceptibles de los trópicos. Además de las especies terrestres o que viven en aguas poco profundas a las que se ha prestado escasa atención, existe otro “continente” entero de especies, prácticamente inexplorado, en el lecho de los mares profundos. Sobre la base de las escasas muestras disponibles, los científicos estiman que tal vez residen ahí cientos de miles de especies desconocidas.

Aunque se han descrito y nombrado alrededor de 5000 especies de procariontas, gran parte de la diversidad procariontota queda aún sin explorar. Consideremos un estudio realizado por científicos noruegos, quienes analizaron el DNA con el objetivo de contar el número de especies de bacterias diferentes presentes en una pequeña muestra de suelo del bosque.

Con el fin de distinguir las especies, los científicos definieron arbitrariamente el DNA bacteriano como proveniente de especies distintas si difería, al menos, en un 30 por ciento respecto a cualquier otro DNA bacteriano de la muestra. Con base en este criterio, los científicos informaron de la existencia de más de 4000 tipos de bacterias en su muestra de suelo y de un número igual de formas en una muestra de sedimento marino poco profundo.

Nuestra ignorancia acerca de la amplitud total de la diversidad de la vida agrega una nueva dimensión a la tragedia de la destrucción de las selvas lluviosas tropicales. Aunque estas selvas cubren sólo el 6 por ciento del área terrestre de nuestro planeta, se piensa que albergan dos terceras partes de las especies que existen en el mundo, la mayoría de las cuales no se han estudiado ni identificado. A causa de la destrucción tan rápida que sufren estas selvas, ¡la Tierra está perdiendo muchas especies de las que nunca sabremos siquiera que existieron! Por ejemplo, en 1990 se descubrió una especie de primate, el tití león o tamarín de cara negra, en una pequeña zona de selva lluviosa tropical densa de una isla cercana a la costa oriental de Brasil (FIGURA 18-7). Si esta porción de selva hubiera desaparecido antes de descubrir este mono del tamaño de una ardilla, no habría sido posible registrar su existencia. A los ritmos actuales de deforestación, la mayor parte de las selvas tropicales, con su riqueza de vida aún sin describir, habrán desaparecido antes que termine el siglo XXI.



**FIGURA 18-7** Tití león o tamarín de cara negra

Los investigadores estiman que no quedan más de 260 individuos en forma silvestre; la cría en cautiverio podría ser la única esperanza de supervivencia para el tamarín de cara negra.



# REPASO DEL CAPÍTULO

## RESUMEN DE CONCEPTOS CLAVE

### 18.1 ¿Cómo se nombran y clasifican los organismos?

Los organismos se clasifican en categorías jerárquicas que reflejan sus relaciones evolutivas. Las ocho categorías principales, de la más a la menos incluyente, son: dominio, reino, filum, clase, orden, familia, género y especie. El nombre científico de un organismo se forma con el nombre de su género y el nombre de la especie. Las semejanzas anatómicas y moleculares entre organismos son una medida de su parentesco evolutivo.

#### Web tutorial 18.1 Clasificación taxonómica

### 18.2 ¿Cuáles son los dominios de la vida?

Los tres dominios de la vida, que representan las tres ramas principales del árbol de la vida, son Bacteria, Archaea y Eukarya. Cada dominio contiene un cierto número de reinos, pero los detalles de la clasificación a nivel de reinos están en un periodo de transición y aún no se esclarecen por completo. Sin embargo, dentro del dominio Eukarya, los reinos Fungi, Plantae y Animalia se aceptan universalmente como grupos monofiléticos válidos.

#### Web tutorial 18.2 El árbol de la vida

### 18.3 ¿Por qué cambian las clasificaciones?

Las clasificaciones están sujetas a revisión conforme se descubre más información. En ocasiones resulta difícil definir las fronteras entre especies, particularmente en el caso de las especies de reproducción asexual. Sin embargo, la sistemática es indispensable para una comunicación precisa y contribuye a nuestro conocimiento de la historia evolutiva de la vida.

### 18.4 ¿Cuántas especies existen?

Aunque sólo se han identificado alrededor de 1.5 millones de especies, las estimaciones del número total de especies existentes alcanzan los 100 millones. Se identifican nuevas especies a razón de 7000 a 10,000 por año, principalmente en las selvas lluviosas tropicales.

## TÉRMINOS CLAVE

**Archaea** *pág. 361*

**Bacteria** *pág. 361*

**biodiversidad** *pág. 366*

**clase** *pág. 358*

**dominio** *pág. 358*

**especie** *pág. 358*

**Eukarya** *pág. 361*

**familia** *pág. 358*

**filogenia** *pág. 358*

**filum** *pág. 358*

**género** *pág. 358*

**nombre científico** *pág. 358*

**orden** *pág. 358*

**reino** *pág. 358*

**secuencia de DNA** *pág. 365*

**sistemática** *pág. 358*

## RAZONAMIENTO DE CONCEPTOS

¿Cuáles fueron las aportaciones de Aristóteles, Linneo y Darwin a la taxonomía moderna?

¿Qué características estudiarías para determinar si un delfín está emparentado más estrechamente con un pez que con un oso?

¿Qué técnicas utilizarías para determinar si el extinto oso cavernario tiene un parentesco más cercano con el oso gris que con el oso negro?

4. Se ha descrito científicamente sólo una pequeña fracción del número total de especies que existen en la Tierra. ¿Por qué?

5. En Inglaterra, “papacito piernas largas” es el nombre de una mosca de patas largas, pero en Estados Unidos el mismo nombre se refiere a un animal parecido a una araña. ¿Cómo intentan los científicos evitar este tipo de confusiones?

## APLICACIÓN DE CONCEPTOS

1. Son numerosos los campos en los que hay desacuerdo en torno a la clasificación de los organismos. Por ejemplo, no existe un consenso respecto a si el lobo rojo es una especie distinta, ni tampoco acerca de cuántos reinos comprende el dominio Bacteria. ¿Qué importancia tiene que los biólogos consideren al lobo rojo como una especie, o que determinen el reino al que pertenece una especie bacteriana? En palabras de Shakespeare: “¿Qué hay en un nombre?”
2. Las presiones que generan el crecimiento demográfico humano y la expansión económica ponen en peligro los almacenes de biodiversidad biológica, como los trópicos, por ejemplo. La gravedad de la situación se hace patente al considerar que en la actualidad la ciencia conoce probablemente sólo una de cada 20 especies tropicales. ¿Qué argumentos podrías esgrimir para preservar la diversidad biológica en los países pobres y en vías de desarrollo, como los que hay en las zonas tropicales? ¿Esa preservación exige a esos países el sacrificio de su desarrollo económico? Sugiere algunas soluciones al conflicto entre la demanda creciente de recursos y la importancia de conservar la biodiversidad.
3. Durante las inundaciones de gran magnitud, sólo las ramas más altas de los árboles son visibles por encima del agua. Si se te pidiera dibujar las ramas que están bajo la superficie del agua sólo con base en las posiciones de las puntas expuestas, estarías intentando una reconstrucción de algún modo similar a la del “árbol genealógico”, mediante el cual los taxónomos vinculan diversos organismos con sus ancestros comunes (puntos de ramificación análogos). ¿Cuáles son las fuentes de error en ambos ejercicios? ¿De qué ventajas gozan los taxónomos modernos?
4. La pantera de Florida, que se encuentra únicamente en la región pantanosa de ese estado (los Everglades), está clasificada actualmente como especie en peligro de extinción con el fin de protegerla de las actividades humanas que podrían provocar su desaparición. Esta pantera ha sido considerada desde hace mucho tiempo como una subespecie del puma (león de la montaña), pero estudios recientes del DNA mitocondrial han demostrado que la pantera de Florida puede ser en realidad un híbrido entre el puma estadounidense y el sudamericano. ¿La Ley sobre Especies en Peligro de Extinción debería proteger a la pantera de Florida?

## PARA MAYOR INFORMACIÓN

Dawkins, R. *The Ancestor's Tale*. Boston: Houghton Mifflin, 2004. Una panorámica descrita con gran maestría sobre la historia de la vida como la revela la sistemática.

Gould, S. J. “What Is a Species?” *Discover*, diciembre de 1992. Analiza las dificultades de distinguir especies diferentes.

Mann, C. y Plummer, M. *Noah's Choice: The Future of Endangered Species*. Nueva York: Knopf, 1995. Una mirada provocativa a las difíciles elecciones que tenemos que hacer en relación con la protección de la biodiversidad. ¿Cuáles especies elegiríamos preservar? ¿Qué precio estaríamos dispuestos a pagar?

Margulis, L. y Sagan, D. *What Is Life?* Londres: Weidenfeld & Nicolson, 1995. Un estudio espléndidamente ilustrado de la diversidad de la vida. También incluye una reseña de la historia de la vida y una reflexión en torno a la pregunta que sirve de título al libro.

May, R. M. “How Many Species Inhabit the Earth?” *Scientific American*, octubre de 1992. Aunque nadie sabe la respuesta exacta a esta pregunta, una estimación atinada es crucial para nuestros esfuerzos por administrar nuestros recursos biológicos.