

# Sistemática molecular: cuando convergieron cuentapatatas, miraestambres y calculistas de moléculas

**JORGE LLORENTE BOUSQUETS**

**V**oy a reseñar mi escrito en dos temas íntimamente relacionados; primero un resumen acerca de mi breve experiencia en sistemática molecular y al que después uniré con los aspectos de biodiversidad y colecciones científicas.

Hace casi cinco años escribí como coautor un artículo intitulado "Caracteres bioquímicos y nucleares en los métodos de la sistemática moderna"; el mes pasado tuve la oportunidad de conversar con el autor del mismo: Adrián Nieto, que actualmente está terminando de su doctorado en Biología Evolutiva en la Universidad de Kansas. A él le pude comentar que en estos años se habían hecho grandes avances en biología molecular con gran repercusión en la sistemática, de modo que nuestro artículo, además de contar con imprecisiones, había caído en casi completa obsolescencia y apenas podría servir como mera curiosidad histórica.

En ese largo artículo sostuvimos varias tesis, de las cuales pueden rescatarse tres para este escrito, pues considero que continúan siendo discutibles:

1. La primera tesis citaba que la pretensión de químicos, genetistas y biólogos moleculares de reducir los problemas de la sistemática, a aspectos bioquímicos, moleculares y a genes, era una proposición reduccionista muy antigua, al igual que la de algunos morfológicos,

y cuando menos tenía medio siglo de existencia. En ese lapso habían surgido más tropiezos que éxitos, más callejones sin salida que dinámicas y prometedoras avenidas de conocimiento. Sin embargo, los descubrimientos y avances técnicos de la última década nuevamente se perfilaban como muy promisorios y de hecho así está ocurriendo.

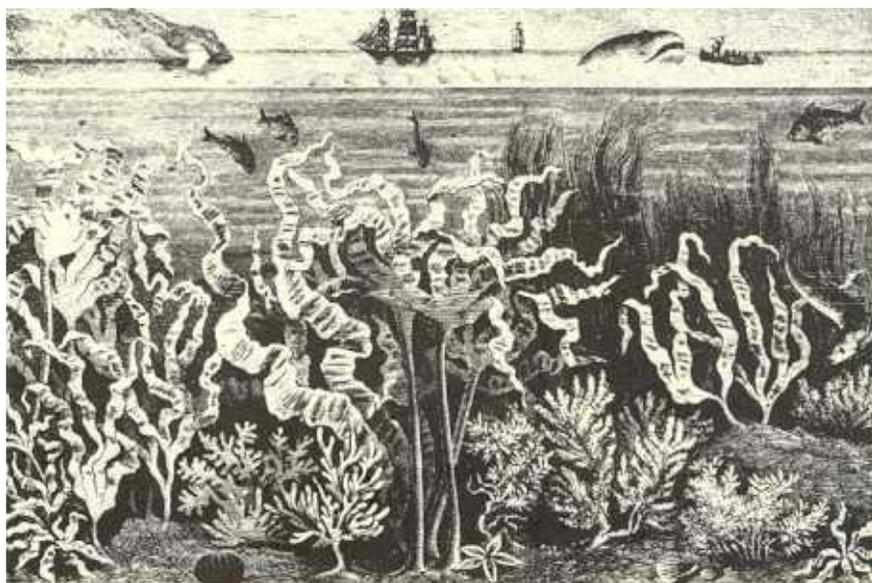
Ilustramos entonces varios casos relacionados con la electroforesis, el estudio de metabolitos secundarios complejos asociados con diferenciación micromorfológica, por ejemplo, lípidos en insectos, y también discutimos diversos aspectos relacionados con la secuenciación de ácidos nucleicos: ADN mitocondrial y ARN ribosomal. En esta tesis concluimos que el valor taxonómico de los caracteres moleculares tenía

gran potencial, pero este valor, o su importancia, eran diferentes para cada tipo macromolecular, en la escala jerárquica de la filogenia biótica.

2. La segunda tesis señalaba que la discusión en sistemática molecular recurrentemente confundía y amalgamaba una mezcla de distintos problemas, que incluían, desde el valor de los caracteres y las técnicas para su estudio u obtención de ellos, hasta varios aspectos de la filogenia, como lo son la cronística, la genealogía, la polaridad o dirección evolutiva y el significado evolutivo de la similitud, así como una variedad de métodos de análisis, los cuales era necesario diferenciar para aportar respuestas más precisas, pues de lo contrario se caía —de modo encubierto— en las mismas discusiones bizantinas que ya se habían superado con la polé-

**Jorge Llorente Bousquets:** Museo de Zoología, Facultad de Ciencias, UNAM y Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad

Mesa redonda de Sistemática molecular, 27 de agosto de 1992. Facultad de Ciencias, UNAM



mica de dos décadas entre las tres escuelas de pensamiento taxonómico moderno, a saber: la fenética, la cladística y el gradismo. Con la constante confusión de los problemas no se alcanzaban posibles soluciones y avances en sistemática molecular.

3. La última tesis decía que los datos bioquímicos y moleculares no son la panacea para la reconstrucción filogenética, pues nos hace falta conocer más acerca de sus funciones, variaciones y distribución en el mundo orgánico, al igual que de muchos otros caracteres morfológicos, antes de especular sobre su importancia y valor en el establecimiento de las afinidades evolutivas de las especies. Los datos moleculares o los morfológicos, por sí solos, no son la respuesta a cada problema filogenético; existe una única historia filogenética por explicar, de modo que conjuntos de evidencia independientes pero congruentes entre sí, apuntan al descubrimiento de ese patrón histórico. En abstracto, no existe superioridad de alguno de los conjuntos de caracteres; por otra parte, es de esperarse una gran complementariedad entre ambos tipos de

estudios en la filogenia y clasificación de los seres vivos.

Como decía antes, después de cinco años, nuestras tesis son discutibles; estoy convencido de que pueden considerarse conservadoras y en cierto modo —para algunos— son tesis miopes ante la avalancha de datos, ideas y especulaciones que se han generado durante ese lapso. Pero, para otros, el adjetivo conservador adjudicado a nuestras tesis no necesariamente tiene un sentido peyorativo, sino que puede significar que son prudentes y escépticas, como a menudo ocurre en la ciencia hasta que no haya teorías de mayor amplitud de explicación, mejores métodos y un ordenamiento sistematizado de toda esa inmensa masa de datos que se han generado, en nuestro caso, de los datos moleculares que comienza a incrementarse a velocidades cada vez mayores.

No obstante, en la plática que sostuve con Adrián Nieto, alcanzamos a reconocer que más allá del debate científico respecto a los buenos y mejores caracteres, los malos y los peores métodos de análisis de caracteres, quedaba nuestra capacidad de asombro, sorpresa

y cierto grado de fascinación sobre los nuevos descubrimientos y sus posibles implicaciones en todo el aparato teórico y conceptual de la biología en nuestros días, en particular en la sistemática, la evolución y la biogeografía, que son las ciencias fundamentales en la biología histórica y a la vez un eje vertebral de la biología comparada.

De hecho, esta situación anímica que se genera en un biólogo como yo, al ver el vertiginoso aumento de conocimientos genéticos y moleculares, fue promovida por mis colegas y amigos que están más cercanos a la biología molecular, particularmente Antonio Lazcano, quien hace un par de años revisó el capítulo de colofón de un librito mío intitulado *La búsqueda del método natural*. En ese capítulo denominado "Más allá del método" sintetice algunos de los problemas e incógnitas que prevalecen al descubrir aspectos sobre la dinámica del ADN, la asociación endosimbiótica y la migración horizontal de elementos de ADN. Señalo esto, no por recomendar mi libro, sino porque quiero que se advierta que en este campo uno está obligado a admitir la enorme contribución a la sistemática que ha generado la biología molecular; también véase que la disociación o divergencia generacional, al menos en la que se ha dado en mi generación, entre biólogos de laboratorio y biólogos de museo, es una aberración que hay que rechazar en estos tiempos modernos. Tal vez algunos de los descubrimientos más interesantes estarán precisamente en el ámbito de la evolución molecular, para lo cual requerimos prepararnos y preparar sólidamente a los estudiantes de hoy en sistemática y biología molecular; es primordial que cuentapatas y calculistas de moléculas converjan en el mismo campo de conocimientos.

Durante este tiempo han aparecido antologías de gran valor, que son muy ampliamente citadas lo que refleja parte de su impacto; por ejemplo está el libro de sistemática molecular de David Hillis y Craig Moritz que apareció en 1990, el libro de Colin Paterson de 1988 que en su título asimila las controversias científicas: *Moléculas y morfología en evolución: ¿conflicto o compromiso?*; el de Ho y Fox, de 1988, que recoge varios aspectos moleculares en evolución y recientemente apareció, un libro de sistemática molecular en plan-



Foto: HCAR/8, Weill

tas de Soltis y Doyle; hay más textos y éstos tres sólo son algunos de los más importantes; además existe un creciente número de artículos originales y revistas especializadas en estos tópicos. El hecho de que aparezcan tantas publicaciones al respecto, revela que se comienzan a generar un nuevo lenguaje y un discurso renovador alrededor de la sistemática, con una cierta tendencia hacia la especialización en el área de la sistemática y la evolución molecular y ello indica, a su vez, la vitalidad que este área del conocimiento está tomando y que se manifiesta en la mayor frecuencia de reuniones y en el aumento de grupos y asociaciones en torno a esos temas científicos.

La segunda parte de mi escrito es muy breve y es consecuencia de la primera, ya que está relacionada con aspectos biotecnológicos y la conservación de la biodiversidad.

La última década ha estado fuertemente impregnada por aspectos importantes de la biología; así, la ecología, la biotecnología o la medicina con bases moleculares y la conservación de la biodiversidad, son tres puntales de gran interés, que han conmovido todos los ámbitos sociales. La relevancia política que adquirieron los aspectos biotecnológicos y la biodiversidad, culminó en una reunión de jefes de Estado en junio de 1992; ésta ha sido la mayor reunión de esa naturaleza, en toda la historia de la humanidad.

Aquí mismo, en México, país que se encuentra entre los cinco primeros lugares en megadiversidad, se ha despertado una gran efervescencia e interés por la conservación y uso sostenido de genes, especies y ecosistemas, lo que ha llevado a reestructurar los organismos relacionados con los aspectos "ecológicos", en los que está obligado a participar el Estado.

México, por su riqueza en recursos naturales (fauna y flora) y culturales, debería tener una vocación biotecnológica, para la que requiere de un mayor desarrollo de tres de sus pilares científicos más importantes: la etnobiología, la biología molecular y la biología comparada. Para ello es indispensable emprender una estrategia que nos permita ampliar la formación de recursos humanos *ad hoc*, pues los que hay en México aún son muy pocos. En la Facultad de Ciencias de la UNAM se está traba-

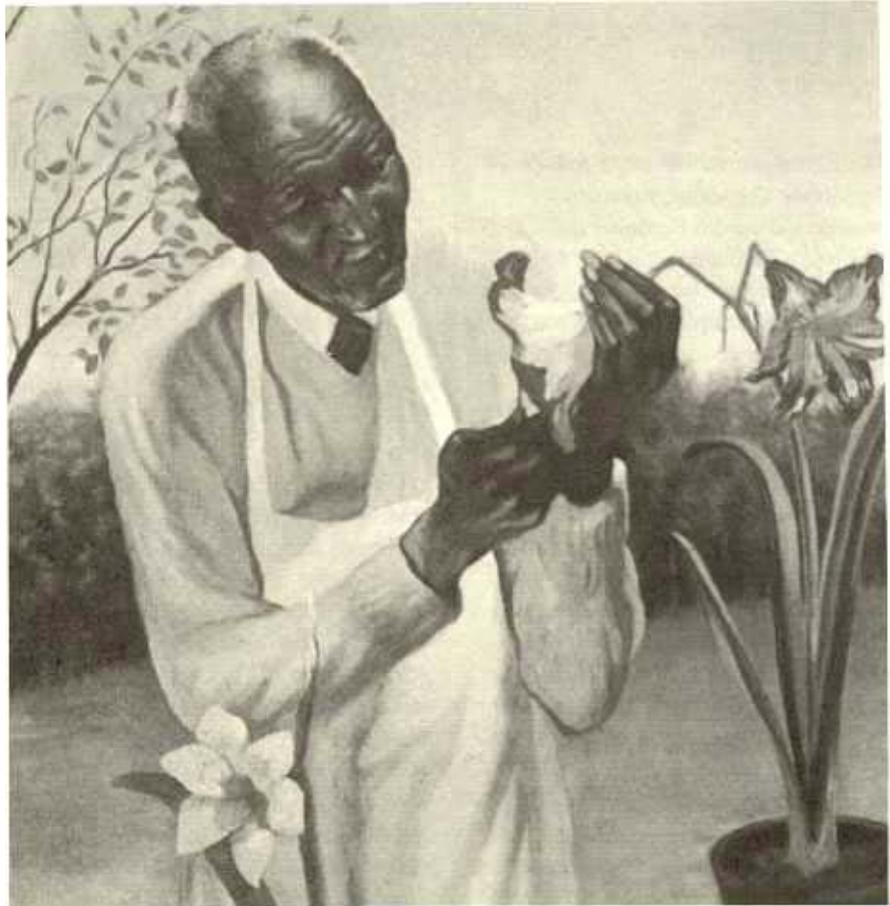


Foto: Smithsonian Institution

jando en diseñar nuevos planes de estudio, lo que nos brinda una oportunidad innegable para organizarlos y orientarlos hacia la formación e información rica en biología molecular y comparada, y en etnobiología.

La sistemática pasó a segundo plano en las décadas de 1960 y 1970, mientras que la ecología y la biología molecular ocuparon sitios privilegiados de interés en ese mismo tiempo. Sin embargo, la preocupación social por la conservación de la biodiversidad, teniendo en cuenta los aspectos biotecnológicos, ha jugado un papel muy importante para persuadir a la comunidad científica, y a la sociedad, sobre el valor de la sistemática. Sus avances teóricos, metodológicos y conceptuales, así como su relación cada vez más formal y rigurosa con la evolución y la biogeografía, la han hecho recuperar el lugar muy destacado dentro de la biología, que tuvo desde tiempos decimonónicos.

El desafío actual ya no es sólo inventariar ecosistemas y especies; las demandas contemporáneas a la sistemática nos obligan también a estudiar las

macromoléculas, tarea que hay que iniciar con un inventario de especies que está a medias y con numerosos defectos, incluyendo los deficientes sistemas de museos y colecciones que tenemos. Sin embargo, habrá que hacerlo.

También tendremos que hacer que los cementerios en los que trabajan los sistematas se reestructuren para empaquetar con los modernísimos y equipados laboratorios de los biólogos moleculares, siempre teniendo en mente que la labor de campo, en la cual el ecólogo y el biogeógrafo tienen gran experiencia, es fundamental.

Cuentapatas, miraestambres y calculistas de moléculas, tienen ante ellos problemas muy similares: la reconstrucción de la historia de la vida y la distribución de los caracteres de los organismos, cuyo conocimiento puede tener implicaciones biotecnológicas de gran valor económico y social. Trabajemos para ello, el futuro nos lo exige y las nuevas generaciones nos lo demandan, pues serán ellas las más creativas y las más productivas, al menos esa siempre es la esperanza.