

2

EL MÉTODO NATURAL DE CLASIFICACIÓN Y LOS CARACTERES DE COMPARACIÓN UNIVERSAL

Ulises Iturbe y Antonio Lazcano

“En primer lugar voy a fijarme en los caracteres (diferencias) existentes en los animales y precisamente aquellos que competen a todos; luego intentaré encontrar sus causas (es decir, su estructura), pues, éste es el *método natural* cuando se trata de la descripción de los animales.”

Aristóteles. *Historia Animalium*

“No poseemos pedigrís ni escudos de armas; tenemos que descubrir y trazar las muchas líneas divergentes de descendencia en nuestras genealogías naturales a partir de caracteres de cualquier tipo que hayan sido heredados por largo tiempo”.

Charles Darwin. *El origen de las especies*

Introducción

El interés por construir una clasificación universal o global verdadera que nos permita comprender la totalidad del mundo biológico, es decir, cómo las distintas especies de seres vivos se ubican en grandes grupos biológicos monofiléticos y las relaciones filogenéticas que guardan estos grupos entre sí, ha orientado la discusión científica reciente acerca de cuál es el método que debe emplearse para tal fin. En este capítulo se abordará esta discusión, se analizará la historia de distintas propuestas alternativas, el tipo de caracteres empleados para clasificar y se compararán los resultados filogenéticos de cada una de ellas.

La historia natural

Desde hace más de dos milenios, en los albores del mundo occidental, se estructuró por primera vez la idea de reconocer las características generales de un grupo biológico. Los filósofos naturales concibieron la animalidad como esa gran cualidad unificadora de los seres que, como los humanos, poseían las características funcionales de sensibilidad, irritabilidad y movimiento. En contraste con estos rasgos distintivos se concibió, asimismo, la vegetalidad, como la

agrupación del otro tipo de formas vivas sensibles, pero no animadas. Con esta separación cualitativa se estableció el supuesto básico de que la naturaleza viviente estaba conformada por dos grandes clases o categorías naturales.

Los esfuerzos iniciales que condujeron al desarrollo de la historia natural tuvieron el impulso maestro del primer gran naturalista de la antigüedad, Aristóteles de Estagira en el Siglo IV aC. Aristóteles consolidó el hecho de la separación de plantas y animales y se preocupó además por comprender la manera en que estos últimos podrían distinguirse en subgrupos internos. Para ello rechazó el aceptado método de la clasificación dicotómica, es decir, que tiene siempre sólo dos posibilidades y que aprendió en la Academia de su maestro Platón, debido a la arbitrariedad con que se escogía las características distintivas (Düring, 1987). Tomar una única característica de las dos posibles para clasificar, de las cuales una casi siempre era negativa (precisamente, la falta de la característica) le parecía introducir un enorme sesgo. Él prefería que cada grupo biológico se determinara con la ayuda de muchas características a la vez, por lo que se dedicó a la búsqueda de caracteres generales, básicamente conjuntos de órganos, que le per-

mitieran realizar el ordenamiento de los animales en categorías menores que, sin embargo, reunieran los rasgos ideales básicos para incluir en ellas a diferentes tipos similares. Esta necesidad intelectual y práctica de agrupar, ordenar y clasificar en “grandes especies” o grupos biológicos mayores (que no al nivel individual, de especie o género) llevó a Aristóteles y a sus discípulos, Teofrasto entre ellos, a comprometerse con un amplio programa comparativo de estudios morfológicos de plantas y animales que, sin duda, deben reconocerse como los iniciadores de la historia natural en la época clásica. Sobre esta vía, Aristóteles estableció el primer gran esfuerzo de clasificar a la totalidad del reino animal basándose en sus tipos de sangre (Fig. 1), lo cual, pese a su renuencia al respecto, no deja de ser un regreso a la división lógica platónica. Aristóteles llamó *enaimos* al subgrupo de animales que tienen sangre roja (y una estructura interior compuesta por órganos complejos), i. e. vertebrados y *anaimos* al subgrupo de animales que se distinguen por tener sangre de otro color (y una falta aparente de órganos internos), i. e. invertebrados (Düring, 1987; Toulmin y Goodfield, 1977).

Con todo, este intento significó un gran avance intelectual que no tuvo comparación durante veintidós siglos, hasta que Lamarck propusiera a los grupos básicos de animales con vértebras y sin ellas. Aun, con esta gran visión unificadora y clasificadora, encontrar nuevas separaciones para establecer categorías inferiores al interior de estas principales divisiones animales, fue tarea en la que Aristóteles encontró éxito limitado. La facilidad con la que

separó inicialmente grandes grupos con características muy marcadas se vio comprometida conforme sus investigaciones biológicas avanzaban; con los nuevos grupos descubiertos, el análisis comparativo mostró que las líneas de separación no ya eran tan claras. Las fronteras de la diversidad biológica, empezaron a volverse difusas e imprecisas; por ello, Aristóteles construyó la expresión retórica de una *scala naturae* (escalera natural) de los seres vivos, en la que los grandes grupos se disponía jerárquicamente de acuerdo a su animalidad o falta de ella (Toulmin y Goodfield, 1977). Convino así, que el mundo se debe ordenar partiendo de los animales con sangre roja, descendiendo intelectualmente, poco a poco por los grupos animales que tienen fluidos corporales distintos, pasando por las diferentes clases de plantas y entrando, finalmente, en el mundo mineral inanimado; siempre en un sentido de mayor a menor vitalidad y complejidad.

El historiador de la biología Peter Bowler (1998) ha argumentado que la finalidad de Aristóteles no era la de llevar a cabo un amplio programa taxonómico, sino la de sólo descubrir las características morfológicas fundamentales de los seres vivos. Las características fundamentales de un grupo biológico se debían, de acuerdo a Aristóteles, a la herencia; los seres vivos poseen una tendencia a reproducir su forma, a perpetuarse. La causa final sería la permanencia de las especies, su vigencia, su continuidad. No obstante, asumía que otros caracteres simples se explicaban como consecuencia de los fundamentales; es decir que los últimos habían actuado como causa eficiente de los prime-

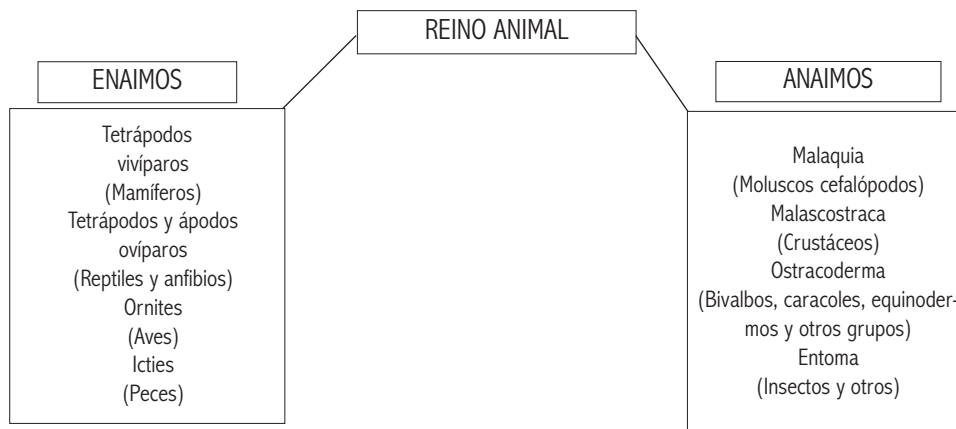


Figura 1. Representación de la clasificación de los animales de Aristóteles.

ros, con la finalidad de acoplar al organismo a un entorno natural, de funcionar adaptado a este. Cualquiera que haya sido la motivación de este naturalista, lo cierto es que él y su escuela representan el punto de origen de los programas sistemáticos de estudio de la naturaleza que llevaron a largo plazo a plantearse, científicamente, la clasificación absoluta del mundo biológico.

Más tarde, en el siglo I dC, se llevó a cabo la redacción de la *Historia naturalis* del almirante romano, anteriormente gobernador de la provincia de *Hispania*, Plinio el viejo; ésta es una obra enciclopédica compuesta por treinta y siete tomos en la que se describe a muchas especies de plantas y animales, tomando como base la recopilación de textos antiguos y también la observación propia o de informantes diversos de todos los confines del imperio. Con esta obra se considera, en retrospectiva, iniciado formalmente el estudio de la historia natural; disciplina que, más tarde, marcaría sus objetivos implícitos de conocer, describir y clasificar a los diferentes objetos del mundo natural, entre los que cabían todos aquellos que no hubieran sido hechos por la mano del hombre (Hankins, 1988).

En la *Historia naturalis* se incluían datos de animales y plantas, tales como su forma y el uso medicinal de sus partes u órganos; fue igualmente el punto de partida de los bestiarios y herbarios tan populares de la alta Edad Media. En realidad, estos últimos textos no ampliaron mucho el conocimiento antiguo, en cambio, refrendaron y magnificaron los errores cometidos por los primeros naturalistas, por ejemplo, el incremento de animales fantásticos en los catálogos. Sin embargo, estas obras sirven para ilustrar la manera en que se mantuvo explícitamente la separación de los dos tipos básicos de seres vivos, plantas y animales, durante esa época. En el siglo XVI los seguidores de las tradiciones filosóficas platónicas y aristotélicas, así como los más recientes paracelsianos defendían la noción general de que la naturaleza era una entidad unificada en la que no había separación radical entre lo orgánico y lo inorgánico (Debus, 1985). Sin embargo, siempre era posible dividir a la misma en categorías superiores de ordenamiento, lo que condujo a la creencia de que tres reinos podían ser distinguidos: minerales, plantas y animales. Por supuesto, los minerales no eran confundidos con seres vivos, pero se

pensaba en términos vitalistas que éstos eran parte integral de una misma madre naturaleza que incluía a una pléyade de objetos naturales que debían ser conocidos y clasificados de un modo racional.

Los inicios de la microscopía y de la microbiología

La invención del microscopio en forma de lentes de aumento acopladas a un armazón, originalmente con fines distintos a la investigación científica, condujo eventualmente al descubrimiento del mundo de lo pequeño. Fueron muy importantes los microscopistas que llevaron a cabo estudios microbiológicos y publicaron los resultados de sus investigaciones. En el año de 1665, el inglés Robert Hooke, miembro de la *Royal Society of London* publicó su influyente obra *Micrographia*, que incluía sesenta observaciones y cincuenta y ocho dibujos, que pronto ganó la atención del público y de otros microscopistas. En esta obra, se describía por vez primera la morfología detallada de insectos, hilos de seda y otras cosas pequeñas (Chapman, 1996). Asimismo, Hooke acuñó la palabra célula y su significado original de celdilla o espacio delimitado (concepto que se volvería tan importante en la posteridad) como resultado de sus observaciones microscópicas del corcho. El destacado microscopista flamenco Antoni van Leeuwenhoek sería invitado a establecer plena correspondencia epistolar con los miembros de la sociedad, por su primer secretario, Henry Oldenburg, con la intención de fomentar sus importantes investigaciones del mundo microbiano. Oldenburg encontraría fascinante el trabajo de Leeuwenhoek, lo que garantizó que éste fuera traducido del flamenco, unas veces al inglés y otras al latín, para ser publicado en varias entregas en el órgano impreso de la agrupación, las *Philosophical Transactions of the Royal Society* (Dobell, 1960). Las investigaciones de Leeuwenhoek fueron las principales responsables de mostrar al mundo la existencia de los microbios más pequeños de todos, bacterias y protistas, así como otros organismos microscópicos (entre ellos muchos animales y también espermatozoides) cuya revelación al mundo científico cambiaría eventualmente y para siempre la manera de comprender las relaciones ecológicas entre los seres vivos y la manera de clasificarlos.

Un ejemplo más de los usos tempranos del microscopio en la investigación de la naturaleza lo encontramos en el Virreinato español de la Nueva España. El originario del nuevo mundo, don Carlos de Sigüenza y Góngora, una de las figuras más notables del extenso reino, había hecho notar el uso de los útiles microscopios ingleses en las observaciones del mundo de lo pequeño (es posible suponer que hubiera conocido la *Micrographia*). Preocupado por una plaga de chauintle que afectó al trigo en el periodo 1691-1692, Sigüenza y Góngora realizó observaciones microscópicas que lo llevaron a descubrir unos insectos diminutos en las espigas, a los que consideró, erróneamente, la causa de la plaga cuando una conjunción de determinadas condiciones ambientales, particularmente la humedad, favorecían el crecimiento de sus poblaciones (Trabulse, 2000).

En el siglo XVIII, H. A. Wrisberg introdujo el término "Infusoria", para identificar al gran conjunto de microorganismos que habitaban una diversidad de infusiones y caldos. Otto Friedrich Müller se encargó, asimismo, de bautizar científicamente a las primeras especies y géneros de infusorios utilizando la recién convenida nomenclatura binomial. Entre éstos se encontraban grupos distintos, tales como dinoflagelados, ciliados, heliozoarios, diatomeas, rotíferos, gusanos, larvas de crustáceos e incluso, bacterias (Leadbeater y McCready, 2003).

De este modo, los primeros microscopistas del siglo XVII y del XVIII describieron una gran diversidad de formas de microorganismos animales y también de algunos organismos unicelulares que habitaban, de manera normal, el mismo mundo que plantas y animales y, muchas veces, la superficie o el interior de éstos. Más tarde, en el siglo XIX, al tratar de describir e insertar nuevos nombres y categorías taxonómicas para ordenar la enorme diversidad de microbios unicelulares recién descubierta, los microscopistas se dieron cuenta de que un enorme grupo de especies parecía revelar una fuerte aproximación a la animalidad, principalmente porque tenían la capacidad de movimiento y el tipo de hábitos alimenticios por ingestión, mientras que otras muchas especies parecían más bien plantas, en cuanto a la carencia de movilidad y su modo de vida autotrófico. Pero, había también otro numeroso grupo de formas de

vida, igualmente unicelulares, que definitivamente no parecían plantas, ni animales.

Sistema natural vs. método natural

Los avances en el conocimiento de la naturaleza llevados a cabo en los siglos inmediatos, previos y posteriores al Renacimiento llegaron a su momento cumbre en el siglo XVIII. Los naturalistas de este siglo sentían la necesidad de clasificar a los seres vivos de un modo que fuera indudablemente natural; para ellos esto significaba hallar el orden de la creación divina, los vestigios secretos que contaban la historia de la planificación original del mundo; muy lejos de lo artificial que imponía la razón utilitaria de la mente humana. Para alcanzar una clasificación natural, se requería dar los pasos adecuados para reconocer las esencias de las especies, o lo que es lo mismo, descubrir esas claves ocultas en los detalles de su morfología externa o interna que las diferencia (Hankins, 1988); sus cualidades propias innatas que se repiten, cíclicamente, generacionalmente, en la perpetuidad reproductiva. Las alternativas para llevar a cabo este tipo de clasificación eran dos. La primera, una reedición de las diferencias entre Aristóteles y la Academia, eran encontrar una sola característica morfológica principal, o bien, un conjunto limitado de caracteres combinados, también jerarquizados, que distinguieran tanto a un grupo de organismos individuales *i. e.* una especie, como a un grupo de taxa superiores. Estas dos variantes de la misma alternativa se pueden encasillar en la idea entonces corriente de sistema natural; éste, era una forma de organizar el mundo natural que procedía del principio de la división lógica, heredada de la escolástica, e incluía concepciones apriorísticas de los grupos que se pretendían clasificar (Jacob, 1999).

La segunda alternativa, la formalización del método natural, de corte más bien empirista, fue divulgada por el botánico francés Michel Adanson, quien consideraba que en el procedimiento de comparación para definir tanto especies de plantas, como grupos naturales por encima del nivel de especie, debían emplearse todos los caracteres posibles existentes en la estructura vegetal, más a modo de un parecido por similitud general o total (Hankins, 1988). Para la aplicación correcta del método natural, primero había que

establecer la unicidad de varias especies base o tipo elegidas arbitrariamente; sólidos puntos de partida para la comparación y, sólo entonces, se podría dar rienda, sin temor a la equivocación, a la identificación de la diversidad de especies vegetales, mismas que debían resultar de la eliminación de las semejanzas y la identificación plena de las diferencias entre las especies base y las que fueran conociéndose, conforme se contrastaran los tipos de las primeras con los nuevos ejemplares colectados (Jacob, 1999). Consecuentemente, en la clasificación los grupos biológicos naturales se van haciendo cada vez más grandes e incluyentes; así, se evidenciarían los grupos naturales por sí mismos, en un sentido o dirección ascendente en la jerarquía de las categorías taxonómicas, agregándose de manera secuencial, cada vez más especies en clases mayores a partir del establecer el conjunto más grande de caracteres compartidos (Mayr, 1997). Por lo anterior, el método natural permitiría lograr la verdadera clasificación, con base en las mayores afinidades y diferencias estructurales en las especies, sin que la introducción de ideas preconcebidas acerca de qué grupos debían ser reconocidos de antemano, pudiera afectar la clasificación. Los empleadores del método natural suponían que la clasificación obtenida por esta vía, sería verdaderamente natural.

Para el médico y botánico sueco Karl Linnaeus que, en cambio, favorecía al sistema natural, toda clasificación, por ser humana, era artificial; una condición necesaria de partida para el sistemático que pretendiera encontrar el verdadero arreglo natural. Linnaeus se consideraba a sí mismo como un intérprete de la naturaleza, una naturaleza creada con fines racionales. Argumentaba que una clasificación biológica válida debía reflejar el orden natural y verdadero, el plan original con que Dios había dado forma al mundo. Con esta pesada encomienda sobre sus hombros, los esfuerzos de Linnaeus debían enfocarse en la búsqueda de una estructura, compuesta por varios caracteres, que estuviera presente en gran parte de las especies que integran al reino vegetal; la estructura que reunió estas expectativas en el caso de las plantas, fue la fructificación (Hankins, 1988). Andando sobre los pasos dados por Andrea Cesalpino, John Ray y Joseph Pitton de Tournefort, Linnaeus propuso clasificar a las plantas fanerógamas con base en

sus estructuras reproductoras, concretamente en la cantidad, forma y disposición de los órganos florales, principalmente estambres y pistilos (Sloan, 2001). Sin duda para Linnaeus, este juego de caracteres de orden mayor, era la clave que permitiría reconocer los taxa principales, las categorías superiores dentro de las plantas y subornidar a éstas, otras categorías que fueran siendo cada vez menores, en una dirección descendente en el ranking taxonómico (Mayr, 1997), con base en la información contenida en sus caracteres. Las categorías usadas por él, eran respectivamente: el reino, la clase, el orden, el género y la especie.

Este esquema taxonómico floral, derivado del descubrimiento de la sexualidad de las plantas hecho por Rudolph Camerarius en el siglo XVII, encontró una enorme aplicabilidad; cada nueva especie vegetal descubierta, en el viejo o nuevo mundo, caía invariablemente en una de las categorías linneanas al interior de este reino. No obstante, también hubo sobresaltos de vez en cuando. El sistema linneano de clasificación, que sirvió también para los animales, se apoyó, además, en una avanzada técnica de nomenclatura binomial (*i. e.*, que imponía dos nombres) que resultó muy útil y le aseguró vigencia hasta nuestros días. Esta última consiste de una serie de normas para estandarizar la manera en que se nombra a una especie, asignándole nombres latinos o latinizados, el primero para el género y el segundo para la especie (Bowler, 1998). La nomenclatura es un requisito para la taxonomía, requisito que se debe cumplir previamente para poder conformar grupos más grandes y ordenar jerárquicamente a la naturaleza.

Eran, pues, dos las corrientes taxonómicas. Sistema o método; pocos o todos los caracteres; características con peso especial o todas ellas con igual valor clasificatorio; similitud parcial o similitud general; preconcepciones de lo que se quiere clasificar o lo que dicte la evidencia empírica. Así, en el siglo de las luces, para la clasificación de los seres vivos, eran dos las tonalidades, dos las estrategias; dos los programas de investigación en competencia; ninguno mostraba clara superioridad, ninguno se impuso sobre su rival (Mayr, 1997). Desde el punto de vista del sistema, la clasificación, no importando cuánto prosperara, siempre sería perseguida por la sombra de la artificialidad; por otra parte, la aparente naturalidad que ostentaba el método, no

era más que un sueño debido a la dificultad de usar todos los caracteres individuales; cuanto más si alguien hubiera pretendido saltar los límites del reino y extenderlo simultáneamente a los animales, en aras de realizar una clasificación universal. Sin embargo, es a partir de esa época, que progresó ampliamente, como nunca antes, el descubrimiento, la descripción, el nombramiento y el ordenamiento jerárquico de las especies biológicas. El establecimiento, por parte de los naturalistas, de las relaciones o conexiones profundas que guardaban las especies entre sí, se veía a menudo complicado por la realidad de la diversidad biológica; por la complejidad intrínseca de la naturaleza (Bowler, 1998). Para los estudiosos de la naturaleza en esa época, no era fácil optar entre sistema o método, pero se acarició, por vez primera, la promesa de alcanzar una clasificación universal, lo más natural posible, de los seres vivos.

El método natural y el transformismo

Una vez que ingresó la perspectiva evolucionista al estudio de la naturaleza en el siglo XIX, una versión moderada, más realista y menos pretenciosa del método natural se vio ante nuevas posibilidades. El principio metodológico del análisis comparativo siguió siendo el que determinara los resultados de una clasificación, pero ya nadie se tomó en serio la sugerencia de utilizar la técnica de contrastación de todos los caracteres disponibles como lo hubiera querido Adanson. Por otra parte, el emergente marco filosófico no veía a la naturaleza viviente más como el producto inexora-

ble de una creación, sino como el resultado necesario y fortuito de una historia genealógica. Para el ciudadano Jean Baptiste Pierre Antoine de Monet (antes caballero) de Lamarck, el primer evolucionista completo, quien aseguraba como Linnaeus que todo sistema de clasificación era completamente artificial, era importante, sin embargo, encontrar el orden mismo en que la naturaleza había generado, por medio de la marcha de la naturaleza, es decir, del impulso interno de los seres vivos, a las dos series de reinos biológicos. Según Lamarck, plantas y animales, cada cual por su lado, constituían una escalera progresiva en complejidad, definida por un “sistema particular de órganos esenciales” (Lamarck, 1809:109) en los animales y específicamente la fructificación en las plantas; el resultado de esta clasificación basada en la complejidad progresiva sería para Lamarck “una verdadera escala relativa a la composición creciente de la organización de estos seres vivos” (Lamarck, 1809:108). Respecto a la clasificación de los grupos biológicos dentro de estas dos series, él pugnaba por conocer la plena clasificación de los grandes grupos, a saber, las clases (de ahí que reformó, aumentando diez clases de animales sin vértebras a la taxonomía linneana), por ser precisamente éstas las que sostenían la coherencia de la serie. Decidió relegar a las categorías inferiores, especialmente géneros y especies por considerar que tenían una vigencia temporal y ser meras desviaciones de la serie general, debidas a las permanentes y caprichosas influencias ambientales. Así, la clasificación evolucionista de

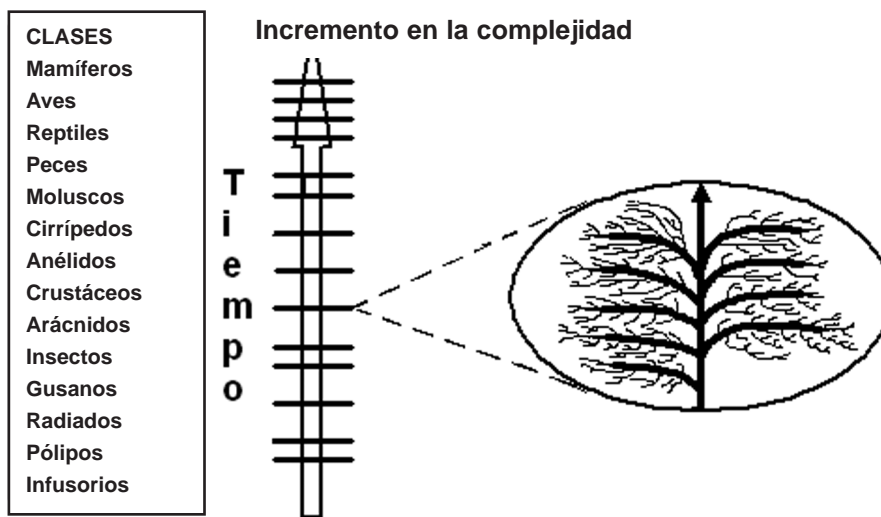


Figura 2. Representación de la clasificación evolucionista de la serie animal de Lamarck.

Lamarck (Fig. 2), que reflejaba a su vez la marcha de la naturaleza, dispuso a las “masas principales de la serie general” (Lamarck, 1809:108) o grandes grupos biológicos a lo largo de un eje o tronco principal y, abiertamente, se opuso a una clasificación “ramificada reticular” (Lamarck, 1809:107) a no ser sólo para las categorías taxonómicas menores sujetas a los vaivenes de las circunstancias ambientales que les rodean.

Por su parte, el creador de la teoría de la selección natural, Charles Robert Darwin, abrazó el sistema jerárquico linneano de grupos dentro de otros grupos y en general una visión no progresiva de clasificación; más al estilo del principio anatómico-fisiológico de la subordinación de caracteres (con la identificación de un juego de caracteres principal para clasificar) del paleontólogo y anatomista francés Georges Cuvier. Así, en la visión evolucionista, Darwin prefirió distanciarse de Lamarck y adoptar una perspectiva de especiación secuencial y divergente conducida de manera lenta y gradual, desde tiempos inmemorables, que mostraba un patrón de ramificación continua del árbol de la vida.

Para el también autor de la teoría de la ascendencia común, teoría que ocupa un lugar destacado en la discusión del presente trabajo, las clasificaciones animal y vegetal podían resolverse enteramente, si uno se arropaba con la perspectiva genealogista y con el empleo del método comparativo, pues “Las afinidades reales de todos los seres orgánicos son debidas a la herencia o comunidad de ascendencia. El sistema natural es un arreglo genealógico en el cual tenemos que descubrir las líneas de descendencia [dadas] por los caracteres más permanentes...” (Darwin, 1999: 391). El sistema natural, bajo esta nueva corriente de opinión, dejó de entenderse como una herramienta

metodológica competidora y se ubicó en el lugar conceptual del fin que se buscaba, se rearticuló justo como el arreglo o clasificación natural de las especies biológicas. El sistema natural debía ser el resultado de hallar las relaciones de ancestría-descendencia entre las especies, fósiles y vivientes, según se evidenciara por sus características compartidas, por sus rasgos heredados, es decir, por el uso del método. La evolución procede de manera divergente, dando lugar a ramificaciones continuas, sin ejes principales, desde las especies ancestrales comunes, de las que se puede albergar la esperanza de ser conocidas conforme progrese el conocimiento.

El propio Darwin abonó esa posibilidad al derivar los alcances últimos de su teoría de la descendencia con modificación (selección natural), razonamiento obvio y necesario, y suponer, posiblemente con base en la unidad del tipo animal mostrada por los grupos anatómicos de Cuvier (Fig. 3) y de la unidad morfológica visible en las plantas, la previa existencia de unas pocas especies ancestrales para todas las que se incluían en los dos reinos entonces aceptados: “Creo que los animales descienden, a lo sumo, de sólo cuatro o cinco progenitores y las plantas de un número igual o menor” (Darwin, 1999:395). Asimismo, derivó al extremo las implicaciones de su propuesta evolucionista y sugirió directamente, en ausencia de fundamentos, que incluso plantas y animales pudieran haber surgido ambas de un solo “prototipo” (Darwin, 1999: 395) o especie ancestral.

De manera heterogénea, el método natural estaba siendo reorientado a descubrir las relaciones de parentesco evolutivo entre las especies de seres vivos como base para una clasificación verdadera. La preocupación de encontrar un orden natural que mostrara la totalidad de la

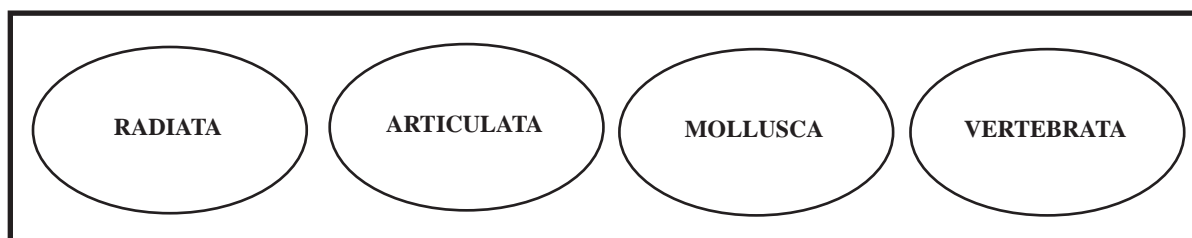


Figura 3. Los cuatro grandes grupos anatómicos en los animales de Cuvier.

vida empezó a hacerse notar principalmente en los trabajos de los anatomistas evolucionistas y de los paleontólogos de la segunda mitad de la centuria decimonónica. Muchos de estos investigadores, se deslizaron conceptualmente de la búsqueda intelectual de arquetipos trascendentales o ideales para las especies y taxa superiores, en las décadas previas a la publicación del *Origen de las especies*, a la cacería de verdaderos ancestros y de relaciones genealógicas entre las especies y entre los grupos biológicos mayores, justo después de la introducción del evolucionismo darwiniano (Bowler, 1988).

La evolución, el nuevo signo de los tiempos, daba la pauta a los anatomistas para llevar a cabo la reconstrucción completa de la historia de la vida en la Tierra a través de las eras geológicas, simplemente llenando los huecos de las clasificaciones genealógicas generales de los dos reinos, con fósiles recién descubiertos o con ancestros hipotéticos por descubrir, según la evidencia y el método lo permitiera. Sin embargo, entre estas huestes, la reconstrucción de la historia de la vida tomaba matices más lamarcianos que darwinianos debido a la idea ampliamente diseminada de progresismo biológico, que tenía su base empírica tanto en el registro geológico como en el desarrollo embrionario (Bowler, 1988). La morfología trascendental, la búsqueda de patrones anatómicos unitarios entre las espe-

cies y grupos biológicos, con su versión elegante, casi artística de la unidad del tipo, ganaba terreno entre los naturalistas, principalmente alemanes e ingleses, que habían aceptado la idea de evolución.

El prusiano Ernst Haeckel, célebre profesor evolucionista de la universidad de Jena, uno de los bastiones alemanes del trascendentalismo, fue quizás el más conocido exponente de esta doctrina; él condujo hasta su límite final el principio de recapitulación, aquel que aseguraba que, en el desarrollo embrionario de un individuo perteneciente a una especie de alguna clase animal superior (entendido entonces como aves o mamíferos), se mostraba el proceso de transformaciones sucesivas por el que había atravesado la especie y todo el grupo biológico durante las eras geológicas. Debido a esto, las distintas etapas del desarrollo embrionario equivalían a distintas formas adultas de especies de clases inferiores. De hecho, el término evolución, y su significado previo, transitaron por un breve lapso dentro de la tradición trascendentalista para referirse al desarrollo progresivo de las especies a través del tiempo (Richards, 1992). Haeckel acuñó la palabra filogenia para referirse a la historia evolutiva de un grupo biológico, palabra que de la mano de su hermana lingüística e intelectual, ontogenia, harían época. Con Haeckel se establecen las genuinas clasificaciones filogenéticas y su representación

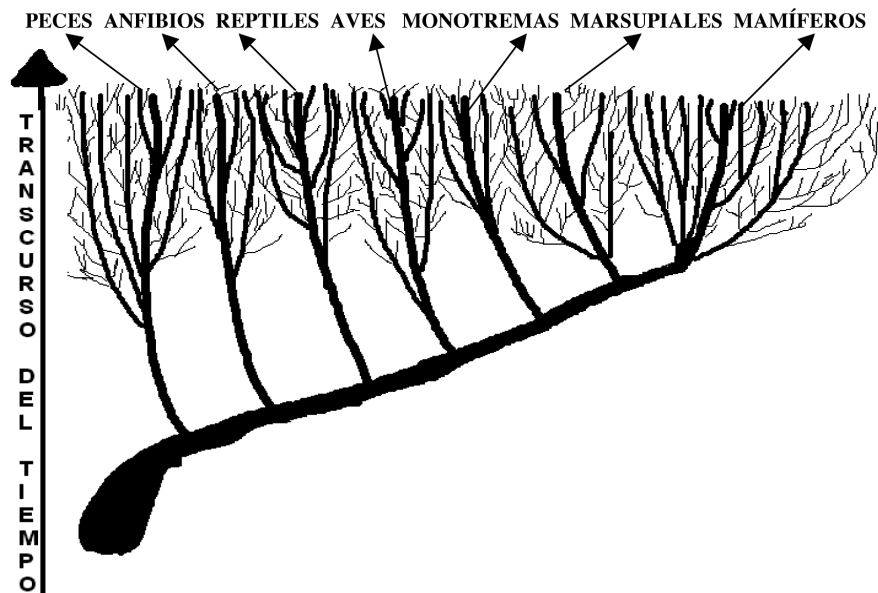


Figura 4. Representación de la clasificación genealógica de los vertebrados de Haeckel.

pictográfica a la manera de grandes árboles genealógicos extensamente ramificados (Fig. 4). Aunque todavía incluyendo una rama principal o central, estos árboles esquematizados podían abarcar las relaciones ancestrales de una familia, de toda una clase, o incluso, de todo un reino (Bowler, 1988). El transformismo filogenético había llegado para quedarse; se había logrado dotar a la biología de un enfoque histórico y, con éste, la era de los grandes bosques intelectuales de árboles evolutivos había comenzado.

La teoría celular, los tipos celulares y las reformas al sistema de clasificación

En la era victoriana, el conflicto que se había generado desde dos siglos antes con el descubrimiento de las especies microbianas, había ido en aumento y tenía incómodos a algunos naturalistas analíticos e integradores; dicho descubrimiento rompía con la clasificación más lógica, antigua y básica de todas, la de los reinos animal y vegetal. El descubrimiento de estas formas de vida, permitió a los interesados en el tema reconsiderar el antiguo esquema de clasificación dicotómico y con ello reabrir formal y frontalmente, la discusión original acerca de la clasificación universal de los seres vivos. Pronto, la clasificación establecida, tuvo que ser actualizada por otra que incorporara necesariamente y en una categoría propia, a las casi recién descubiertas especies de microorganismos unicelulares.

A estos avances contribuyeron notablemente los microscopistas alemanes. En la segunda década del siglo Georg August Goldfuss empleó el nombre "Protozoa", por primera vez en la literatura científica, para referirse a los mismos grupos reunidos en Infusoria, nombre que, para ese momento, estaba siendo ampliamente utilizado (por ejemplo por Lamarck), además de pólipos y medusas. Para la década de 1840, la teoría celular de Matthias Schleiden y Theodor Schwann pavimentaba el camino para la comprensión de que la célula era la unidad morfológica fundamental, el común denominador de todos los seres vivos y que todo organismo estaba conformado, ya fuera de una o muchas células. En 1845, evidencia empírica llevó a Karl Theodor von Siebold a argumentar la naturaleza unicelular de los protozoarios y a separarlos definitivamente de los otros grupos de microorganismos y de los animales radiados, estableciendo la prime-

ra clasificación exclusiva del nuevo grupo Protozoa. Reconoció que, internamente, éstos se componían de dos subgrupos: infusorios (divididos a su vez en ciliados y flagelados) y rizópodos (Leadbeater y McCready, 2003).

En 1860, el paleontólogo inglés y profesor del Real Colegio de Cirujanos de Londres, Richard Owen, tuvo la primicia al referirse al Reino Protozoa como un grupo compuesto igualmente por las distintas especies de infusorios y de esponjas; con esta iniciativa se inauguró una nueva era en la historia de las clasificaciones universales, pues a partir de ella sobrevino una revisión, casi continua hasta nuestros días, de los lugares que debían ocupar los diferentes grupos biológicos en el gran árbol universal de la vida. Probablemente mezclar infusorios y esponjas pareció un retroceso respecto de la propuesta homogeneizadora de von Siebold; pero lo cierto es que, también representó un firme paso adelante en el progreso de la clasificación universal al destacar a ese grupo, otorgándole el nivel taxonómico de reino. Paralelamente, en ese mismo año, el naturalista inglés John Hogg llamó también la atención sobre la necesidad de conformar un nuevo reino compuesto por aquellos grupos que no eran plantas ni animales. Él llamó a este reino Protoctista y consideró en su interior igualmente a los grupos Protozoa, Protophyta y a las esponjas, mismos que él entendía, eran base de los dos reinos de formas superiores, por lo que lo declaró como *regnum primigenum* o reino primigenio (Scamardella, 1999).

Haeckel, asumiendo la coherencia de von Siebold y adhiriéndose a las ideas reformistas de Owen y Hogg, creyó oportuno llevar a cabo su propio replanteamiento del agotado sistema de clasificación que para entonces contaba con dos milenios de antigüedad. En el año de 1866, fue publicada su obra clásica: *Morfología general de los organismos*, trabajo en el que Haeckel propuso la creación de un tercer reino, el Reino Protista, donde acomodó inicialmente a todas las especies de bacterias, protozoarios, protofitas, diatomeas y esponjas (Leadbeater y McCready, 2003). Asimismo, previó la necesidad de establecer subdivisiones al interior de los protistas; no obstante, los grupos de protistas en este sistema taxonómico fueron muy dinámicos y se estuvieron reorganizando frecuentemente conforme las reconsideraciones de Haeckel. Por ejemplo, tiem-

po después, reconoció a las esponjas definitivamente como animales; también separó algunos protozoarios que él consideraba anteriormente multicelulares, mientras que sacó a los hongos y a las entonces mal llamadas algas verde azules (pues en realidad son cianobacterias) del reino vegetal y los colocó en los protistas (Scamardella, 1999). Es decir, en sus divisiones era más que patente la influencia del antiguo esquema de clasificación en plantas y animales, por lo que toda especie que no reuniera las características de alguno de esos reinos, sería entonces por complemento, miembro del Reino Protista. Asimismo, Haeckel contribuyó sustancialmente a la popularización, en la nomenclatura biológica, de las designaciones entonces en uso Protozoa y Protophyta, para referirse a las especies de microorganismos unicelulares que se asemejaban respectivamente con animales (Metazoa) y plantas (Metaphyta) y, también para sugerir que ambos reinos de especies multicelulares habían evolucionado directamente de dichos subgrupos de protistas. También, designó al subgrupo Monera para ser colocado en la base de la clasificación de los protistas (Fig. 5) e incluir en él a una variedad de formas muy pequeñas y estructuralmente sencillas dentro de los microbios (aquellas que originalmente observó Leeuwenhoek), cuyos cuerpos unicelulares no mostraron nunca, en investigaciones citológicas posteriores, la presencia de un núcleo: las bacterias.

Los Monera eran para Haeckel “no sólo los más simples de todos los organismos observados, sino acaso los más simples de todos los organismos imaginables”. Los

definía igualmente como “organismos sin órganos” y aseguraba la existencia, en el catálogo biológico entonces vigente, de siete géneros diferentes, unos cuyo hábitat era el agua dulce y otros, que lo era el mar (Haeckel, 1888: 343). Mencionaba que las diferencias entre los géneros y las especies conocidas eran debidas a la manera de propagarse, al “desarrollo” y al tipo de nutrición que presentaban. Más aún, él llamaba a reconsiderar incluso la teoría celular y aceptar la convención de dos principales tipos celulares o “plástidos” distintos: los “cítodos” (Monera) y las células verdaderas, es decir, nucleadas, o bien a los Protozoa, Protophyta, Metazoa y Metaphyta, juntos (Haeckel, 1888: 346). Así, cuando Haeckel planteó esta distinción básica (Figura 5), no sólo estaba liderando las reformas al gran árbol de la vida, sino que, paralelamente, contrapuso un nuevo tipo de clasificación universal basada en la morfología celular; en la presencia o ausencia de núcleo. La apertura del tercer reino de seres vivos, llámese Protozoa, Protocista o Protista, permitió resolver por un corto tiempo, la incertidumbre introducida por el descubrimiento de las especies unicelulares. Así, el estado de las cosas en la clasificación universal de la vida se mantuvo estacionado hasta la primera mitad del siglo XX.

En 1937, el oceanógrafo y microscopista francés Edouard Chatton abogaba por una distinción más general, con base en la anatomía, que permitiera clasificar a cualquier especie por el tipo celular que exhibiera, fuera del reino que fuera, ya unicelular, pluricelular o multicelular. Él

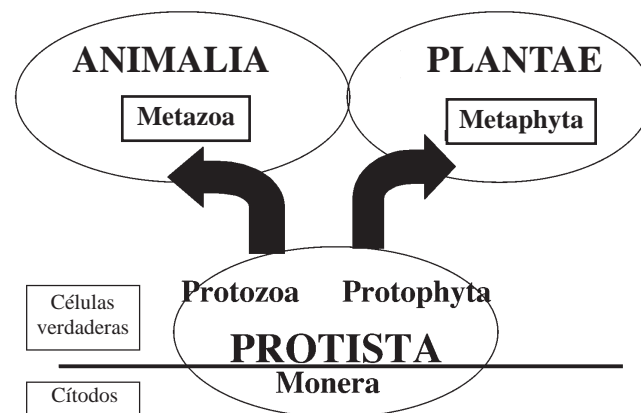


Figura 5. Representación de la clasificación en tres reinos de seres vivos y sus subgrupos de Haeckel y su distinción de tipos celulares.

introdujo el término procarionte para las formas de vida que no presentaban un núcleo en su célula; en cambio, para los organismos que claramente mostraban diferencia esta estructura interna, inventó el término eucarionte (Woese *et al.*, 1990). Esta nueva clasificación dicotómica daba elementos metodológicos a los biólogos evolucionistas para suponer que ambos grandes grupos celulares eran ante todo, un linaje; es decir, un conjunto de especies integradas en categorías taxonómicas superiores, genealógicamente relacionadas que heredaron su morfología celular típica de ancestros muy antiguos que, por supuesto, ya contaban con ese mismo carácter fundamental, el núcleo o la falta de éste. Se podía pensar que ésta nueva clasificación morfológica era, genuinamente, natural.

Dos nuevas reformas se llevaron a cabo al esquema de clasificación en reinos. La primera ocurrió en 1939 cuando el biólogo estadounidense Herbert F. Copeland, incorporando parcialmente la distinción fundamental de Chatton, rediseñó al reino Protista para ubicar en éste a la diversidad de especies de microorganismos que presentaban núcleo, Protozoa

y Protophyta, así como a sus derivados evolutivos pluricelulares, las algas. El nombre conjunto con el que designó a este reino adoptó la invención hoggiana de Protoctista (Margulis y Schwartz, 1998). Esta decisión aisló también a la diversidad de especies de bacterias carentes de núcleo, sugiriendo directamente la adecuada y necesaria creación de un cuarto reino de seres vivos que las incluyera; para este grupo biológico, el nombre Monera de Haeckel seguía siendo el referente aplicable. La segunda de las reformas ocurrió en el año de 1959, cuando el también estadounidense Robert H. Whittaker, convino necesario otorgar un lugar propio, con el nombre de Fungi (Margulis y Schwartz, 1998), al gran grupo de los hongos, macroscópicos y microscópicos, que habían sido tradicionalmente considerados como formas de vida similares a plantas, por lo que se habían estudiado en los departamentos de botánica en las universidades y en los jardines botánicos. Igualmente, Whittaker formalizó la separación de las especies bacterianas de la otra diversidad de especies de microorganismos nucleados y también regresó al nombre haeckeliano de Protista para estos últimos

Cuadro 1
Los cinco reinos y las características distintivas más importantes de cada uno

REINOS				
Monera	Protoctista	Fungi	Animalia	Plantae
<ul style="list-style-type: none"> * Células sin núcleo y sin organelos. * Se reproducen asexualmente por fisión binaria. * Organismos unicelulares aislados o en colonias; algunas especies pueden formar filamentos y micelios. * Algunas especies presentan movimiento por uno o más flagelos, otras por deslizamiento o bien, sin movimiento. * Presentan la mayor diversidad de tipos de nutrición. * Mayor diversidad genética y metabólica. 	<ul style="list-style-type: none"> * Organismos unicelulares nucleados y sus descendientes inmediatos multicelulares, las algas. * Se les encuentra aislados o en colonias. * Movimiento por undulopodios, por pseudópodos o bien, inmóviles. * Tipo de nutrición variada. * Presentan la segunda mayor diversidad genética. 	<ul style="list-style-type: none"> * Organismos unicelulares o bien multicelulares nucleados. * En todas las especies el desarrollo es a partir de esporas sexuales (puede haber uniparentalidad o biparentalidad) o asexuales. * No móviles. * Nutrición por absorción. 	<ul style="list-style-type: none"> * Organismos multicelulares nucleados, con presencia de tejidos diferenciados, órganos, aparatos y sistemas. * Generalmente se desarrollan a partir de un cigoto producido por fusión de células sexuales. En tal caso, puede haber uniparentalidad o biparentalidad. * Sistema nervioso y órganos de los sentidos; presentan irritabilidad y sensibilidad; exhiben movimiento en alguna fase de su ciclo vital. * Nutrición por ingestión. 	<ul style="list-style-type: none"> * Organismos multicelulares nucleados, con presencia de tejidos diferenciados. * Se desarrollan a partir de esporas y de cigotos de origen sexual con la consecuente formación de semilla. En este último caso, puede haber uniparentalidad o biparentalidad. * Presentan alternancia de generaciones. * No móviles. * Nutrición autotrófica por fotosíntesis.

(Scamardella, 1999). Así, Whittaker creó el más moderno esquema de clasificación universal de los seres vivos hasta entonces visto: el de los cinco reinos. Finalmente, en la década de 1980, las biólogas estadounidenses Lynn Margulis y Karlene V. Schwartz, tuvieron el influyente papel de popularizar y masificar la aceptación de la clasificación de los cinco reinos entre los biólogos y programas educativos de todos los niveles escolares del mundo. Esta clasificación resultó ser un referente práctico, didáctico y, a la vez, de relativa sencillez descriptiva (Cuadro 1). En su propuesta, renovada de la de Whittaker, se emplearon los siguientes nombres para los reinos: Monera (bacterias), Protocista (protistas y algas), Fungi (hongos), Plantae y Animalia (Margulis y Schwartz, 1998).

Esta clasificación universal, todavía en uso, se basa en los conjuntos de características únicas, exclusivas de cada grupo biológico que distinguen a cada uno de los otros cuatro; es decir, sinapomorfias en términos cladistas. En sentido estricto, no hay muchos puntos de apoyo para el análisis comparativo entre los reinos, son justamente las diferencias las que privan. La vieja búsqueda de una clasificación que fuera natural fue puesta a un lado para privilegiar la división lógica neoplatónica en términos de presencia o ausencia de los caracteres distintivos. Este fue el camino que escogieron los morfólogos evolucionistas del siglo XX: una clasificación universal tipológica en la que los grupos biológicos se definían a sí mismos por un conjunto de caracteres fenotípicos positivos exclusivos, principalmente anatómicos. El enorme peso de la tradición hacía imposible reconsiderar nuevas maneras de alcanzar la naturalidad anhelada desde siglos atrás.

La revolución molecular

El advenimiento de las técnicas de biología molecular y su aplicación en la resolución de problemas evolutivos inició en el siglo XX. En 1904, el médico y epidemiólogo británico de origen estadounidense, George H. F. Nutall publicó sus resultados de la comparación detallada de proteínas sanguíneas que había obtenido a través de medir las reacciones inmunológicas, que había hecho en varias especies animales de un zoológico, para reconstruir confiablemente sus relaciones evolutivas y contraponerlas a las reconstruccio-

nes basadas en las similitudes morfológicas, pues estaba seguro de que “Al juzgar con estas similitudes, el elemento subjetivo puede ingresar grandemente...” (Nutall, 1904). Seis décadas después, las técnicas de secuenciación de proteínas, genes y con el tiempo, genomas completos se hizo posible. Investigadores pioneros en este campo se dieron cuenta de que se podía reconstruir la filogenia de las especies y de los grupos biológicos al comparar dichas secuencias. Este descubrimiento generó una cascada de discusiones e innovaciones, respecto a la clasificación molecular de los seres vivos, a las relaciones de parentesco que guardan en sus genes o en los productos de éstos, las proteínas. Protegidos por el nuevo y prometedor enfoque, los biólogos moleculares Emile Zuckerkandl y Linus Pauling (1965: 359); hicieron declaraciones ambiciosas: “la filogenia molecular más racional, universal e informativa será construida sobre las moléculas semantoforéticas [o semánticas, es decir DNA, RNA y péptidos] por sí solas”, tales moléculas en este contexto, se apreciaban plétóricas de las huellas de la evolución pasada de la vida. En otra publicación, Zuckerkandl (1965: 110) aseveraba que este tipo de moléculas equivalían a “documentos vivientes de la historia evolutiva”. Con voz de profeta estimaba que su estudio merecía el establecimiento de toda una nueva rama de la biología: la “química paleogenética”, área de investigación que pronto se consolidó y ha sido renombrada en la actualidad como genómica comparada.

Sorprendentemente, en la fundación de la teoría sistemática filogenética del entomólogo alemán Willi Hennig, no se incorporaban los avances que había hecho la evolución molecular del momento. Para posicionar su método comparativo entre los biólogos que trabajaban cotidianamente con base en la similitud general, Hennig debía hacer notar la debilidad de las filogenias basadas en las semejanzas o diferencias entre las especies; era preciso transmitir, estrictamente, la necesidad de clasificar a las especies por su historia evolutiva. Así, para Hennig (1965: 108): “El hecho de que ninguna semejanza por sí misma, sino sólo el convenio en una categoría particular de caracteres es significativa para el estudio de la relación filogenética, hace posible a la sistemática filogenética aducir para sus propósitos, otros rasgos [distintos] que los caracteres físicos (holomorfoló-

gicos)”; sin embargo, lo que él entendía por “otros rasgos”, en consecuencia, “no holomorfológicos”, eran la historia de vida y la distribución geográfica de las especies y no el uso de las secuencias de las moléculas semánticas. Aunque se refirió directamente a la utilidad de “expresiones de caracteres en la anatomía interna y estructura química, fisiología y serología y, cuando se consideran, diferentes maneras de comportamiento”, no fue capaz de tender los puentes requeridos con la evolución molecular, aunque si sentenció claramente que toda búsqueda de caracteres debía supeditarse a su teoría filogenética; así, la “consideración de caracteres nuevos y hasta ahora no observados pueden, no obstante, representar progreso sólo si estos son analizados con los métodos especiales de la sistemática filogenética” (Hennig, 1965: 108).

A pesar de esta falta de acuerdos, un grupo de biólogos moleculares dirigidos por Carl Woese y George Fox (1977), secuenciaron el gen del RNA ribosómico (rRNA) de la subunidad pequeña, de decenas de organismos correspondientes a una diversidad de especies y grupos biológicos distintos. De las secuencias de estos genes, comparando las posiciones idénticas, similitudes y diferencias a lo largo de las cadenas sencillas de nucleótidos, obtuvieron una extraña y novedosa topología del árbol universal, en la que tres grandes grupos biológicos eran distinguidos. Los tres grupos representados cada uno por una rama principal, se alejaban entre sí y se ubicaban casi a la misma distancia uno de los otros dos (Woese *et al.*, 1990). Lo verdaderamente extraordinario es que no se evidenciaba nada de lo antes sugerido a lo largo de la historia de las clasificaciones universales. No se observaba en esta nueva clasificación molecular a los cinco reinos de Whittaker, ni a los dos tipos celulares básicos de Haeckel y Chatton, sino que, por el contrario, las especies de procariontes se rompían en dos grupos distintos. Uno de estos grupos comprendía a las bacterias más comunes y ampliamente conocidas: las bacterias del suelo, las del agua, las del aire, las descomponedoras, las que fotosintetizan y producen oxígeno, las que fijan nitrógeno en las raíces de las plantas, las que se usan en la producción de derivados de la leche, las que causan enfermedades en plantas y animales o que son sus simbiosis; este grupo fue rebautizado por ellos como

eubacterias. Por su parte, el otro grupo contenía especies poco estudiadas de organismos productores de gas metano, grupo al que estos investigadores llamaron simplemente metanógenas y que más tarde recibieron el apelativo de arqueobacterias, por exhibir características como las que, presuntamente, debieron tener los primeros pobladores del planeta Tierra. El tercer gran grupo resultante del análisis molecular fue el conjunto de grupos taxonómicos principales de organismos eucariontes, en el sentido de Chatton, que por supuesto contiene a cuatro de los cinco reinos si se le mira con la visión de Whittaker; a este enorme y diverso grupo lo denominaron, muy a la manera de la tradición alemana, “Urcarionte” o eucarionte ancestral (Woese y Fox, 1977).

El revuelo no se hizo esperar y pronto, una multitud de críticas fueron vertidas desde varios frentes para tratar de opacar el hallazgo y minimizar su impacto en la reconsideración de la clasificación universal. En su favor, Woese y Fox (1978: 101) argumentaron que la clasificación debía estar basada en múltiples caracteres, tal como sucede cuando se utiliza el gen del rRNA en su longitud completa, e insistieron que su descubrimiento, dejaba ver que “...las arqueobacterias, que en un sentido genealógico, no tienen más relación con las bacterias típicas que la que tienen con los (en el aspecto citoplásmico) eucariontes”. De hecho, conforme más especies de arqueobacterias se fueron conociendo, en la década siguiente, era claro que el nuevo grupo biológico no sólo presentaba metabolismos novedosos y complicados, sino que además varias de sus especies ocupaban hábitat extremos, tales como los lagos salados, cuerpos de aguas termales y sulfurosas, e incluso, las ventilas o chimeneas submarinas a grandes profundidades, hábitats con grandes presiones atmosféricas y altas temperaturas. Todo esto reforzó la idea de que se estaba tratando con formas de vida muy antiguas que habían mantenido un estilo de vida primitivo.

En el influyente artículo de 1990, Woese y colaboradores lanzaron definitivamente el golpe doble que estaban tramando desde el descubrimiento de las metanógenas: la propuesta para reestructurar la clasificación universal de la vida, reemplazando al esquema de los cinco reinos y, de paso, a la dicotomía procarionte-eucarionte, por un sistema basado en tres dominios o linajes celulares; así, el dominio

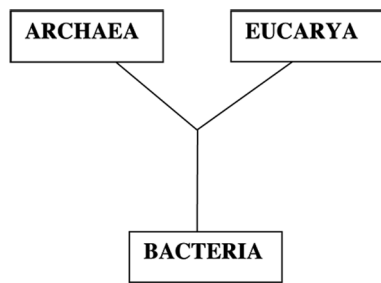


Figura 6. Representación del sistema de clasificación universal en tres dominios, construido con base en la subunidad pequeña del rRNA.

se convertiría en una nueva categoría taxonómica superior que contiene a los reinos y, por supuesto, a todas las demás categorías menores. Los tres dominios propuestos por ellos son, a saber, Bacteria, Archaea y Eucarya (Fig. 6). Estos biólogos se refugiaron críticamente en el punto de comparación universal haciendo patente que “Las secuencias moleculares pueden revelar las relaciones evolutivas de una manera y a un grado que los criterios fenotípicos clásicos y aun las funciones moleculares [metabólicas], no pueden...” (Woese *et al.*, 1990: 4577). Efectivamente, el enfoque molecular permite comparar a todas las especies biológicas, ya que todos los seres vivos tienen un componente genotípico, una base hereditaria común compuesta por el mismo tipo de moléculas; situación privilegiada que la comparación morfológica no puede alcanzar más allá del nivel taxonómico de reino, dadas las enormes diferencias anatómicas y fisiológicas de cada uno de estos taxa. Particularmente, esta clasificación basada en las secuencias de rRNA de la subunidad pequeña (16/18 S, procarionte y eucarionte, respectivamente) contrasta a las especies haciendo uso de una misma medida que todas poseen. Esta ventaja elimina cualquier error que se pudiera introducir por prejuicios y preferencias del clasificador, al mismo tiempo se desembaraza rotundamente de los criterios basados únicamente en conjuntos de características únicas distintivas de cada grupo.

Por fin, con el enfoque molecular, las dificultades inherentes a la búsqueda del método natural habían sido sobrepasadas. La revolución molecular o revolución woesiana, sensu Doolittle y Brown (1994) consiguió el largo sueño perseguido desde la antigüedad, el de obtener un método general, común y estandarizado de comparación universal

que permitiera descubrir el sistema natural de clasificación de la naturaleza viviente, sin la necesidad metodológica de utilizar simultáneamente todas las características existentes para clasificar. Este método renovado ha permitido clasificar al gran conjunto de la biota del planeta; pero además, reforzado por el uso de genes parálogos, es decir, genes que se duplicaron y divergieron evolutivamente antes de que radiara el último ancestro común a los tres linajes celulares, ha resultado en el enraizamiento del árbol universal (*cf.* Lazcano, 1993); esto brindó una perspectiva genealógica que muestra el patrón de polaridad o la evolución que siguieron estos caracteres moleculares, por lo que se pudo alcanzar el segundo componente u objetivo de las clasificaciones modernas que se agregó con la llegada del evolucionismo: el de conocer paralelamente las relaciones de ancestría y descendencia entre las especies. Esto convierte al sistema de clasificación molecular basado en tres dominios en un sistema verdaderamente natural, indudablemente filogenético.

No obstante, los críticos al sistema de los tres dominios, arremetieron con firmeza para contraponer propuestas alternativas. Uno de los arquitectos de la síntesis moderna, el legendario evolucionista Ernst Mayr (1990) argumentaba que la falta de balance previamente existente en la clasificación de los cinco reinos fue reemplazada por la desequilibrada iniciativa de Woese y colaboradores. Mayr señaló que, al utilizar únicamente las diferencias en las secuencias del rRNA, simplemente se “...ignora el enorme paso evolutivo desde los procariontes a los eucariontes” y aduce que “La diferencia en organización estructural entre procariontes y eucariontes es un orden de magnitud superior que la relativamente poca diferencia entre arqueobacterias y eubacterias.” (Mayr, 1990: 491); por lo anterior, propone reclasificar nuevamente al mundo viviente tomando en cuenta esa consideración cualitativa. Así, Mayr se apropia de la categoría taxonómica propuesta por Woese, el dominio, y sugiere dividir al mundo biológico en dos grandes dominios, Prokaryota o Monera, que incluiría a los subdominios Archaeobacteria (con los reinos Crenarchaeota y Euryarchaeota) y Eubacteria, así como al Dominio Eukaryota, que incluiría a los subdominios Protista y Metabionta (este último, con los reinos Metaphyta, Fungi y Metazoa).

Por su parte, el protistólogo Thomas Cavalier-Smith (1992: 570) consideró que en la nomenclatura biológica, la propuesta de que los eucariontes sean renombrados "...eukarya [sic] debe ser fuertemente resistida". Lo mismo se opone al "...tendencioso e ilógico cambio [de nombre] de las arqueobacterias por Archaea", debido a su perniciosa e inevitable implicación taxonómica-evolutiva de que representan toda una nueva forma de vida, un linaje independiente de las bacterias. Partiendo de las diferencias estructurales obvias entre procariontes y eucariontes, él aseguraba que estas "...distinciones entre bacterias y eucariontes permanecen, por mucho, como las más fundamentales del mundo viviente...". Intentando dirigir la orquesta, Cavalier-Smith sentenciaba que una "...división primaria en dos imperios multi-reinos (Bacteria y Eukaryota), es enormemente preferida a una división en tres dominios".

Asimismo, en esta dura discusión académica, Lynn Margulis no podía dejar de hacer sentir su enorme influencia. Ella contrapuso una figura retórica de matices evolucionistas para ganar la batalla contra el sistema de los tres dominios (Margulis *et al.*, 2000: 6954). Primeramente, se refugia en la distinción básica de Chatton argumentando que "Todos los seres vivos se componen de células que se clasifican sin ambigüedad en una de dos categorías: procarionte (bacteria) o eucarionte (organismos nucleados)". Luego, se apoya sobre el más probable origen quimérico de los eucariontes a partir de la fusión de dos organismos de distintas especies, pertenecientes una al grupo de las arqueobacterias y la otra al grupo de las eubacterias y, entonces, toma la ofensiva contra "...el sistema completamente no morfológico de Woese [que] ignora [la importancia evolutiva de] la simbiosis. Pero en los consorcios bacterianos y las endosimbiosis protistas irreductiblemente subyacen las transiciones evolutivas desde los procariontes a los eucariontes". Finalmente, señaló el reduccionismo de la nueva propuesta universal basada no en el análisis de especies de seres vivos, sino en el de un gen compartido y en el trabajo de unos pocos hombres: "Sólo la taxonomía verdaderamente incluyente, basada en el trabajo de miles de investigadores por más de doscientos años en organismos vivos, es suficiente para la reconstrucción evolutiva

detallada". Con la intención de regresar a la distinción básica de Chatton, Margulis y Schwartz (1998) reestructuraron el sistema de cinco reinos para concluir que no hay tres dominios, sino dos super reinos, de acuerdo a su propia nomenclatura, al estilo y sugerencia de Mayr (1990) y Cavalier-Smith (1992); por un lado el Super Reino Prokaryota, con el único Reino Bacteria y dos Subreinos, Eubacteria y Archeobacteria y por el otro lado, el Super Reino Eukaryota, dividido en los cuatro reinos restantes, Protista, Fungi, Animalia y Plantae (Cuadro 2).

Cuadro 2

Rearreglo del sistema de los cinco reinos de Margulis y Schwartz (1998)

SUPER REINO	Prokaryota
1. REINO	Bacteria (antes Monera)
	SUBREINO
	Eubacteria
	SUBREINO
	Archeobacteria
<hr/>	
SUPER REINO	Eukaryota
2. REINO	Protista
3. REINO	Fungi
4. REINO	Animalia
5. REINO	Plantae

De este modo, los defensores de una clasificación universal holista, basada en caracteres fenotípicos, soportan el embate de la andanada molecular reduccionista, aun cuando, en el fondo, sus métodos y posturas están siendo trastocados y subvertidos por la revolución molecular; pues a fin de cuentas, ninguno de ellos ha ignorado o negado la distinción genética, molecular, metabólica y fisiológica que hay entre los grupos Archaea y Bacteria. Todos ellos han reorientado sus alegatos para defender sus visiones del mundo biológico con la dicotomía procarionte-eucarionte, más que dejar intacto el antiguo sistema basado en reinos como las categorías taxonómicas más grandes posibles. En todo caso, este viejo sistema se está diluyendo en el camino del desarrollo de la biología moderna; así, la herencia intelectual de Aristóteles, Owen, Hogg, Haeckel, Copeland y Whittaker, aquélla de la clasificación universal de la biodiver-

sidad con el límite superior en el reino, una vez pensado natural, se encuentra directamente en la ruta de la extinción.

En los últimos años, evidencia obtenida de los genomas completamente secuenciados de un número considerable de especies, ha venido a reforzar la existencia de los tres dominios. Simultáneamente, dos grupos de trabajo de biólogos moleculares, Sorel Fitz-Gibbon y Christopher House (1999), por un lado, y Fredj Tekaia, Antonio Lazcano y Bernard Dujon (1999), por el otro, utilizaron las extensas bases de datos disponibles de los genomas completos para construir fenogramas, es decir, esquemas de clasificación sin genealogía, con representantes de los tres linajes celulares. En ambos casos emplearon el antiguo método de presencia-ausencia de grupos o familias de genes que codifican proteínas, es decir, el proteoma (por complemento a genoma) o contenido proteínico de las especies. Los resultados refrendaron la topología del árbol tricotómico universal de los dominios y abundaron evidencia de que cada linaje propuesto es un complejo de características genéticas y metabólicas distinto; que efectivamente, Archaea, Bacteria y el nucleo-citoplasma de Eucarya se corresponden con grupos verdaderamente naturales.

Conclusión

La propuesta de clasificación universal de la biodiversidad en tres dominios o linajes celulares básicos está sostenida plenamente por evidencia fáctica que supera por mucho, a las propuestas anteriores. No obstante, debe notarse que el sistema natural de clasificación se mantiene como una promesa de buena voluntad entre los biólogos, a pesar de que la secuenciación de más genomas completos asegura que, cada vez más, la propuesta del sistema basado en tres dominios sea aceptado por la comunidad de biólogos del mundo. Un sistema universal basado en dos tipos morfológicos es útil desde el punto de vista didáctico, pero la educación de ahora y del futuro no puede sencillamente desecharse todo el avance de la biología molecular y estacionarse indefinidamente en prejuicios y concepciones rebasadas. Es deber prioritario de los biólogos contribuir a este cambio intelectual que se antoja también cultural, debido a la larga tradición de la biología.

Literatura citada

- Bowler, P. J. 1988. The non-darwinian revolution. Johns Hopkins University Press, Baltimore.
- Bowler, P. J. 1998. Historia fontana de las ciencias ambientales. Fondo de Cultura Económica, México, D. F.
- Chapman, A. 1996. England's Leonardo: Robert Hooke (1635-1703) and the art of experiment in Restoration England. Proceedings of the Royal Institution of Great Britain 67: 239-275.
- Cavalier-Smith, T. 1992. Bacteria and eukaryotes. Nature 356: 570.
- Darwin, C. 1859 [1999]. On the origin of species. Bantan Books, New York.
- Debus, A. G. 1985. El hombre y la naturaleza en el Renacimiento. Fondo de Cultura Económica, México, D. F.
- Dobell, C. 1960. Anthony van Leeuwenhoek and his little animals. Dover Publications, New York.
- Doolittle, W. F. y J. R. Brown. 1994. Tempo, mode, the progenote, and the universal root. Proceedings of the National Academy of Sciences 91: 6721-6728.
- Düring, I. 1987. Aristóteles. Exposición e interpretación de su pensamiento. Universidad Nacional Autónoma de México, México, D. F.
- Fitz-Gibbon, S. T. y C. H. House. 1999. Whole genome-based phylogenetic analysis of free-living microorganisms. Nucleic Acids Research 27: 4218-4222.
- Haeckel, E. 1888. The history of creation. D. Appleton and Company, New York.
- Hankins, T. L. 1988. Ciencia e ilustración. Siglo XXI Editores, Madrid.
- Hennig, W. 1965. Phylogenetic systematics. Annual Review of Entomology 10: 97-116.
- Jacob, F. 1999. La lógica de lo viviente. Tusquets Editores, Barcelona.
- Lamarck, J. B. 1809 [1971]. Filosofía zoológica. Mateu, Barcelona.
- Lazcano, A. 1993. The significance of ancient paralogous genes in the study of the early stages of microbial evolution, pp. 559-562. En: R. Guerrero y C. Pedrós-Alió (eds.). Trends in microbial ecology. Spanish Society for Microbiology, España.
- Leadbeater, B. S. C. y S. M. M. McCready. 2003. The flagelletes: historical perspectives, pp. 1-26. En: B. S. C. Leadbeater y J. C. Green (eds.). The flagellates. Unity, diversity and evolution. Taylor & Francis e-Library, London.
- Margulis, L. y K. Schwartz 1998. Five Kingdoms: an illustrated guide to the phyla of life on earth. W. H. Freeman & Company, New York.
- Margulis, L., M. F. Dolan y R. Guerrero. 2000. The chimeric eukaryote: origin of the nucleus from the karyomastigont in amitochondriate protists. Proceedings of the National Academy of Sciences 97: 6954-6959.
- Mayr, E. 1990. A natural system of organisms. Nature 348: 491.
- Mayr, E. 1997. This is biology. The Belknap Press of the Harvard University Press, Cambridge.
- Nutall, G. H. F. 1904. Blood immunity and blood relationship: a demon-

- tration of certain blood-relationships amongst animals by means of the precipitin test for blood. Cambridge University Press, Cambridge.
- Richards, R. J. 1992. *The meaning of evolution*. Chicago University Press, Chicago.
- Scamardella, J. M. 1999. Not plants or animals: a brief history of the origin of kingdoms Protozoa, Protista and Protoctista. *International Microbiology* 2: 207-216.
- Sloan, P. R. 2001. Historia natural, 1670-1802, pp. 41-64. En: A. Barahona, E. Suárez y S. Martínez (comp.). *Filosofía e historia de la biología*. Universidad Nacional Autónoma de México, México.
- Tekaia, F., A. Lazcano y B. Dujon. 1999. The genomic tree as revealed from whole proteome comparisons. *Genome Research* 9: 550-557.
- Toulmin, S. y J. Goodfield. 1977. *The discovery of time*. The University of Chicago Press, Chicago.
- Trabulse, E. 2000. La obra científica de don Carlos de Sigüenza y Góngora (1667-1700), pp. 93-123. En: A. Mayer (ed.). *Carlos de Sigüenza y Góngora. Homenaje 1700-2000*. Universidad Nacional Autónoma de México, México, D. F.
- Woese, C y G. Fox, 1977. Phylogenetic structure of the prokaryotic domain: the primary kingdoms. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 74: 5088-5090.
- Woese, C y G. Fox, 1978. Methanogenic bacteria. *Nature* 273: 101.
- Woese, C., O. Kandler y M. L. Wheelis. 1990. Towards a natural system of organisms: proposal for the domains Archaea, Bacteria, and Eucarya. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 87: 4576-4579.
- Zuckerandl, E. 1965. The evolution of hemoglobin. *Scientific American* 212: 110-118.
- Zuckerandl, E. y L. Pauling. 1965. Molecules as documents of evolutionary history. *Journal of Theoretical Biology* 8: 357-366.