

Sistemática: su historia, sus métodos y sus aplicaciones en las serpientes del género *Conopsis*

Irene Goyenechea*

Recepción: 27 de octubre de 2005

Aceptación: 10 de agosto de 2006

Instituto de Ciencias Básicas e Ingeniería, Área Académica de Biología, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo.

Ciudad Universitaria, carretera Pachuca-Tulancingo km. 4.5, Pachuca de Soto, Hidalgo, México. C.P. 42184. Tel. (771) 717 2000, ext. 6657, 6642 y 2112.

Correo electrónico: ireneg@uaeh.edu.mx

Resumen. La sistemática es una disciplina de la biología que a lo largo de su historia ha pasado por cambios fundamentales en sus conceptos y métodos. Este trabajo resume brevemente su historia, además de mostrar algunos de los conceptos fundamentales para realizar sistemática filogenética. Se presenta un estudio de caso realizado con las culebras del género *Conopsis* para ilustrar las ventajas y desventajas de usar caracteres morfológicos y moleculares, así como de analizar los conjuntos de caracteres por separado y combinándolos.

Palabras clave: sistemática, historia, cladística, serpientes, *Conopsis*

Systematics: History, Methods and Applications on Snakes form the Genus *Conopsis*.

Abstract. Systematics as a part of Biology has been through changes on concepts and methods during its history. Here I briefly resume this history and show the principal concepts for phylogenetic systematics as well as a study case including data from the snake genus *Conopsis* that indicate advantages and disadvantages of using morphological and molecular characters, as well as the analysis of separate or combined data and the taxonomic consequences derived from the results.

Key words: systematics, history, cladistics, snakes, *Conopsis*

Introducción

La sistemática es la ciencia que estudia la diversidad biológica, trata de entender las relaciones evolutivas de los organismos e interpretar la manera en que la vida se ha diversificado y cambiado a través del tiempo (Wiley, 1981: 6). Por esto, es una ciencia con un campo de acción muy grande.

Sin embargo, la sistemática persigue objetivos muy concretos que pueden resumirse en: *a)* describir la diversidad biológica; *b)* encontrar el orden que subyace a la diversidad; *c)* comprender los procesos que son responsables de la generación de esa diversidad; y *d)* presentar un sistema general de referencia sobre la diversidad.

La sistemática ha existido desde que el hombre tiene conciencia del medio que lo rodea, ya que siempre ha tenido la necesidad de clasificar o separar en grupos o categorías no sólo el mundo viviente, sino todo cuanto le rodea.

Imaginemos por un momento, y a manera de ejemplo, la forma en la que un niño pequeño separa sus juguetes. Lo hace por tamaño, pero también los agrupa por categorías: los muñecos, los automóviles, las pelotas. Sin tener otro objetivo que el de separarlos con fines utilitarios, él está ya de manera empírica clasificando el mundo que lo rodea. Lo mismo le ha sucedido al hombre desde tiempos remotos.

Pero la clasificación de los seres no sólo puede hacerse con base en cuestiones utilitarias, sino que, y es mucho más impor-

tante, se puede hacer buscando las relaciones de parentesco que hay entre los organismos, y éste es realmente el objetivo que ha trascendido a través del tiempo: realizar una clasificación natural del mundo viviente, si tomamos en cuenta que todo en esta vida tiene un orden que debemos encontrar.

1. Historia

Debido a que uno de los principales objetivos de la sistemática es clasificar a los seres vivos, su historia está inmersa en la historia de la clasificación. Por lo tanto, se hace aquí una breve reseña histórica para ofrecer un panorama del desarrollo de esta ciencia a través del tiempo. Esta reseña se resume en el cuadro 1.

Las culturas anteriores al uso de la escritura (prelitterarias) clasificaban a la naturaleza de acuerdo con su utilidad. Por ejemplo, las plantas se clasificaban en comestibles, venenosas y medicinales (Jones, 1986: 12). Actualmente, las plantas se agrupan de acuerdo con sus relaciones naturales y filogenéticas a nivel de especie, género, familia e incluso a niveles superiores.

Las civilizaciones de la prehistoria conocían y usaban casi todas las plantas de cultivo importantes que se producen hoy en día. Asimismo, las culturas indígenas que habitan en la actualidad en el planeta reconocen y tienen nombres precisos para un gran número de plantas del ambiente en que viven. Algunas usan plantas venenosas para matar peces o para envenenar las puntas de sus flechas; otras las usan como fármacos para tratar heridas o enfermedades o con fines alucinógenos (Jones, 1986: 12).

Estas aseveraciones en relación con el uso de las plantas pueden hacerse lo mismo para el conocimiento y uso de los animales, sobre todo para los vertebrados.

Los sistemas de clasificación de las culturas prelitterarias con frecuencia reúnen conceptos de clasificación paralelos y se les da el nombre de taxonomía folk o tradicional; esto es, las clasificaciones que se han desarrollado en la sociedad como producto de las necesidades de la misma y sin trabajo científico.

A continuación se describen, a manera de ejemplo, los trabajos realizados con los Fore de Nueva Guinea para contrastar el nivel de entendimiento que esta cultura tiene en cuanto a reconocer las especies que los rodean en comparación con el de los taxónomos modernos. Este ejemplo es tomado de Llorente-Bousquets (1990: 40-44).

Los Fore de Awande (Nueva Guinea) tienen un vasto cono-

La sistemática es la ciencia que estudia la diversidad biológica, trata las relaciones evolutivas de los organismos vivos y la manera en que éstos han diversificado y cambiado a través del tiempo.

cimiento de las aves con las que conviven, y esto se constató con los resultados derivados de un proyecto de investigación del Museo Americano de Historia Natural durante la década de los sesenta. En él los investigadores compararon el total de entidades con nombres científicos modernos (especies) contra las entidades nombradas por los Fore, y obtuvieron una correspondencia casi total. Los científicos encontraron 192 especies, contra 188 entidades con nombres Fore. Además, se sorprendieron al conocer que los Fore, además de darles un nombre a las especies, las clasificaban dentro de varias categorías, equivalentes a las categorías de la jerarquía lineana usada por la taxonomía. Así, ellos tienen nueve categorías superiores, que a su vez se subdividen en unidades que en su mayor parte corresponden a las especies reconocidas por los científicos, por lo que existe una estrecha correspondencia en el reconocimiento de las discontinuidades, relacionada con la objetividad del concepto de especie. Además, cuando la comunidad usa una mayor parte del universo zoológico, éste tiene un mayor significado utilitario para ella, y las discontinuidades son percibidas y denominadas con mayor precisión.

Se encontró también que, a pesar de que existen especies difíciles de observar, éstas son bien distinguidas y denominadas, aunque no con la precisión aplicada a las que son muy utilizadas. Además, los Fore tienen un sistema de categorías de clasificación superior (por encima del nivel de especie) que, aunque es relativamente pobre, se relaciona con las distintas 'formas de vida' de los animales.

Cuadro 1. División histórica de la Sistemática de acuerdo con algún acontecimiento importante realizado por algún autor o cultura.

Periodo	Acontecimiento, principio de clasificación
Taxonomía precientífica	Utilidad
Griegos: Aristóteles	División lógica
Linneo	Nomenclatura binominal, sistema sexual
Adanson	Busca sistema natural (muchos caracteres)
Lamarck, Cuvier	Dimensión temporal (fósiles), árbol filogenético;
Darwin	Genealogía
Simpson	Ancestría-descendencia
Mayr	Aislamiento reproductivo
Sneath, Sokal	Similitud total
Hennig	Genealogía, sistemática filogenética
Rosen, Nelson y Platnick	Desarrollo de la cladística

Con este estudio se pudo comprender que la clasificación de la naturaleza es necesaria e intrínseca al hombre.

Independientemente de la concepción que tuvieron o tienen las culturas étnicas, el desarrollo histórico de la sistemática puede rastrearse desde la cultura griega, representada por Aristóteles (384-322 a. C.). Este autor distinguió en los animales una discontinuidad principal, que conducía a la formación de dos grandes conjuntos de animales: con sangre roja (*Enaima*) y sin sangre (*Anaima*), y dividió a cada grupo en cuatro. Dentro de los *Enaima* incluyó a los cuadrúpedos que generan dentro de sí seres semejantes, a los cuadrúpedos que generan seres poniendo huevos, a los bípedos con plumas y a los peces o ápodos. Dentro de los *Anaima* incluyó a los *Malackia*, organismos con cuerpo blando y a veces una parte dura interna; a los *Malacostraka*, con cuerpo blando interno cubierto de escamas flexibles; a los *Ostracoderma*, con cuerpo blando interno cubierto de caparazón duro y quebradizo, y a los *Entoma*, animales con el cuerpo segmentado (Llorente-Bousquets, 1990: 55).

De esta forma, Aristóteles usó el principio de división lógica para formar lo que llamamos dicotomías. Él buscaba clasificar grupos que fueran diferentes por su esencia, pero para definir la esencia no bastaba un solo carácter. Así, las entidades se clasifican por la posesión de algunos caracteres esenciales, independientemente de cuánto se parezcan o difieran en otros caracteres.

Siguiendo con las aportaciones de los griegos, y tomando como base para esta reseña histórica los trabajos de Llorente-Bousquets (1990: 54-80) y Jones (1986: 12-39), podemos nombrar a Teofrasto (370-285 a. C.), discípulo de Aristóteles, a quien se le atribuyen varios cientos de manuscritos y se considera como el botánico de la época. Teofrasto resumió el conocimiento que se tenía de las plantas de aquella época y sus manuscritos tienen la característica de que son semejantes a notas para impartir clases, por lo que son por demás claros y didácticos. Él clasificó a las plantas en cuatro grupos: las hierbas, los subarbustos, los arbustos y los árboles. La calidad de las contribuciones de los griegos fue tal que estos trabajos no se mejoraron sino hasta después de la Edad Media. Sin embargo, es posible destacar algunos personajes que contribuyeron al desarrollo de la sistemática antes de la Edad Media.

Plinio el Viejo (23-79 d. C.) intentó recopilar el conocimiento que existía en el mundo en una enciclopedia de 37 volúmenes, de los cuales nueve los dedicó a las plantas medicinales. La relación de plantas que hizo se mantuvo como única reflexión sobre las hazañas que realizó Teofrasto en Grecia.

Por otra parte, Dioscórides (siglo I d. C.) fue considerado el botánico más importante después de Teofrasto. En su

libro incluye la descripción de 600 plantas medicinales, de las cuales cien no habían sido descritas por Teofrasto. Este libro no era un intento deliberado de clasificación; aunque algunas plantas como las leguminosas que se consideran en la actualidad estrechamente emparentadas se agrupaban en su libro. Éste contenía menos botánica que el de Teofrasto, pero su utilidad en medicina hizo que se le considerara como el trabajo sobre el conocimiento de las plantas más importante hasta el final de la Edad Media.

Con la llegada del Renacimiento se revitalizó el espíritu científico. La invención de la imprenta con tipos móviles permitió que los libros estuvieran disponibles para el público. Estos libros o herbarios eran empleados por la gente que recolectaba y cultivaba plantas medicinales; los herbarios se escribían con propósitos utilitarios.

En México, la cultura mexica desarrolló jardines botánicos en donde cultivaron plantas alimenticias y ornamentales, además de usar hierbas medicinales. El Códice Badiano es un herbario mexica compilado en 1522.

Andrea Cesalpino (1519-1603) fue seguidor del razonamiento y la lógica aristotélicas. Sugirió una clasificación que utilizaba un enfoque filosófico más que utilitario, y que se basaba en los rasgos de las plantas. Siguió la metodología de clasificación descendente por división lógica; esto es, comenzar con un cierto número de clases fácilmente reconocidas (por ejemplo, árboles, arbustos o hierbas) y posteriormente subdividir estas clases en grupos subordinados o subclases definidas por caracteres únicos. Influyó profundamente en algunos botánicos de épocas posteriores, incluyendo a De Tournefort, Linneo y otros (Jones, 1986: 18).

John Ray (1627-1705), de nacionalidad inglesa, desarrolló un sistema de clasificación que se basaba en las relaciones de la forma, en el que agrupó a las especies o plantas que mantenían un parecido entre sí. Consideró que una clasificación adecuada reunía a las plantas con rasgos similares y separaba a aquellas que no se parecían o cambiaban en sus características (Jones, 1986: 19). Fue el avance más importante de la botánica del siglo XVII e influyó en el pensamiento de las familias De Jussieu y De Candolle. Con el trabajo de Ray se pueden ver los inicios de la clasificación natural; esto es, el agrupamiento de aquellas plantas que están relacionadas entre sí.

Linneo (1707-1778), conocido naturalista sueco, usó en forma consistente un sistema de nomenclatura de referencia, el sistema de nomenclatura binomial. Además, propuso un sistema de clasificación sexual de las plantas. Dividió a las plantas en 24 grupos basados en gran parte en el número y longitud de los estambres.

La virtud del sistema sexual artificial de Linneo es su simplicidad. Éste era útil para identificación, pero no ha-

cía hincapié en las relaciones naturales de los grupos; así, muchas plantas distintas entre sí se incluían en el mismo grupo. En la actualidad, su trabajo se considera como la culminación del intento por crear un sistema de identificación y clasificación de las plantas de fácil manejo. Aunque su mayor contribución fue el uso del sistema de nomenclatura binomial preciso y referible (Llorente-Bousquets, 1990: 63 y Jones, 1986: 21).

Hacia finales del siglo XVIII, la mayoría de los botánicos se dieron cuenta de que había características naturales, es decir, que se heredan de generación en generación, con lo que se desarrolló una oposición al esquema de clasificación sexual artificial de Linneo (esta oposición fue muy fuerte en Francia). Así, el objetivo principal de la botánica se convirtió en el desarrollo de un sistema de clasificación que reflejara las relaciones naturales (de ancestría-descendencia) y que además pudiera usarse en la identificación (Jones, 1986: 24).

Un sistema natural de clasificación implica que las plantas que se supone están relacionadas filogenéticamente deben agruparse en una misma categoría.

Uno de los opositores al sistema propuesto por Linneo fue el francés Michael Adanson (1727-1806), quien puso en duda la validez de la división lógica y del sistema sexual argumentando que el único método natural para clasificar era considerar en conjunto a todas las partes de las plantas y así obtener y usar tantos caracteres como fuera posible. Fue el primero en determinar cuántos caracteres debían usarse y cuáles debían tener cierta preferencia (Jones, 1986: 24). Algunos historiadores de la taxonomía encuentran en los métodos Adansonianos las raíces de la taxonomía numérica.

Siguiendo en orden cronológico es necesario hablar de J. B. P. de Lamarck (1744-1829), quien es muy conocido en el ámbito biológico por sus intentos de aportar una explicación para la idea de la evolución. Entre los taxónomos también se le conoce por el tratamiento que dio a las plantas de Francia. Puso en práctica procedimientos para determinar qué plantas preceden a otras en series naturales y estableció reglas para el agrupamiento de las especies, de los órdenes y familias (Jones, 1986: 24).

Otro botánico interesado en llegar a un agrupamiento natural de las plantas fue Antoine-Laurent De Jussieu. Con él la filosofía del sistema natural se estableció firmemente en la comunidad científica. Esta filosofía se continuó hasta que la idea de la evolución orgánica se estableció firmemente a fines del siglo XIX (Jones, 1986: 25).

A mediados del siglo XIX predominaba en el ambiente la

Dentro de la historia de la sistemática encontramos tres escuelas: la evolucionista, la fenética y la cladística.

idea de la evolución. Charles Darwin (1809-1882) y Alfred R. Wallace (1823-1913) escribieron en conjunto un artículo sobre la formación de las especies, y con la publicación de *El origen de las especies* de Darwin en 1859 el cambio en la biología fue irreversible (Jones, 1986: 29).

Además de estas aportaciones a la biología, Darwin contribuyó en la taxonomía pues reconoció ciertas reglas de clasificación. Sostuvo que los organismos están formados por linajes, los taxa deben basarse en caracteres correlacionados y éstos deben sopesarse con base en información *a posteriori* (Jones, 1986: 29).

Además de las aportaciones hechas por los botánicos, los estudios realizados con fósiles por Cuvier (1769-1832) fueron de gran ayuda para poder entender la aparición de los seres vivos mucho tiempo antes del presente, y por ende las ideas de la evolución de los organismos. Sin embargo, esta noción de tiempo hizo pensar a los científicos que toda especie fósil pertenece a un grupo ancestral de las especies vivientes, lo cual no en todos los casos es cierto. Otra aportación de Cuvier a la taxonomía fue la de estudiar las partes de los organismos tomando en cuenta su origen u homología (Llorente Bousquets, 1990: 79).

Después de la publicación de la obra de Darwin, las ideas que dominaron en la taxonomía de principios y mediados del siglo XX se centraban en buscar ancestros o eslabones perdidos a través de fósiles o de grupos vivientes con caracteres intermedios; en producir diagramas filogenéticos que conectaran los distintos 'tipos' de seres vivos; en describir y analizar las variaciones morfológicas en las poblaciones que componen una especie; en estudiar caracteres no morfológicos o no tradicionales en la taxonomía de muchos grupos, y en tratar de entender el significado de la hibridación en la generación y el mantenimiento de las especies. Pero sobre todo, cuando el impacto de la teoría de la evolución fue evidente, los taxónomos empezaron a integrar los conceptos evolutivos en sus clasificaciones. Trataron de ordenar a los grupos naturales en una secuencia evolutiva y de desarrollar sistemas de clasificación evolutivos o filogenéticos; es decir, que reflejaran la evolución (Llorente-Bousquets, 1990: 80).

2. Las escuelas en sistemática

2.1. Evolutiva o tradicional

Según algunos de sus seguidores (Mayr y Ashlock, 1991: 243), esta escuela proviene directamente de la herencia darwiniana. Estos seguidores también han sostenido que el

tipo de clasificaciones que realizan es superior a cualquier otro tipo, debido a que en ellas se reflejan tanto la evolución, entendida como la causa del sistema natural de clasificación, por lo que representa la jerarquía de la evolución (Mayr y Ashlock, 1991: 163), así como los grados de similitud y divergencia y el parentesco filogenético. Sin embargo, esta escuela no tiene un método con el cual se puedan contrastar hipótesis filogenéticas diferentes y, en el caso de querer decidir cuál de dos hipótesis es superior, siempre se considera más adecuada la propuesta por un taxónomo reconocido, experto en el grupo en cuestión. Además, al tratar de incorporar en la clasificación varios aspectos evolutivos (la secuencia de los eventos de separación entre taxa así como la divergencia fenética), el resultado es ambiguo, pues pueden reconocer grupos no naturales, o grados. El concepto de grado es esencial para los seguidores de esta escuela, pues se define como un grupo cuya evolución puede reconocerse por un conjunto de caracteres adaptativos (o de interacción con el ambiente; Amorim, 1997: 107). Así, muchas especies descendientes de un taxón ancestral pueden mantener las características originales de hábitat, nicho, comportamiento, etc., pero a lo largo de la evolución del grupo puede ocurrir que alguno de sus descendientes invada un nuevo nicho o hábitat, con lo que se forman grupos distintos entre los ancestros y los descendientes, por lo que el nuevo grupo formado debido a los caracteres ligados al ambiente se conoce como un nuevo grado o grado evolutivo. Los grados por lo tanto son el criterio de orden para construir la jerarquía de los taxones dentro de las clasificaciones evolucionistas (Amorim, 1997: 107). Por ejemplo, los evolucionistas argumentan que las aves deben ser clasificadas en una categoría superior que la de los cocodrilos debido a que han invadido una nueva zona adaptativa (el aire),

sin importarles que tanto las aves como los cocodrilos descendan de un ancestro común inmediato y por lo tanto debieran formar parte del mismo grupo superior. Amorim (1997: 109) explica que después de que las relaciones filogenéticas entre los amniotas se han comprendido mejor, se sabe que las características de la estructura ósea, la morfología de los pulmones y otros caracteres bioquímicos compartidos entre los cocodrilos y las aves son novedades evolutivas compartidas, por lo que deben considerarse un grupo natural dentro de los amniotas. Sin embargo, las adaptaciones de los cocodrilos a la vida acuática y de las aves a la vida en el aire, hacen que los seguidores

de esta escuela los consideren grados distintos, aunque tengan una serie de caracteres que provienen de un ancestro común exclusivo de estos dos grupos, por lo que el grado que incluye a los reptiles queda incompleto si se excluyen a las aves como un grado o taxón aparte.

Los evolucionistas expresan las relaciones genealógicas de los grupos en diagramas llamados filogramas, que según los seguidores de esta escuela (Mayr y Ashlock, 1991: 264) son muy informativos, porque en ellos se pueden observar los tiempos en que apareció cada grupo; cuando algún grupo tuvo una radiación adaptativa; en qué tiempo se extinguió algún grupo, etc. Por eso en los filogramas se puede tener una escala temporal, y el ancho y largo de las ramas son diferentes.

2.2. Numérica o fenética

Los taxónomos numericistas o feneticistas surgieron como una respuesta a la falta de métodos robustos de la escuela evolutiva (Ridley, 1985: 35). Ellos proponen que las clasificaciones deben hacerse tomando en cuenta la mayor cantidad de caracteres que sea posible medir, contar y observar en los organismos, analizándolos con técnicas numéricas. Al parecer, esta idea proviene de la propuesta de Michael Adanson descrita al hablar de la historia de la sistemática.

Un aspecto importante que debe recalcarse es que los seguidores de esta escuela, si bien intentan obtener la mayor cantidad posible de información y son rigurosos en cuanto al uso de análisis numéricos, piensan que la clasificación debe hacerse con base en la similitud total, más que

en la genealogía, por lo que no están interesados en cómo es que las especies han evolucionado ni cómo una está emparentada con la otra. Así, los feneticistas no usan algún concepto de especie en particular, sino que han

propuesto al OTU (por sus siglas en inglés, UTO en español), Unidad Taxonómica Operativa, que equivaldría a la especie, pero sin tomar en cuenta las relaciones genealógicas, sino sólo el parecido entre ellas (Schrocchi y Domínguez, 1992: 21). Lo que interesa en esta escuela es evaluar cuantitativamente el grado de parecido entre las OTUs y expresarlo en un diagrama de ramificación llamado fenograma, que en su base muestra siempre una escala numérica del grado de similitud o disimilitud. Como resultado se pueden obtener clasificaciones nada congruentes con la naturaleza, basadas en un número importante de similitudes

La sistemática filogenética (cladística) se ha convertido en el método más utilizado por los sistemáticos de todo el mundo para hacer reconstrucción filogenética de grupos biológicos.

que pudieron adquirirse por convergencia. Llorente-Bousquets (1990: 116) ejemplifica esta situación mostrando que al realizar un análisis fenético es posible que una rana y un hombre con aletas (buzo) formen un grupo debido a la similitud que tienen sus extremidades.

2.3. Filogenética o cladística

La cladística o sistemática filogenética es el paradigma actual de la taxonomía. Considera que una clasificación natural es aquella basada en las relaciones genealógicas de los organismos, comúnmente expresadas en un cladograma (Morrone, 2000: 10). La sistemática filogenética se ha convertido en el método más utilizado por los sistemáticos de todo el mundo para la reconstrucción filogenética de grupos biológicos. Actualmente es el método clasificatorio más robusto y ha empezado a permear en otras disciplinas de la biología tales como la biogeografía, ecología, evolución, etología y conservación biológica. Debido a lo anterior, es pertinente hacer un recuento de cómo es que el método se conoció y permeó al mundo entero.

Willi Hennig, en 1950, publicó el libro *Elementos de una sistemática filogenética* (en alemán), en el cual se exponen los principios de la cladística. En él situó a la sistemática dentro de otras disciplinas de la biología, haciendo énfasis en que a pesar de que en general no existe un sustento teórico de la sistemática, ésta puede considerarse una ciencia y no un arte. Asimismo, propuso términos novedosos como holomorfo y semaforonte, y presentó un método robusto, objetivo y, sobre todo, que puede ser sometido a prueba (Schrocchi y Domínguez, 1992: 37).

Este método empezó a difundirse en Europa en la década de los sesenta y en América a partir de la traducción del libro de Hennig, en 1966. Algunos investigadores alemanes también siguieron dicho método y lo llevaron consigo cuando emigraron a la Argentina como refugiados (Morrone, 2000: 15).

Uno de estos investigadores, Wygodzinsky, introdujo la sistemática filogenética en Estados Unidos, cuando realizó una estancia de investigación en el Museo de Historia Natural de Nueva York y compartió el método con sus colegas americanos (Morrone, 2000: 15).

A partir de entonces, el Museo Nacional de Historia Natural de Nueva York fue uno de los centros de investigación que acogió, usó y modernizó la cladística, teniendo entre sus principales exponentes a investigadores como Donn Rosen, Nelson Platnick y Gareth Nelson, entre otros, quienes en la década de los setenta realizaron una gran cantidad de escritos usando como base para ellos la sistemática filogenética.

Sin embargo, una de las personas más importantes para

el uso generalizado de la cladística fue James Farris, quien realizó el desarrollo numérico de la cladística, proponiendo algoritmos de computadora, los cuales permiten llevar a cabo los análisis en muy poco tiempo.

La sistemática filogenética, como fue propuesta por Hennig, hace uso de caracteres homólogos para reconocer grupos monofiléticos usando un método robusto y repetible, sin importar que tanto renombre tenga el taxónomo que proponga la clasificación.

3. Conceptos en cladística

Entre los conceptos más importantes que se usan en cladística están la parsimonia, el cladograma, la homología y la homoplasia, la plesiomorfía, simplesiomorfía, sinapomorfía y apomorfía.

La parsimonia es el principio que dice que la naturaleza se comporta de manera sencilla, es decir, que no busca caminos intrincados, por lo que al realizar un análisis cladístico en donde se obtienen varios cladogramas como resultados, se prefiere el que sea más parsimonioso, es decir, que tenga el menor número de pasos.

Un cladograma es el diagrama de ramificación resultado de un análisis cladístico y en él se reflejan las relaciones filogenéticas de los taxones terminales. Según Morrone (2000: 23) se pueden nombrar las partes del cladograma como ramas a cada una de sus divisiones, donde en la punta se colocan los taxones terminales. Los nodos son las intersecciones de dos ramas, y denota que existe una relación desde el nodo y a todas las ramas que parten de él. Hay dos tipos de nodos, el nodo basal o raíz que representa la intersección o punto de partida del cladograma y los nodos internos que son las intersecciones que se dan entre ramas intermedias del cladograma.

Un paso muy importante para realizar un análisis cladístico consiste en seleccionar los caracteres que permitirán evidenciar las relaciones filogenéticas de los taxones estudiados, y debido a que Hennig propuso toda la metodología, también propuso usar nombres especiales para los diferentes tipos de caracteres que se observan en un cladograma.

Los *caracteres homólogos* son los más importantes para un análisis cladístico, pues son los que tienen el mismo origen. En otras palabras, si el carácter se encuentra en el ancestro común de dos o más taxones, o cuando un carácter es derivado directamente de otro hablamos de caracteres homólogos.

Por el contrario, tendremos *caracteres homoplásicos* cuando el carácter encontrado en dos o más taxones no se encuentra en el ancestro común, si el carácter no es derivado directamente de otro, o en otras palabras, cuando los caracteres comparados no tienen el mismo origen.

Una vez encontrados los caracteres homólogos, se evalúa su estado de carácter, es decir, si se tiene el carácter color de la flor, los posibles estados de carácter son rojos y blancos, por ejemplo. De estos estados hay que averiguar cual proviene de cual o lo que es lo mismo cual surgió primero o también qué tan arriba o abajo del cladograma se encuentran. Para estos estados de caracteres hay una terminología que puede resultar difícil de aprender, pero no lo es si pensamos en las etimologías de los términos.

El estado *plesiomórfico*, es el que surge primero en el tiempo ya que se presenta en el ancestro del grupo bajo estudio o se infiere que lo tenía el ancestro. *Plesio* significa próximo (Amorim, 1997: 12) y *mórfico* es relativo a la forma, por lo tanto está cerca de la base del cladograma.

El estado apomórfico, es el que surge del *plesiomórfico* o sea que aparece cuando el carácter original sufre una transformación. *Apo* significa lejos de (Amorim, 1997: 12), por lo que se encuentra lejos de la base del cladograma.

El que un carácter sea apomórfico o plesiomórfico es relativo, pues cuando surge un carácter evidentemente es un carácter apomórfico y conforme pasa el tiempo éste se va compartiendo con más taxones, por lo que deja de ser un estado nuevo y se convierte en un estado plesiomórfico.

Debido a lo anterior se acuñaron términos específicos tanto para los estados *apomórficos* como para los *plesiomórficos*.

Cuando surge un carácter, aparece en un solo taxón, por lo tanto tendremos un carácter apomórfico en un solo taxón o autapomórfico, o lo que es lo mismo, una autapomorfia que se define como una novedad evolutiva o un estado presente en un sólo taxón.

Cuando este carácter nuevo lo comparten dos taxones tendremos un carácter sinapomórfico, pues el prefijo *sim* significa compartido. En otras palabras, una sinapomorfia es el estado apomórfico de un carácter presente en dos o más taxones derivado del ancestro inmediato.

Cuando el carácter sinapomórfico lo comparten más de dos taxones, y por lo tanto se encuentra más hacia la base del cladograma, hablaremos de un carácter *simplesiomórfico*, es decir un carácter plesiomórfico compartido. O en otras palabras, un carácter *simplesiomórfico* o una *simple siomorfia* se entiende como un estado plesiomórfico de un carácter presente en dos o más taxones derivado de un ancestro que no es el inmediato.

4. El género *Conopsis* y la sistemática filogenética.

Existen una gran cantidad de trabajos tanto de sistemática como de biogeografía realizados a lo largo de más de 20 años usando como base el método cladístico. Si el lector está interesado en ellos puede remitirse a las revistas *Systematic Biology* (que se llamó previamente *Systematic Zoology*), *Systematic Botany*, *Cladistics* y cualquier revista periódica del grupo de interés, por ejemplo el *Journal of Herpetology* o *Herpetologica*, entre otras.

Sin embargo, para ejemplificar el método cladístico usaré los datos recabados durante varios años de estudio con las culebras del género *Conopsis* para indicar las ventajas y desventajas de usar caracteres morfológicos y moleculares, así como el análisis de los datos por separado de cada conjunto de caracteres o combinándolos y las consecuencias taxonómicas que se derivan de estos resultados.

El género *Conopsis* se ha estudiado recientemente (Goyenechea y Flores, 2000: 285; 2002: 92; 2006: 1) pues tuvo problemas taxonómicos y nomenclaturales desde que se describió. Tomando en cuenta únicamente caracteres morfológicos como son el número de escamas en la cabeza, el número de escamas en el cuerpo y la coloración se han podido distinguir al menos parcialmente varias especies y subespecies. Con estos caracteres se hizo un análisis cladístico (Goyenechea, 2000; figura 1), sin embargo, los caracteres morfológicos no permiten discernir el estado taxonómico de las especies, pues muchos de éstos caracteres son homoplásicos y se encuentran en las especies derivados de varios eventos de evolución independiente, por lo que el cladograma resultante está muy poco resuelto.

El género de serpientes *Conopsis* se usa para ejemplificar el uso de la sistemática filogenética, así como las ventajas y desventajas de usar caracteres morfológicos y moleculares.

Figura 1. Cladograma que muestra las relaciones de *Conopsis* usando sólo caracteres morfológicos.

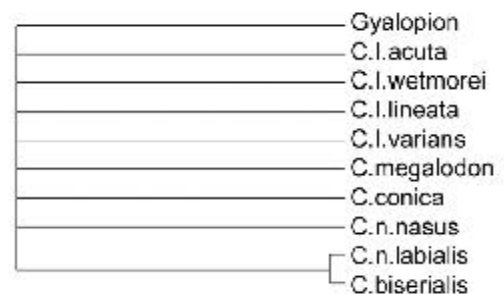
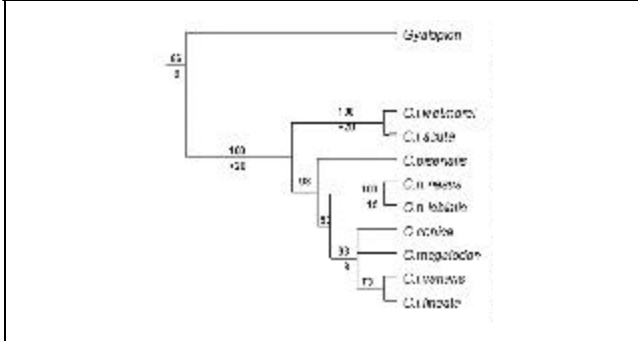


Figura 2. Cladograma que muestra las relaciones de *Conopsis* usando sólo caracteres moleculares.



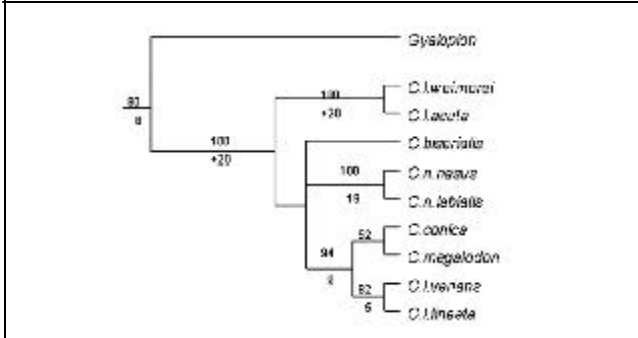
Por esta razón, se utilizaron caracteres moleculares como son los fragmentos de las secuencias de DNA de los genes ND4 y 16S, y se realizó un análisis cladístico con ellos para obtener una filogenia del género. La cual resultó más resuelta que la obtenida con los caracteres morfológicos (Goyenechea, 2000; figura 2).

A través del tiempo han existido controversias entre usar caracteres morfológicos o moleculares en estudios filogenéticos. Las diferencias esenciales en los argumentos que en ocasiones se dan en favor de los caracteres morfológicos y en otras a favor de los moleculares son: el tamaño del conjunto de datos, la facilidad para la obtención de los datos, el costo de los análisis y cuestiones filosóficas, como por ejemplo el uso de un concepto de especie diferente (Hillis y Wiens, 2000: 2, 5). Sin embargo, en la actualidad ya se acepta que ambos grupos de caracteres proporcionan información valiosa y a pesar de los posibles conflictos que puede haber entre éstos se prefiere usar ambos tipos de caracteres.

Por lo tanto, en los análisis filogenéticos de *Conopsis* se usó la información de los dos tipos de caracteres.

Los cladogramas obtenidos a partir de cada una de las dos matrices de datos se analizaron de manera indepen-

Figura 3. Cladograma que muestra las relaciones de *Conopsis* usando los caracteres morfológicos y moleculares combinados en una sola matriz de datos.



diente y luego se realizó un consenso con dichos cladogramas. Esto se hizo siguiendo la llamada congruencia taxonómica o análisis separados (Miyamoto y Fitch, 1995: 65).

Este enfoque, que fue muy aceptado a mediados de la década de los noventa requiere analizar cada conjunto de datos por separado, esperando que exista congruencia taxonómica, es decir, que haya un consenso entre las diferentes topologías apoyadas por los diferentes conjuntos de datos, por lo que se utilizan árboles de consenso para resumir la información de los agrupamientos comunes entre las topologías mejor sustentadas de las diferentes matrices de datos separadas (Miyamoto y Fitch, 1995: 65).

El objetivo de la congruencia taxonómica es encontrar un consenso de las hipótesis obtenidas por diferentes conjuntos de datos. Este análisis se lleva a cabo en tres pasos: a) la evidencia se divide en diferentes tipos de datos. b) Se obtienen hipótesis de relación para cada conjunto de datos, es decir, cladogramas fundamentales. c) Se realiza un consenso de las topologías obtenidas (Jones *et al.*, 1993: 93).

Un enfoque más reciente es el de la congruencia de carácter o evidencia total, la cual combina los conjuntos de datos individuales para maximizar la eficiencia descriptiva y el poder explicativo de la información total (Kluge, 1989: 10; Kluge y Wolf, 1993: 184).

La evidencia total usa la congruencia de caracteres para encontrar la mejor hipótesis filogenética de un conjunto de sinapomorfias sin dividir, que idealmente son todos los datos relevantes. Se encuentran proposiciones igualmente parsimoniosas (cladogramas secundarios) y se usan consensos para resumir dichas alternativas (Kluge y Wolf, 1993: 10).

Este enfoque busca encontrar una hipótesis única que explique de mejor forma los datos, lo que en cladística involucra maximizar la congruencia de caracteres (Jones *et al.*, 1993: 93).

Por lo tanto, para hacer a la filogenia más completa y siguiendo a la congruencia de carácter o evidencia total, que indica que cuando se tienen varias matrices de datos independientes, lo mejor es juntarlas en una sola matriz para obtener un cladograma resultado de éstas, los datos morfológicos y moleculares de *Conopsis* se unieron en una sola matriz para obtener una filogenia (Goyenechea, 2000; figura 3) más resuelta que las obtenidas con cada conjunto de caracteres por separado y la obtenida usando la congruencia taxonómica.

A partir de esta filogenia, se pudieron hacer varias decisiones taxonómicas, que están aun por publicarse y, por lo tanto, deben tomarse como preliminares. Por ejemplo, se descubrió que *Conopsis lineata* es polifilética, y para hacerla monofilética se tomaron sólo dos taxones de los que en la actualidad la componen. Además, se encontró que las otras dos subespecies de *C. lineata* forman un solo taxón. Asimismo-

mo, las dos subespecies de *C. nasus* se agruparon como un solo taxón y las dos especies restantes, *C. conica* y *C. megalodon*

también se conformaron como una sola especie.

1618

Bibliografía

- Amorim, D. de Souza (1997). *Elementos básicos de sistemática filogenética*. Holo Editora y Sociedad Brasileira de Entomología, Brasil.
- Goyenechea, I. (2000). *Filogenia del género Conopsis Günther, 1858 (Serpentes: Colubridae) con un análisis cladista del grupo de pequeñas culebras de norteamérica*. Tesis de Doctorado. Fac. Ciencias UNAM, México.
- _____ y O. Flores-Villela (2000). "Designation of a Neotype for *Conopsis nasus* (Serpentes: Colubridae)". *COPEIA*. 2000 (1).
- _____ (2002). "The Taxonomic Status of the Snake Genera *Conopsis* and *Toluca* (Colubridae)". *Journal of Herpetology*. 36 (1).
- _____ y O. Flores-Villela (2006). "Taxonomic Summary of *Conopsis* Günther, 1858 (Serpentes: Colubridae)". *Zootaxa*. 1271.
- Hillis, D.M. y J.J. Wiens (2000). "Molecules Versus Morphology in Systematics: Conflicts, Artifacts, and Misconceptions". *Phylogenetic Analysis of Morphological Data*. Smithsonian Institution Press, Washington.
- Jones, S.B. Jr. (1986). "Historia de la clasificación", *Sistemática vegetal*. McGraw Hill, México.
- Jones, T.R., A.G. Kluge y A.J. Wolf (1993). "When Theories and Methodologies Clash: A Phylogenetic Reanalysis of the North Ambystomatid Salamanders (Caudata: Ambystomatidae)". *Systematic Biology*. 42.
- Kluge, A.G. (1989). "A Concern for Evidence and a Phylogenetic Hypothesis of Relationships Among *Epicrates* (Boidae, Serpentes)". *Systematic Zoology*. 38.
- Kluge, A.G. y A.J. Wolf (1993). "Cladistics: What's in a Word?". *Cladistics*. 9.
- Llorente-Bousquets, J. (1990). *La búsqueda del método natural*. Fondo de Cultura Económica, México.
- Mayr, E. y P.D. Ashlock (1991). "Evolutionary Classification", *Principles of systematic zoology*. McGraw Hill, Nueva York.
- (1991). "Evolution and classification", *Principles of systematic zoology*. McGraw Hill, Nueva York.
- Miyamoto, M.M. y W.M. Fitch (1995). "Testing Species Phylogenies and Phylogenetic Methods with Congruence". *Systematic Biology*. 44.
- Morrone, J.J. (2000). *El lenguaje de la cladística*. Fomento Editorial UNAM. México.
- Schroch, G.J. y E. Dominguez (1992). *Introducción a las escuelas de sistemática y biogeografía*. Fundación Miguel Lillo. Argentina.
- Ridley, M. (1985). "The Techniques and Justification of Phenetic Taxonomy". *Evolution and Classification. The Reformation of Cladism*. Longman, Londres.
- Wiley, E. (1981). *Phylogenetics the Theory and Practice of Phylogenetic Systematics*. John Wiley. Nueva York.