



# El árbol de la vida: una representación de la evolución y la evolución de una representación

**Eduardo Spivak**

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales,  
Universidad Nacional de Mar del Plata

*La representación de los resultados de la evolución de la vida por medio de la analogía con un árbol ha cambiado a lo largo del tiempo. Han evolucionado tanto su apariencia como los métodos empleados para su construcción.*

La ciencia es una actividad social, y quienes la practican deben intercambiar ideas con la mayor claridad y también datos con la mayor exactitud. Para ello, utilizan una gama de recursos que van desde expresiones matemáticas y gráficos hasta palabras del lenguaje cotidiano, además de unos cuantos neologismos (en general, se trata de términos técnicos inventados a propósito). Una tercera posibilidad es una representación visual, por ejemplo, un dibujo o un esquema.

Tanto para los textos como en las ilustraciones, los científicos muchas veces 'toman prestadas' palabras o imágenes de otros ámbitos. Tal es el caso de Rutherford, por ejemplo, quien hace ya tiempo comparó la estructura del átomo con un sistema solar. Más recientemente, conceptos que provienen del campo de la comunicación humana se utilizaron para describir aspectos básicos de la biología molecular. Así, las palabras 'transcripción', 'traducción', 'código', 'mensajero' o 'receptor' pasaron a tener un nuevo significado en el lenguaje de los laboratorios, entre tubos de ensayo, guardapolvos e instrumentos sofisticados.

El procedimiento de usar palabras, conceptos o imágenes en un nuevo contexto resulta en la creación de metáforas, cuando se dice que una cosa es otra en un sentido general (por ejemplo: el átomo es un sistema solar en miniatura), o analogías, cuando se razona sobre la base de la existencia de atributos semejantes en seres o cosas diferentes, imaginando una cosa *como si fuera* otra (algunas

propiedades del átomo pueden comprenderse considerándolo como si fuera un sistema solar en miniatura). Las metáforas y, quizá en mayor grado, las analogías son interesantes desde el punto de vista epistemológico pues sirven como modelos para construir nuevos conocimientos, pero también son útiles en la comunicación intra e interdisciplinaria, y en la enseñanza y popularización de la ciencia. Los procesos de su construcción e interpretación son, además, un fértil terreno para los estudios de los procesos cognitivos.

En este artículo se trata de exponer la historia de una representación de la evolución de los seres vivos: el 'árbol de la vida'. Se narrará cómo surgió la idea de describir la evolución biológica usando como un modelo la imagen de un árbol con sus ramificaciones, y cómo esa imagen fue cambiando a lo largo de dos siglos. En una reciente actualización que apareció en la revista norteamericana *Science* se definió a esta representación como una 'metáfora del gran esquema de la evolución'. Sin embargo, Charles Darwin, el 'padre de la teoría de la evolución', ilustró por medio de un árbol no solo el resultado de la evolución (los organismos actuales y sus ancestros) sino también sus causas (por ejemplo, los conceptos de selección natural y la supervivencia del más apto; ver recuadro 'El árbol de la vida, según Darwin'). El uso del árbol como modelo descriptivo y explicativo permite caracterizarlo más adecuadamente como una analogía de la evolución.

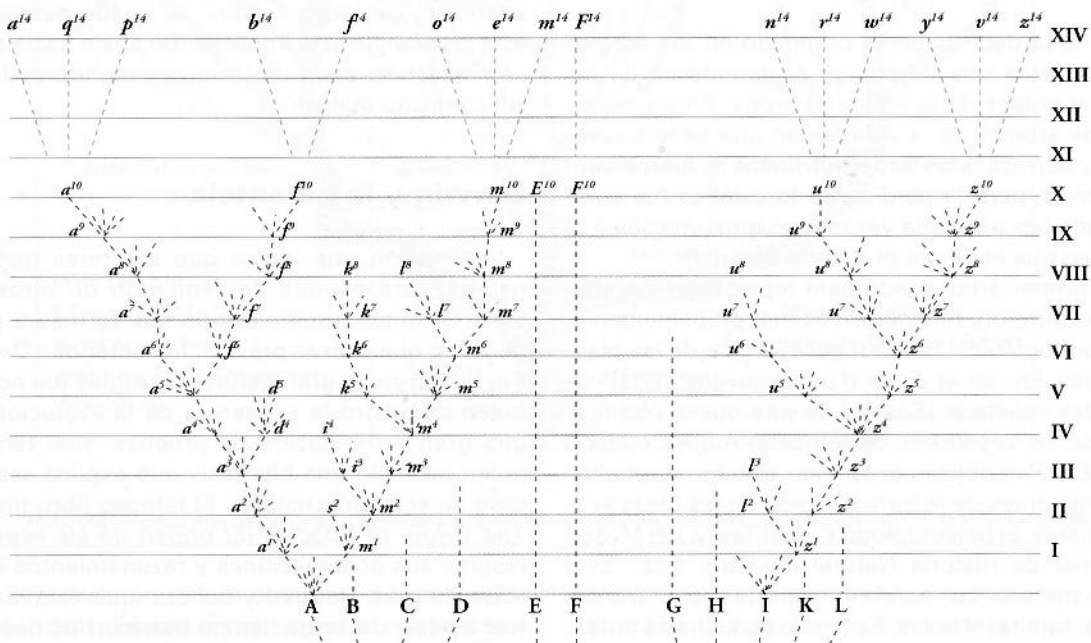


Figura 1. Única figura de *El origen de las especies*, de Charles Darwin. Se trata de un diagrama con ramificaciones, que expone la genealogía de un conjunto de organismos hipotéticos descrito en el capítulo 4.

## El árbol de la vida, según Darwin

‘Las afinidades de todos los seres de una misma clase han sido representadas, a veces, por un gran árbol. Yo creo que esta comparación\* nos dice la verdad en grado sumo. Las ramitas verdes y con brotes pueden representar las especies que existen; y aquellas producidas durante los años anteriores pueden representar la larga sucesión de especies extinguidas. En cada período de crecimiento, las ramitas que crecen han tratado de ramificarse en todas direcciones, y de superar y matar las ramas y ramitas que las rodean, de la misma forma que las especies o grupos de especies han derrotado en todo momento a otras especies en la gran batalla por vivir. Las ramas principales se dividen en ramas grandes, y estas en otras más y más chicas, que fueron a su vez, cuando el árbol era joven, ramitas con yemas, y esta conexión de yemas antiguas y presentes por ramificaciones puede representar bien la clasificación de todas las especies vivientes y extintas en grupos

subordinados a grupos. De todas las ramitas que florecieron cuando el árbol no era más que un arbusto, solo dos o tres, ahora transformadas en grandes ramas, sobrevivieron y llevan a las otras ramas: igualmente ocurre con las especies que vivieron durante períodos geológicos lejanos, muy pocas han dejado descendientes vivos y modificados. Desde el primer crecimiento del árbol, se han secado y caído ramas: estas ramas caídas de varios tamaños pueden representar órdenes, familias y géneros enteros que no tienen representantes vivientes en la actualidad, y que se conocen solo en estado fósil. Así como vemos aquí o allí una delgada rama creciendo desordenadamente a partir de una horqueta baja de un árbol, que ha sido favorecida por el azar y que está aún viva en su extremo, ocasionalmente podemos ver un animal como el ornitorrinco o la lepidosirena, que en cierta medida se conectan por sus afinidades con dos grandes ramas de la

vida, y que aparentemente se salvaron de la fatal competencia por habitar lugares protegidos. Así como las yemas al crecer originan nuevas yemas, y estas, si son vigorosas, se ramifican y sobrepasan muchas ramas débiles, yo creo que ha ocurrido por generaciones con el gran Árbol de la Vida, que llena con sus ramas rotas y muertas la corteza de la tierra y cubre su superficie con sus ramas hermosas y ramificadas.’

(Del capítulo 4, ‘Selección natural o la supervivencia del más apto’. DARWIN C, 1872, *The Origin of Species*, 6th edition, The Modern Library, New York, pp. 170-171).

Traducción del autor: \*La palabra *simile* del texto original fue traducida aquí como ‘comparación’, que es más usual que *simil*. Es sin embargo interesante aclarar que ‘*simil*’ se define también como una figura retórica, al igual que *metáfora*.

### El primer árbol de la vida

La idea debe haberse originado en los árboles genealógicos que describían el parentesco de los reyes y nobles de la antigua Europa. En un principio, los árboles de la vida tenían una belleza compleja y barroca. Más tarde, sus líneas se fueron simplificando, pero la pérdida en lo estético fue compensada por una cada vez mayor aproximación a la realidad que el dibujo pretendía describir.

El primer árbol usado para representar las relaciones entre organismos vivos fue, probablemente, el ‘árbol botánico’ o ‘árbol genealógico de las plantas’, incluido en el *Essai d'une nouvelle classification des végétaux* (*Ensayo de una nueva clasificación de los vegetales*), de Augustin Augier, editado en 1801. Paradójicamente, este trabajo se publicó bastante antes de la formalización de las ideas evolucionistas. El paleontólogo Pascal Tassy, del Museo Nacional de Historia Natural de París dice: ‘Este árbol merece su nombre, ya que tiene tronco, ramas, ramitas y hojas. Se lee de abajo hacia arriba, aunque no tiene una escala cronológica. El árbol de Augier ilustra las relaciones entre los vegetales,

“relaciones naturales”, pero no la cronología de su aparición. De todos modos, se puede pensar que esta cronología está implícita. De abajo hacia arriba se suceden diversas dicotomías y multifurcaciones, sin conexión oblicua’.

### Darwin y la parentela

La noción que indica que los seres que hoy habitan este planeta descendieron de otros que vivieron antes, multiplicando sus formas a partir de una o unas pocas previas, fue anterior a Darwin. Sin embargo, el gran naturalista inglés fue no solo quien demostró la existencia de la evolución con una gran acumulación de pruebas, sino también quien propuso una hipótesis que explica ese proceso, la selección natural. El famoso libro titulado *The Origin of Species* (*El origen de las especies*) resume sus observaciones y razonamientos en un texto de gran claridad y belleza, que vale la pena leer a pesar del largo tiempo transcurrido desde su aparición.

Darwin, y quienes escribieron sobre la evolución

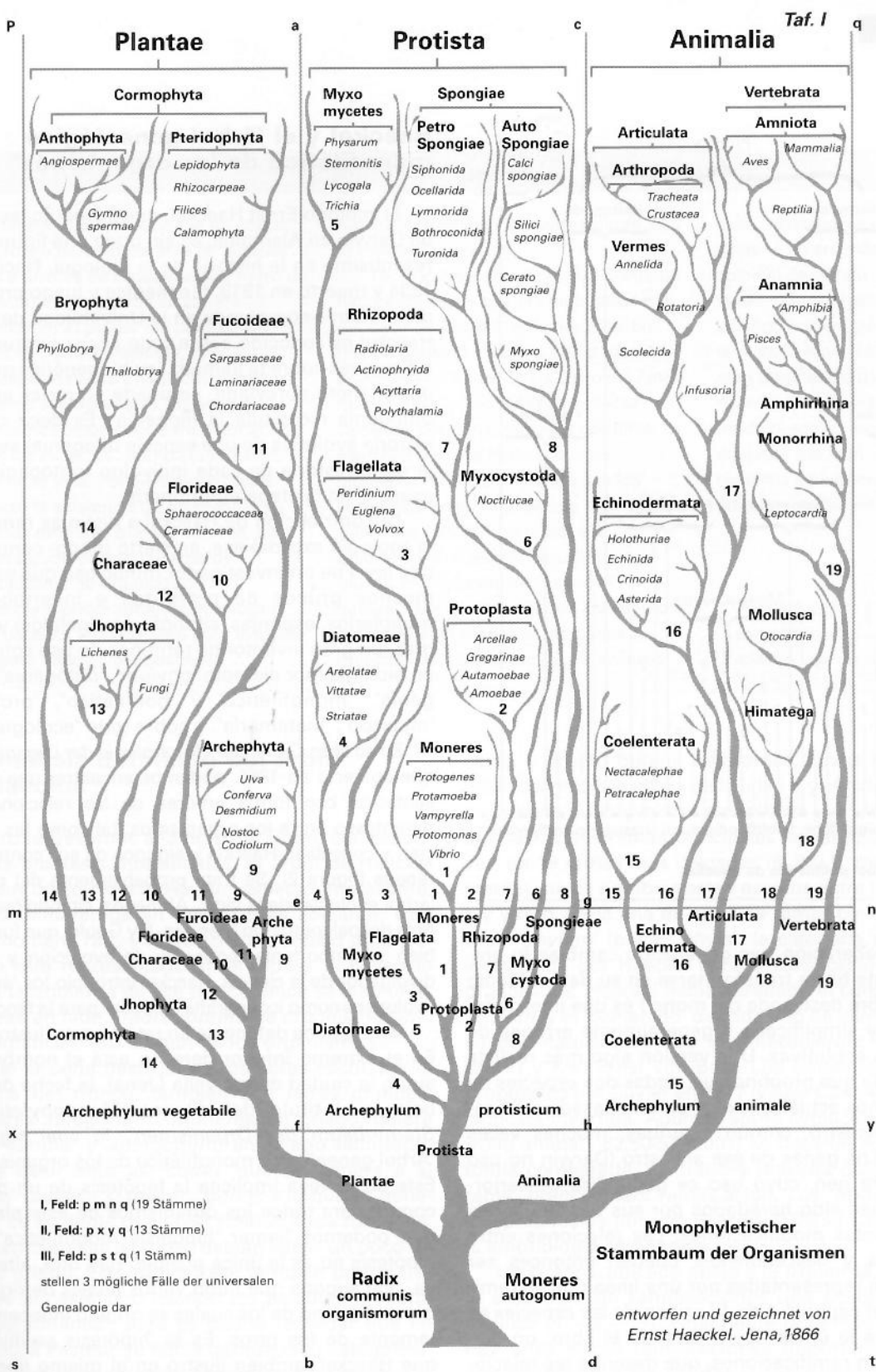


Figura 2. 'Monophyletischer Stammbaum der Organismen' (árbol genealógico monofilético de los organismos) de Haeckel (1866).

hasta hoy, hicieron uso de otra analogía para exponer sus ideas. En sus textos abundan los términos que derivan de la descripción de la estructura de una familia (parentesco, antecesor, descendiente,

genealogía) pero usados en un nuevo contexto: la historia de la vida. Es oportuno aclarar aquí que la visión más popular de la evolución biológica, aquella que supone la existencia de un antepasado que

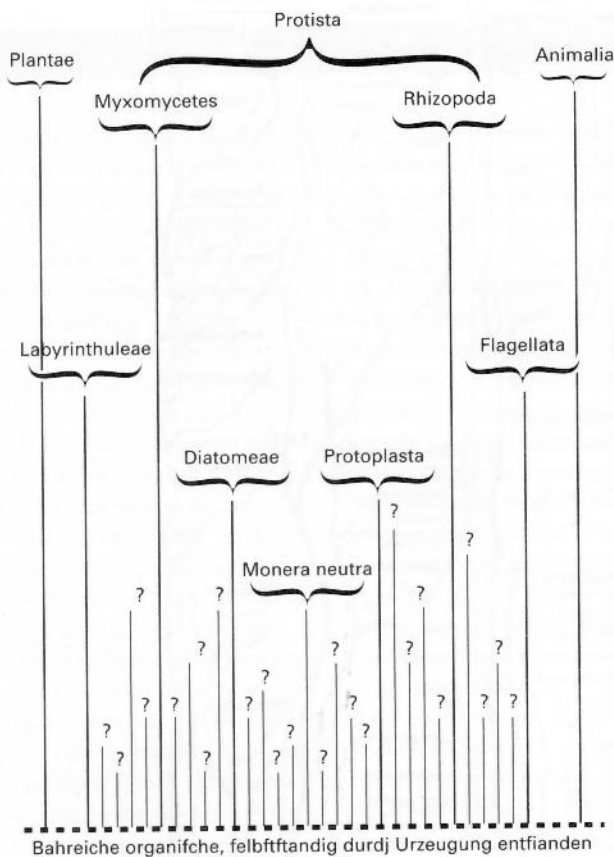


Figura 3. Árbol polifilético de Haeckel.

ha ido generación tras generación cambiando gradualmente hasta transformarse en su descendiente ('el hombre desciende del mono') es una interpretación muy simplificada y generalmente errónea de las ideas evolutivas. Una versión algo más realista es aquella que propone que, dadas dos especies de organismos actuales, existe un antepasado, antecesor o ancestro, común a ambas, muchas veces extinto. Los genes de ese ancestro (Darwin no usó la palabra gen, cuyo uso se generalizó posteriormente) han sido heredados por sus descendientes con distintas modificaciones. Las relaciones entre ancestros y descendientes pueden entonces ser muy bien representadas por una línea que se ramifica. En el capítulo 4 de *El origen de las especies* se encuentra la única figura de todo el libro: un diagrama con ramificaciones, que describe las relaciones de descendencia de un conjunto de organismos hipotéticos (figura 1). Aunque no hay un verdadero 'árbol de la vida', o sea un dibujo con forma de árbol, en el libro de Darwin, el uso de esta representación surge claramente de la lectura del capítulo 4 de *El origen...* (ver recuadro 'El árbol de la vida, según Darwin').

## Haeckel y el 'árbol genealógico monofilético de los organismos'

El zoólogo Ernst Haeckel, que introdujo las ideas de Darwin en Alemania, es sin duda una figura interesantísima en la historia de la biología. Nacido en 1834 y muerto en 1919, fue médico y luego profesor de anatomía comparada en la Universidad de Jena. Haeckel es conocido sobre todo por sus estudios y reflexiones sobre la llamada ley biogenética que, de una manera abreviada, se puede enunciar así: 'La ontogenia recapitula la filogenia'. Es decir que la historia evolutiva de una especie (filogenia) se refleja en la historia de cada individuo (ontogenia), en especial en la etapa embrionaria.

La contribución de Haeckel a distintas ramas de la zoología excedió esa, en cierto modo, controvertida ley. Fue un investigador minucioso que estudió muchos grupos de protozoos e invertebrados (radiolarios, esponjas, sifonóforos, anélidos) y, además, un gran inventor de términos de uso cotidiano en biología (por ejemplo 'phylum', 'ontogenia', 'filogenia', 'monofilético' y 'polifilético', 'protista', 'metazoo', 'metamería', y sobre todo 'ecología').

En su libro *Generelle Morphologie der Organismen*, que apareció en 1866, podemos encontrar una representación con forma arbórea de las relaciones de parentesco entre los organismos, tal como las concebían Haeckel y algunos de sus contemporáneos (figura 2). Se trata probablemente del primer 'árbol evolutivo de la vida'. Al menos, citando las palabras del paleontólogo Stephen Jay Gould, que fue también un importante teórico de la evolución y eficaz divulgador de la ciencia, Haeckel introdujo los 'árboles evolutivos como iconografía estándar para la filogenia'.

Vale la pena detenerse un rato en esta ilustración. En el extremo inferior derecho está el nombre del autor, la ciudad donde vivía (Jena), la fecha del trabajo y el título del dibujo: '*Monophyletischer Stammbaum der Organismen*', lo cual significa 'Árbol genealógico monofilético de los organismos'. Este árbol lleva implícita la hipótesis de un origen común para todos los organismos de este planeta, que podemos llamar 'hipótesis monofilética'. Esa hipótesis no es la única posible. Hay otra, alternativa, que supone que hubo varios linajes de organismos, cada uno de los cuales se originó independientemente de los otros. Es la 'hipótesis polifilética', que Haeckel también ilustró en el mismo libro: no hay allí un árbol sino un dibujo esquemático compuesto por varias líneas paralelas de distinto largo (figura 3). Algunas de ellas son cortas y terminan en signos de interrogación, se trata de linajes extintos. Otras son más largas (pero de longitud variable) y representan linajes vivientes (las más largas son aquellas que corresponden a plantas y animales).

## Moneras y generación espontánea

Stephen J Gould, que fue un crítico respetuoso pero implacable de algunas ideas y errores de Ernst Haeckel, narró un interesante episodio de su carrera científica en *El pulgar del panda*\*. Según Gould, el científico alemán, que 'era el más especulativo e imaginativo de los primeros evolucionistas, construyó organismos hipotéticos para abarcar todos los espacios', completando así el árbol de la vida. Por ejemplo, Haeckel propuso la existencia de un organismo aún más primitivo que las amebas, las moneras, compuesto tan solo de 'protoplasma no organizado'. La referencia *monera autogonum* colocada en la base del árbol de 1866 hace evidente que, para Haeckel, era posible la

autogeneración de vida (*autogonum*). Eso lo condujo a un error.

Thomas Henry Huxley (1825-1895), un naturalista inglés que era un apasionado defensor de Darwin (lo llamaron 'el bull dog de Darwin') encontró una sustancia gelatinosa en muestras de barro del fondo marino, que incluía diminutas placas calcáreas circulares llamadas cocolitos. La identificó como la hasta entonces hipotética monera, consideró que los cocolitos eran su esqueleto, y la denominó *Bathybius haeckelii* en honor a la predicción de Haeckel. Este último se mostró más que satisfecho con el hallazgo. Sin embargo, todos los intentos posteriores de encontrar *Bathybius* en muestras de barro oceánico no tuvieron

éxito. Más aún: se descubrió que la gelatina no era más que un precipitado coloidal de sulfato cálcico, un producto de la reacción del barro con el alcohol añadido por los científicos para preservar la materia orgánica, y que los cocolitos eran fragmentos de esqueletos de algas microscópicas planctónicas caídas en el fondo oceánico luego de su muerte. El equívoco fue comunicado en una reunión científica en Inglaterra, pero no fue fácil para Haeckel admitir su error.

\* GOULD SJ, 1983, *El pulgar del panda*, traducido por Antonio Resines, H. Blumme editores, Madrid, capítulo 23, pp. 252-256.

## Un análisis detallado del árbol de Haeckel

Pero regresemos a la figura 2. Como corresponde a la hipótesis monofilética, el árbol de Haeckel tiene un único tronco. Hay un aspecto interesante, que examinaremos en detalle más adelante: este árbol no tiene raíz, y lo que ocurre debajo de la tierra no está representado en el dibujo. A pesar de ello, a la izquierda de ese tronco único se leen unas palabras en latín, '*radix communis organismorum*', que significan 'raíz común de los organismos'.

Vale la pena destacar las palabras escritas a la derecha del tronco, también con letras grandes: '*Moneres autogonum*'. *Moneres*, en griego, quiere decir 'simple' y *autogonum*, en griego latinizado, quiere decir algo así como 'que se genera a sí mismo' (*autos* = sí mismo; *gonos* = lo que es generado). Es evidente que en el siglo XIX los zoólogos, pero también sus lectores, debían saber un poco de latín y griego. Esta breve frase también podría traducirse al castellano usando las palabras 'generación espontánea', pero es bueno recordar que en esa época Pasteur ya había demostrado categóricamente que la generación espontánea no existía (al menos, no en tiempos contemporáneos). La contradicción (en cierta forma aparente) entre las reflexiones teóricas de Haeckel y los experimentos de Pasteur ha sido usada por quienes rechazan la teoría de la evolución, aun en nuestros días (ver recuadro 'Moneras y generación espontánea').

Sigamos con el árbol de 1866. Su único tronco es

corto, y pronto origina tres ramas, cuyos nombres están escritos a la altura de la línea x-y: *Archephyllum vegetabile*, *Archephyllum protisticum* y *Archephyllum animale*. Estas ramas principales se ramifican, a su vez, en 19 ramas más delgadas (6, 8 y 5, respectivamente), cuyos nombres están escritos entre las líneas x-y y m-n. Cada una de estas 19 ramas corresponde a un '*phylum*' (plural: *phyla*), la categoría más alta establecida por Haeckel para la clasificación de los organismos. Haeckel había heredado el concepto de *phylum*, y el 'contenido' de cada uno de ellos, de dos ilustres naturalistas que lo antecedieron: Georges Cuvier y Karl Ernst von Baer. Los *embranchements* propuestos por Cuvier en 1817 (véase CIENCIA HOY, 'La langosta invertida', 62:50-57, 2001) se basaron en la anatomía comparada. En francés *branche* quiere decir rama, *branchement* ramificación. Los 'tipos animales' propuestos por von Baer en 1828 se basaron en la embriología comparada.

Un cuadro, ubicado abajo a la izquierda, resume la secuencia de ramificaciones que acabamos de analizar (1 - 3 - 19). Finalmente podemos ver que hay unas pocas ramificaciones importantes más, que conducen a los grupos y subgrupos de organismos reconocidos por Haeckel. Todos estos están ubicados en tres rectángulos verticales (p-a-e-m, a-c-g-e y c-q-n-g) rotulados en la parte superior, respectivamente, como *Plantae*, *Protista* y *Animalia* (plantas, protistas y animales). El resto del dibujo son ramitas delgadas, sin nombres. Este árbol no tiene hojas.

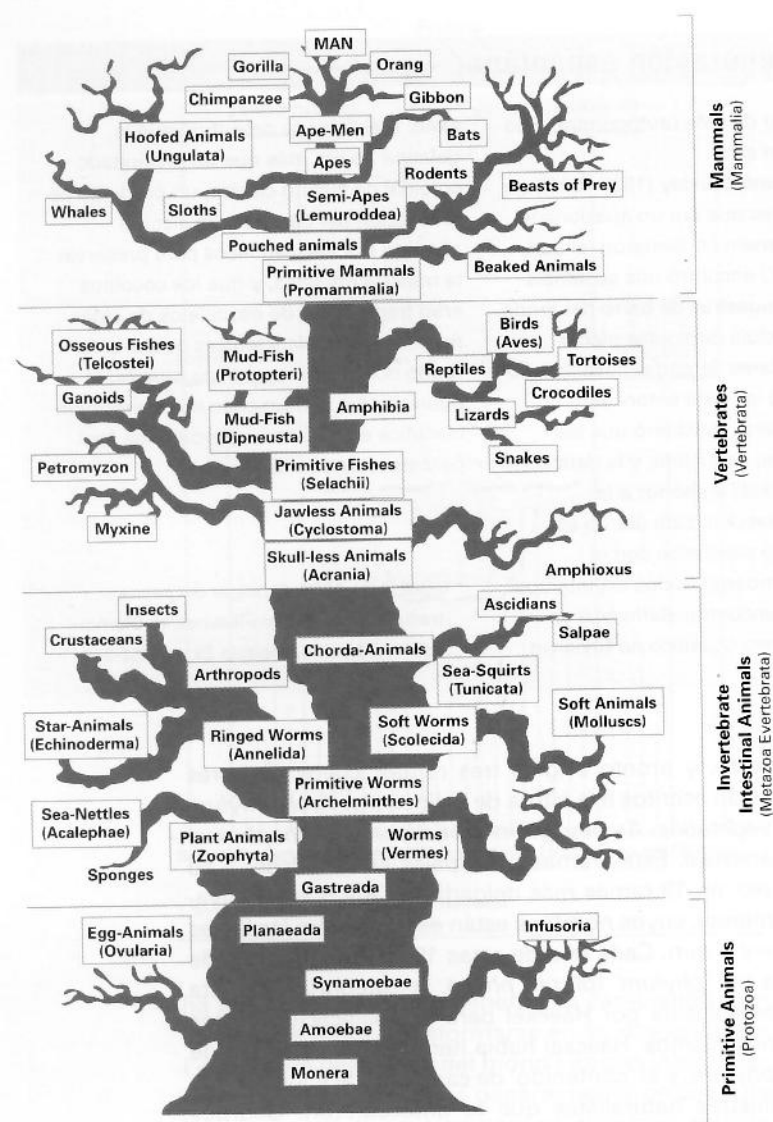


Figura 4. Genealogía del hombre, según Haeckel (1874, extraído de la edición inglesa).

Hay un asunto que debemos aclarar: a pesar de inventar la palabra 'filogenia', Haeckel nunca habló de árbol filogenético (así lo llamaríamos ahora) sino de árbol genealógico. Es que su concepto de filogenia era el de una serie de estadios morfológicos a lo largo de la genealogía de una especie, inspirada en la idea de '*scala naturae*' (escalera de la naturaleza). Esa serie se puede representar como un tronco que va desde formas 'inferiores' a formas 'superiores' como, por ejemplo, la figura de 1874 que muestra su interpretación de la genealogía de la especie humana (figura 4). Es un tronco cuyas ramas laterales son en realidad un adorno. La ramificación es solo superficial, no es un verdadero árbol darwiniano, y lo malo de esta representación es que fue usada para justificar ideas racistas (ver recuadro 'Progreso y racismo').

## Algunas podas, algunos brotes

La ciencia progresa proponiendo hipótesis y poniéndolas a prueba. ¿Y qué es una hipótesis? Una primera respuesta es que se trata de una explicación tentativa de un proceso. Pero podemos ampliar la idea e incluir también en esa categoría a una interpretación de un patrón observado en la naturaleza. El árbol genealógico de Ernst Haeckel puede muy bien ser considerado una hipótesis del segundo tipo, ya que es una interpretación de la historia de la vida en la tierra, basada en la comparación de los organismos actuales y fósiles. No intenta explicar la evolución, sino describir su resultado.

En última instancia, todas las hipótesis tienen un valor transitorio, y en general nuevas evidencias empíricas (nuevas observaciones, datos o experimentos) las pueden modificar o refutar. Veamos algunos cambios que se introdujeron en la genealogía de la vida durante el siglo XX, que implicaron sacar algunas ramas del árbol original y ver crecer otras.

Para comenzar, podemos citar dos ejemplos: los zoólogos actuales están de acuerdo en que las esponjas (rama 8) no deberían surgir de la gruesa rama que conduce a los protistas, sino de la que conduce a los animales, antes de la ramificación de los celenterados (rama 15), y en que el origen de la rama 16 (equinodermos) debería ubicarse en la base de la rama 19 (vertebrados).

## De dos a cinco reinos

Pero hubo cambios aún mayores: como ya vimos, en el árbol de Haeckel, al tronco corto siguen tres ramas. A cada una de esas ramas Haeckel la llamó reino: animales, plantas y protistas. ¿De dónde sale esta denominación monárquica? Del naturalista sueco Carl von Linné quien, en 1758, propuso una clasificación de los seres llamada *Sistema Naturae* (sistema de la naturaleza). El nivel más alto de la clasificación lineana eran los reinos mineral, vegetal y animal. A tal punto eran importantes estas categorías, que el escudo familiar de Linné los incluía, simbólicamente. La clasificación de los organismos vivos de Linné es la base de la usada actualmente. Dejemos entonces de lado a los minerales y nos quedarán dos reinos: vegetales y animales.

Como vemos, la clasificación de todos los seres vivos como vegetales o animales ya fue cuestionada en los tiempos de Haeckel, pero subsistió mucho más (aproximadamente hasta 1960!) incluso en los libros de texto de biología. En esa clasificación se consideraba a las bacterias y a ciertos protistas (en especial los fotosintéticos) como integrantes del

El árbol de la evolución humana de Ernst Haeckel (1891) ilustra su concepción de la evolución de la vida desde las bacterias hasta la especie humana, que está en su tope. En el medio están los reptiles, debajo los anfibios, en la base del árbol las amebas unicelulares y las 'moneras'. Es una imagen de progreso lineal desde las bacterias al *Homo sapiens* en el cual define cuatro estadios (a la derecha de la figura 4): protozoos, invertebrados, vertebrados, mamíferos. No es un diagrama ramificado que muestra las relaciones entre los organismos (estas deberían originar una figura muy diferente) sino una ilustración que denota claramente la noción de progreso: las cosas cercanas al ápice son 'más evolucionadas' o 'superiores' y las que están en la base son 'menos evolucionadas' o 'inferiores'. La

ubicación del hombre en el extremo (superior) del árbol indica que es la especie 'más evolucionada'.

Es notable cómo esta terminología persiste en el lenguaje científico. Pero más grave que la visión antropocéntrica de la naturaleza son las consecuencias filosóficas o políticas que surgen de esta ilustración: pongamos una lupa en el ápice del árbol e imaginemos los detalles: ¿qué hay en el 'ápice del ápice'?

Dijo Haeckel en 1876, al respecto: 'Las varias ramas de la raza indo-germánica se han desviado de la forma primaria común del "hombre-mono". Durante la antigüedad clásica y la edad media, la rama románica (grupo greco-italo-celta), una de las dos ramas principales de la especie indo-germánica, sobresalió de todas las otras ramas en la carrera de la civilización, pero en el presente la misma posición está ocupada

por los germánicos. Sus principales representantes son los ingleses y los alemanes, que en la era actual son la base para la fundación de un nuevo período de desarrollo mental superior, reconociendo y completando la teoría de la descendencia' (traducido del inglés por E Spivak).

Es interesante señalar que August Schleicher, un lingüista contemporáneo de Haeckel y su colega en la Universidad de Jena, elaboró un árbol genealógico de las lenguas, que también se guiaba por la noción de progreso: calificaba a los idiomas como superiores e inferiores. Lamentablemente, algunas de estas ideas que proponían la superioridad de una raza o una lengua fueron usadas para dar un pretendido sustento científico a ideas racistas, como por ejemplo las del nazismo.

reino vegetal, y a los protozoos (protistas no fotosintéticos) como animales.

Si bien Haeckel había observado que existían dos tipos de protistas, con y sin núcleo (estos últimos, las bacterias y cianofíceas), recién en 1925 Edouard Chatton advirtió que la diferencia entre estas dos clases de protistas era más importante aún que la existente entre animales y vegetales. Chatton (1883-1947) era un microbiólogo francés que trabajó primero en microbios patogénicos y luego en microbios marinos (fue director del laboratorio marino de Arago, en Banyuls-sur-mer). Él creó los términos *eucariota*, agrupando a todos los organismos nucleados (incluyendo animales y plantas), y *procariota*, para las bacterias y cianofíceas. Algo después, en 1938, un botánico de Sacramento, California, HF Copeland, propuso un nuevo reino para incluir los procariotas. Originalmente lo llamó Mychota, pero luego recibió los nombres de Monera o Bacteria. En 1956, Copeland, redefinió el término protoctista (creado por John Hogg en 1861 para agrupar a los vagamente definidos protozoos y protofitos) e incluyó en él las formas unicelulares eucariotas –los protistas nucleados de Haeckel– y a sus descendientes pluricelulares, incluso los hongos.

En 1959, Robert H Whittaker, ecólogo de la Universidad de Cornell, también propuso separar los hongos de los vegetales, pero incluyéndolos en un nuevo reino, llamado Mycetae o Fungi. Quedaron a partir de entonces establecidos cinco reinos: *Monera*, para bacterias y algas procarióticas; *Protista* o

*Protoctista* (no es exactamente lo mismo, el segundo incluye formas multicelulares, el primero no) para protozoos, algas (algunas o todas) y ciertos hongos inferiores; *Plantae*, para los vegetales

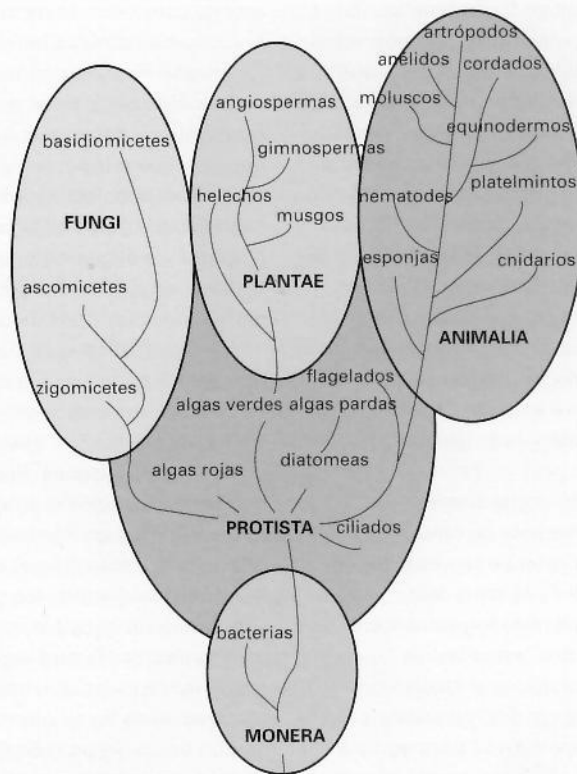


Figura 5. Árbol filogenético 'setentista' (de la década de 1970), basado en el sistema de cinco reinos.



(embriófitos); *Fungi*, para los hongos; y *Animalia*, para los metazoos. Quien hizo más para difundir esta nueva clasificación fue Lynn Margulis, de la Universidad de Massachusetts, en especial por medio del libro que publicó junto a Karlene Schwartz llamado *Five Kingdoms (Cinco reinos)*. Este libro fue considerado por la revista *American Scientist* en 1999 como 'uno de los 100 libros que formaron un siglo de la ciencia'. La figura 5 representa el árbol filogenético de los organismos tal como, a grandes rasgos, surge del sistema de los cinco reinos.

## Árboles moleculares

Nuevos métodos y nuevas evidencias hicieron, menos de 20 años más tarde, que ese sistema no representara fielmente la diversidad de la vida. Los nuevos métodos fueron, por una parte, aquellos que permitieron la construcción de árboles filoge-

néticos sobre la base de la estructura de las proteínas, y luego de los ácidos nucleicos, y, por otra, aquellos que hicieron posible un mayor grado de objetividad en la determinación del 'lugar' de cada ramificación, hasta entonces basada en la intuición. El desarrollo de la filogenia molecular tuvo dos etapas. En la década de 1960, Emile Zuckerkandl y Linus Pauling, del Instituto de Tecnología de California, sentaron las bases para la comparación del orden en que se disponen los aminoácidos en las proteínas. En la década siguiente, Carl R Woese, profesor de microbiología en la Universidad de Illinois, comenzó a aplicar métodos que permitieron comparar segmentos de ácidos nucleicos. En particular, eligió el gen que codifica el ARN que integra la subunidad menor de los ribosomas (SSU rRNA: *small subunit ribosomal RNA*). Las técnicas objetivas de construcción de árboles se basaron en la sistemática filogenética o cladismo. La palabra 'cladismo' viene del griego '*clados*' que significa rama. En este caso, se trata de las ramas del árbol

## Cladismo

Clasificar es una operación intelectual que los seres humanos aplican en numerosas ocasiones, y que es muy útil. Podemos encontrar fácilmente los libros en una librería o en una biblioteca, o los videos en un videoclub, gracias a que están clasificados de alguna manera. Los criterios de clasificación pueden ser muy variados pero generalmente se basan en la similitud (se agrupa lo similar). En el ejemplo anterior, los grupos de libros pueden formarse sobre la base del nombre del autor (además, por orden alfabético) o por temas. Es obvio que la enorme diversidad de formas vivientes también hace necesaria su clasificación, y a esa tarea se han dedicado, en efecto, muchas personas desde hace mucho tiempo.

Actualmente la clasificación biológica, a diferencia de otras, tiene la pretensión adicional de representar las relaciones evolutivas entre los organismos; quienes intentan hacerlo así se agrupan en dos 'escuelas': la sistemática evolutiva y el cladismo o sistemática filogenética. La primera usa dos principios evolutivos para agrupar los organismos: la ascendencia común y

la similar adaptación de los organismos a su medio. La segunda pone el mayor énfasis en la ascendencia común y se asocia, como dice Mark Wilkinson en la *Enciclopedia de las Ciencias de la Vida* (publicada en 2002 por los editores de la revista *Nature*), 'con un tipo de métodos cuantitativos de análisis de datos que puede originar hipótesis de relaciones evolutivas (árboles) a partir de complicados datos originados en el fenotipo y/o el genotipo, que permiten resumir las similitudes y diferencias entre diferentes tipos de organismos'.

La sistemática evolutiva es bastante respetuosa de la clasificación tradicional, es decir, la que estableció Linneo. El cladismo, en cambio, puede originar nuevas clasificaciones. Para el cladismo, dos o más especies (por ejemplo, los humanos y los chimpancés) están más relacionadas entre sí que con alguna otra especie (por ejemplo, los gorilas) si comparten un ancestro común que no es compartido por la otra especie\*. Un grupo de especies que incluye todos los descendientes de su último antecesor común es un grupo monofilético o clado. Cada clado representa una rama

completa del árbol de la vida. La clasificación resultante se deberá basar en esos clados, esté o no de acuerdo con la aceptada tradicionalmente.

Según Wilkinson, 'El entomólogo alemán Willi Hennig es considerado el fundador del cladismo y fue responsable tanto de la argumentación fundamental que sostiene sus métodos como así de la filosofía de la clasificación (ambos expuestos en su libro de 1966)'. Este libro, *Phylogenetic Systematics*, fue publicado en Estados Unidos en 1966; la versión en castellano apareció en forma casi inmediata en la Argentina, publicada por EUDEBA. CIENCIA HOY publicó 'Cladismo y diversidad biológica', 21:26-34, 1992, y 'La filogenia frente a la justicia', 43:28-35, 1997.

\* En términos familiares, el 'último' ancestro (o antepasado) común que comparto con mis hermanas es mi padre o mi madre, el que comparto con mis primos es mi abuelo o abuela (paterno o materno, depende) y el que comparto con mis primos segundos es mi bisabuelo o bisabuela (alguno de los 8, claro).

de la vida; el cladismo permite inferir el patrón de ramificaciones de ese árbol. Además de establecer las relaciones evolutivas y los ancestros comunes de las especies, tanto vivientes como extintas, para algunos investigadores es también una filosofía de la clasificación (ver recuadro 'Cladismo').

Los árboles que representaron la filogenia molecular fueron en un principio coincidentes con aquellos construidos sobre la base de evidencias morfológicas, en especial en lo que respecta a eucariotas. Los primeros trabajos de Woese basados en las secuencias del SSU rRNA permitieron confirmar la distinción entre pro y eucariotas, y también demostrar que los ribosomas de las mitocondrias y cloroplastos (organelas de las células eucariotas relacionadas con el suministro de energía) y los de las bacterias eran muy parecidos. Esto último dio nuevo sustento a una antigua teoría sobre el origen de las células eucariotas por medio de un proceso de endosimbiosis (ver recuadro 'Endosimbiosis').

Las nuevas evidencias incluyeron el descubrimiento de un grupo de organismos unicelulares procaríotas, pero cuya ultraestructura es muy diferente de la de las bacterias 'tradicionales'. Estos organismos se parecían superficialmente a las bac-

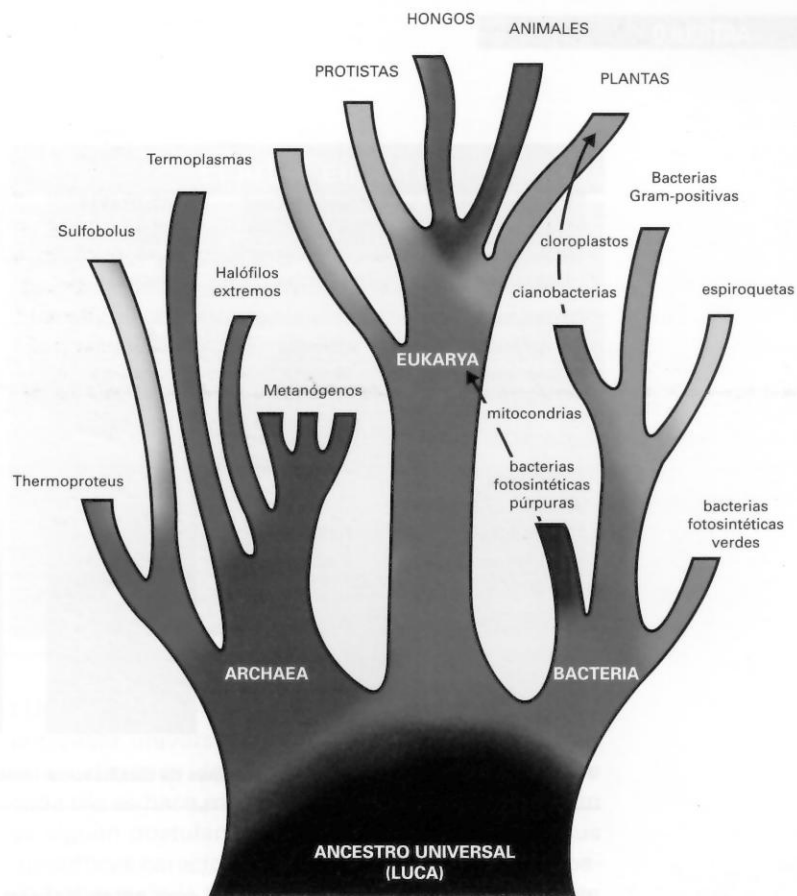


Figura 6. Árbol filogenético de la década de 1990, basado en el sistema de tres dominios.

## Endosimbiosis

¿Los nuevos linajes de organismos solo se forman por ramificación de otros más antiguos, de los cuales heredan sus genes modificados por mutaciones y seleccionados por el ambiente? La mayoría de los científicos dice que no. Lynn Margulis demostró que un importantísimo paso en la organización de la vida, la aparición de las células eucariotas, involucró la fusión de dos o más linajes por medio de simbiosis. La simbiosis se define aquí como una relación de mutuo beneficio entre dos especies distintas, que puede llegar a ser obligatoria.

En realidad, ya en 1909, el botánico ruso Konstantin S Merezkovsky (1855-1921) introdujo la teoría de la simbiogénesis, que luego expandió su colega Boris M Kozo-Polyansky (1890-1957) en 1924. En palabras del propio Merezkovsky 'tantos nuevos hechos surgen de la citología, bioquímica y fisiología, especialmente de organismos inferiores, que en un nuevo intento de levantar el telón acerca del

misterioso origen de los organismos... decidí proponer... una nueva teoría del origen de los organismos, que en vista que el fenómeno de la simbiosis juega un papel conductor en él, propongo llamar teoría de la simbiogénesis'. Esa teoría no tuvo eco entre los biólogos hasta 50 años más tarde.

A fines de los 60, Margulis estudió la estructura de las células y reflató la idea de un origen simbiótico de las mitocondrias (a partir de bacterias) y los cloroplastos (a partir de cianobacterias). Solo después se descubrió que esas organelas tenían ADN. Sus razonamientos fueron publicados en 1970, en un libro llamado *The Origin of Eukaryotic Cells (El origen de las células eucariotas)*. Los nuevos métodos para comparar genes que se desarrollaron a partir de 1970 (por ejemplo los usados por Carl Woese y por W Ford Doolittle para estudiar el ADN de los cloroplastos) no hicieron más que confirmar la hipótesis.

Hoy la teoría de la endosimbiosis se ha

expandido y se encontraron nuevos casos de asociación entre células. Así, por ejemplo, la endosimbiosis secundaria es la asociación de dos células eucariotas, y ejemplos de estructuras de ese origen son el nucleomorfo de los criptomonadinos (algas unicelulares) o el apicoplasto de *Plasmodium*. Más aún, el criptomonadino *Guillardia theta* tiene cuatro genomas diferentes: el nuclear (el mayor), el mitocondrial, y el del cloroplasto y el núcleo (nucleomorfo, muy reducido) de su simbiote. Millones de años de evolución resultaron en un conjunto complejo pero preciso de interacciones entre esos cuatro genomas. Y según cuentan Margulis y Dorion Sagan (su hijo, divulgador de la ciencia), *Mixotricha paradoxa* tiene ¡cinco genomas! Un resumen de las evidencias disponibles sobre endosimbiosis puede encontrarse en: <http://users.rcn.com/jkimball.ma.ultranet/BiologyPages/E/Endosymbiosis.html>.

Linneo (1758)	Haeckel (1866-94)	Whittaker (1959)	Woese (1977)	Woese (1990)	Mucha gente (2005)
Dos reinos	Tres reinos	Cinco reinos	Seis reinos	Tres dominios	¿Quién sabe cuántos reinos?
Animalia protozoos	Animalia Protista	Animalia Protista	Animalia Protista	Eukarya	Animalia Alveolata Sporozoa etc. Stramenopiles Mycetozoa Euglenozoa
algas					Fungi
hongos	hongos	Fungi	Fungi		Plantae
Plantae	Plantae	Plantae	Plantae		Bacteria
bacterias y algas azules	monera	Monera	Monera	Archaea	Euryarchaeota Korarchaeota Crenarchaeota
			Archaeobacteria		Archezoa (Reinos no especificados)

Figura 7. Cuadro comparativo de los sistemas de clasificación biológica, desde Linneo (1758) hasta la actualidad.

terias, por lo cual las diferencias con estas habían pasado inadvertidas. El interés en su estudio surgió sobre todo debido a los extraños ambientes que habitan. En efecto, los primeros que se identificaron viven en fuentes termales o lugares con temperaturas cercanas a 100°C (termófilos), o toleran concentraciones de sal de hasta 10 veces la del agua de mar (halófilos extremos). Debido a las diferencias ultraestructurales y genéticas entre ambos tipos de procariontes, Woese propuso en 1977 dividir el reino Monera en las eubacterias (bacterias verdaderas) y las arqueobacterias (bacterias antiguas, aptas para sobrevivir en un mundo muy diferente al actual, y que, en realidad, fueron las últimas en ser conocidas). De esta forma, se llegó a un sistema de seis reinos. Más tarde, además de las arqueobacterias tan especializadas, que habitan lugares aparentemente incompatibles con la vida, se encontraron otras en ambientes 'normales' como el agua de mar, campos de arroz y marismas.

### Tres dominios o dos imperios: la controversia del fin de siglo XX

Pero el estudio de la filogenia molecular de los microorganismos trajo más sorpresas: el ARN ribosómico de las eubacterias y el de las arqueobacterias era algo diferente, al igual que los lípidos de las membranas celulares y ciertas proteínas involucradas en la transcripción y traducción de los ácidos nucleicos. Los seis reinos duraron poco tiempo y el

mismo Woese propuso una reorganización general del sistema, sugiriendo la existencia de tres 'dominios'. Para ello, reunió a los cuatro reinos de eucariotas en el dominio *Eukarya*, colocó a las eubacterias en el dominio *Bacteria* y a las arqueobacterias en el dominio *Archaea*. El sistema de tres dominios dio origen a un nuevo árbol (figura 6). Desde 1990 ese esquema fue aceptado por la mayoría de los biólogos evolutivos, que lo convirtieron en el 'paradigma' actual de la clasificación biológica (figura 7).

Existe un acuerdo amplio en que el sistema de dominios organiza mejor que el de los reinos a la biodiversidad de acuerdo con las relaciones evolutivas. Pero ese acuerdo no es unánime. Entre quienes expresaron enfáticamente su disenso con este 'paradigma' se encontró el zoólogo Ernst Mayr, nacido en Alemania y residente en EEUU, un especialista en sistemática y evolución, profesor emérito de la Universidad de Harvard, y considerado como uno de los grandes biólogos del siglo XX. Mayr, quien murió a los 100 años en 2004, y Woese protagonizaron una lúcida controversia científica en la que se pusieron en juego desde sus formaciones (zoólogo y microbiólogo, respectivamente) hasta la pertenencia a distintas escuelas de pensamiento en taxonomía.

Mayr fue un caballero. Escribió que el estudio de las arqueobacterias hecho por Woese era como 'el descubrimiento de un nuevo continente', y también elogió el papel del microbiólogo al clarificar las relaciones entre diversos tipos de bacterias por medio del análisis molecular. Pero discrepó con él en otor-

El proyecto *The Tree of Life Web* (ToL) es un esfuerzo cooperativo de biólogos de todo el mundo, coordinado por David R Maddison. En más de 3000 páginas en la Internet, el proyecto proporciona información acerca de la diversidad de organismos, su historia evolutiva (filogenia) y características. Cada página contiene datos sobre un grupo particular de organismos. Las páginas están ligadas (*linked*) unas con otras de manera jerárquica, con la forma de un árbol de la vida evolutivo. Comenzando con los dominios, y moviéndose a lo largo de las ramas que divergen hasta las especies individuales, el proyecto ilustra las conexiones genéticas entre todos los seres vivos. La dirección de la página es <http://tolweb.org/tree>.

gar a las arqueobacterias el mismo rango que el de la totalidad de los eucariotas, oscureciendo la división 'natural', que se da al nivel de la organización celular, en dos imperios: procariotas y eucariotas. Esta controversia acerca de cómo se separan las primeras dos ramas del árbol de la vida: procariotas vs. eucariotas o bacterias vs. [arqueobacterias + eucariotas] involucra, además, dos filosofías de la clasificación biológica (ver recuadro 'Cladismo'). Mayr adhiere a la sistemática evolutiva tradicional, que él denomina 'taxonomía darwiniana'; Woese adhiere a un cladismo 'estricto' (según Mayr). El debate no está cerrado y hay quienes siguen a favor de la permanencia del sistema de los dos imperios. Por ejemplo, Thomas Cavalier-Smith, de la Universidad de Oxford, publicó en 2004 un esquema de clasificación a partir de una amplia base de datos moleculares, en especial de organismos unicelulares, en el que subsisten seis reinos agrupados en dos imperios (recuadro 'Los seis reinos de la vida, según Cavalier-Smith [2004]').

### ¿Una raíz o una maraña?

Tratemos ahora de la raíz del árbol de la vida. ¿Existe de verdad esa raíz? ¿Hubo alguna vez un antecesor común de todos los organismos, tal como imaginó Darwin? Durante mucho tiempo se pensó que sí, e incluso tuvo un nombre. Se lo llamó

LUCA (*last universal common ancestor*, o último antecesor universal común), y podemos encontrarlo en el tronco del árbol de la figura 6. Y aunque cada día se hace más improbable su existencia, aún se siguen postulando cuáles serían algunas de sus hipotéticas características. En realidad, lo que debería haber bajo la tierra en el dibujo de Haeckel dista bastante de tener el aspecto de una raíz principal, con sus correspondientes ramificaciones.

Si se admite que las mitocondrias y cloroplastos de los eucariotas se originaron a partir de eubacterias por endosimbiosis (ver recuadro 'Endosimbiosis'), deberían aparecer 'anastomosis' entre las raíces (es decir, ramas diagonales que unan distintas raíces, tal como se ve en la figura 8a). Dado que un gran número de evidencias moleculares indica que las arqueobacterias se parecen más a los eucariotas que a las eubacterias, se pensó que la endosimbiosis que dio origen a los eucariotas tuvo lugar cuando un antecesor de las actuales arqueobacterias fue invadido por algunos tipos de eubacterias (y eso sugieren las flechas de la figura 8a!).

Pero si las mitocondrias y cloroplastos son antiguas eubacterias, sería esperable que los únicos genes 'eubacterianos' de los eucariotas sean aquellos involucrados en la respiración y en la fotosíntesis (las respectivas funciones de esas dos organelas); el resto de los genes debería ser del tipo 'arqueobacteriano'. No es así: hay genes eubacterianos en muchas partes del genoma de los eucariotas.

Ocurre que los microorganismos tienen mecanismos de variación natural que no obedecen a una evolución del tipo 'arbóreo' y que no eran conocidos por Darwin. Por ejemplo, la transferencia lateral de genes (*lateral gene transfer*) que involucra migraciones de genes entre grupos poco relacionados. Esta transferencia haría que las ramas del árbol de la vida se fusionen aquí y allá, representando

### Los seis reinos de la vida, según Cavalier-Smith (2004)

#### Imperio PROKARYOTA

##### Reino Bacteria

Subreino Negibacteria	(6 phyla)
Subreino Unibacteria	(2 phyla, incluyendo a Archaeobacteria)

#### Imperio EUKARYOTA

##### Reino Protozoa

Subreino Sarcocystigota	(2 phyla incluyendo los Choanozoa*)
Subreino Biciliata	(9 a 11 phyla)

##### Reino Animalia \*

(22 phyla)

##### Reino Fungi

(4 phyla)

##### Reino Plantae

Subreino Biliphyta (2 phyla)

Subreino Viridaplantae (3 phyla)

##### Reino Chromista

Subreino Cryptista (1 phylum)

Subreino Chromobiota (4 phyla)

\* Este es un aspecto polémico, ya que la mayoría de los autores considera que Coanozoa y Animalia tienen un antecesor común cercano y que forman un grupo monofilético.

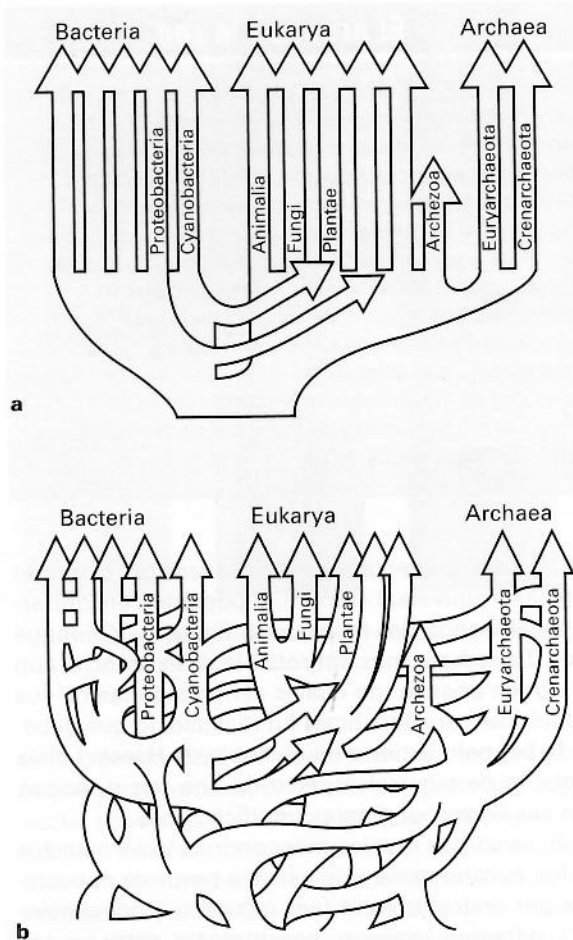


Figura 8. Árboles filogenéticos según W Ford Doolittle, basados en la endosimbiosis serial (a) y en la existencia de una 'comunidad ancestral de células primitivas' (b).

intercambio de genes. En este momento, los biólogos no están de acuerdo acerca del papel de la transferencia lateral en la historia de la vida, pero las palabras de Woese son elocuentes: 'El ancestro no puede haber sido un organismo particular, un simple linaje de organismos. Fue un conglomerado diverso, comunal, un tejido flojo, de células primitivas que evolucionó como una unidad, y que eventualmente se desarrolló hasta un estado en el que se rompió en distintas comunidades, que al fin se convertían en los tres linajes principales'. En vez de una raíz hay una maraña de raicillas que se anastomosan y que conforman una 'comunidad ancestral de células primitivas'. El aspecto de esa maraña se puede ver en el dibujo que ilustra la reseña sobre las raíces del árbol de la vida publicada por W Ford Doolittle (investigador de la Dalhousie University de Nova Scotia, Canadá) en *Scientific American* de febrero de 2000 (figura 8b).

## La 'balcanización' de la rama eucariota

En la actualidad parece haber una explosión de reinos dentro del dominio Eukarya, y toda clasificación es inestable. Un intento de organizar a los grupos de eucariotas, basado en la micromorfología de las células, fue propuesto por David J Patterson, de la Universidad de Sydney (Australia) en 2000. Patterson reconoció 60 'linajes' sobre la base de los siguientes caracteres: presencia o ausencia de mitocondrias o sus restos, forma de las crestas de las mitocondrias (discoidales, tubulares, ramificadas, aplanadas), presencia o ausencia de pelos o escamas y componentes fibrosos en los flagelos, organización de los cuerpos basales, las estructuras que se originan a partir de ellos (sistemas de raíces) y la zona de transición con el flagelo, origen y desarrollo de estructuras microtubulares, estructuras corticales como película, alvéolos y extrusomas (tricocistos, mucocistos), composición, origen y apariencia de los materiales extracelulares, número, naturaleza y heterogeneidad de los núcleos y sus inclusiones, comportamiento de la membrana nuclear durante la mitosis, localización u origen del huso mitótico, presencia o ausencia, y características de los cloroplastos (número de membranas, posición de los tilacoides, pigmentos fotosintéticos), presencia de otras organelas y particularidades. A modo de ejemplo, y tomando en cuenta solo las formas de las mitocondrias, se puede construir un esquema de la rama eucariota (figura 9).

## Señor, ¿qué edad me da? (o el eje de las Y del árbol de la vida)

Para que un árbol de la vida sea muy informativo y refleje la historia de la vida sobre la Tierra, se debe dar un significado, si es posible cuantitativo, a los ejes del dibujo. El eje horizontal (o de las X) debería representar cuán diferentes son los organismos, considerando desde la estructura de sus ácidos nucleicos a la de sus órganos y sistemas. Los organismos más alejados en ese eje son los más diferentes. El eje vertical (o de las Y) debería representar el tiempo transcurrido desde el origen de la vida en el planeta Tierra.

Trataremos ahora de la 'calibración temporal de la filogenia'. O, dicho de otro modo, cómo hacer para que la altura del árbol y del tronco, y la longitud de cada rama, sean proporcionales al tiempo transcurrido desde la 'superficie del suelo' o desde la bifurcación que les dio origen. Este problema empezó a discutirse en la década de 1960, cuando se hicieron los primeros intentos para estimar divergencias (ramificaciones) de árboles filogenéticos a partir de datos moleculares y usando técnicas de análisis estadístico. Si bien se reconoció el valor tanto de las aproximacio-

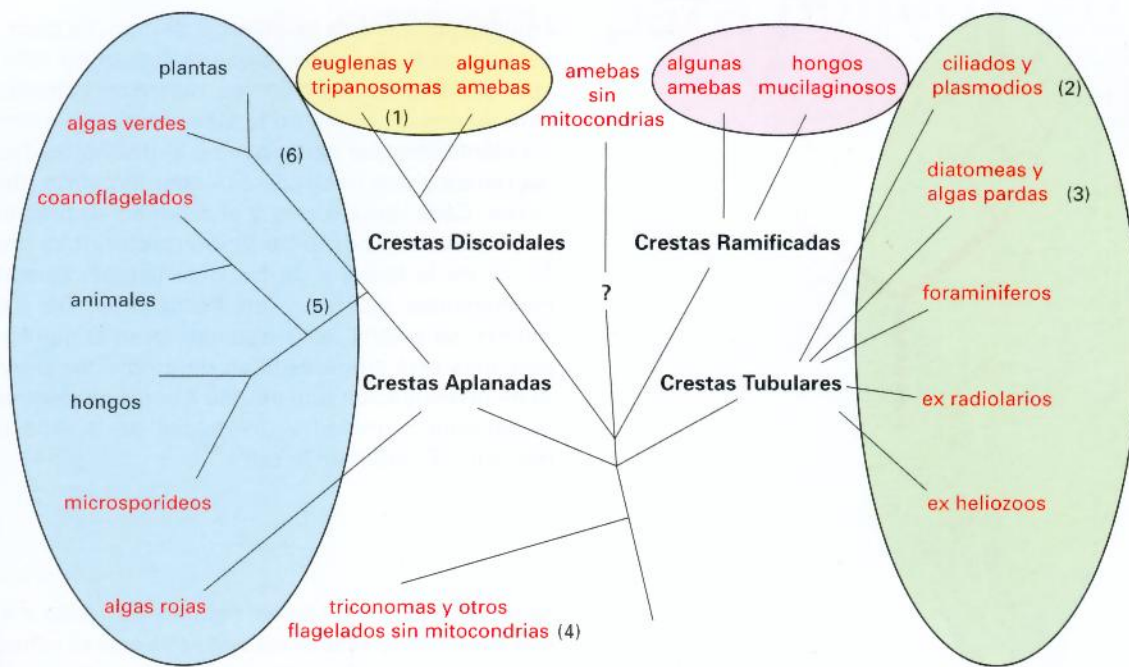


Figura 9. Ramificaciones de los eucariotas, tal como surgen de considerar la forma de las crestas de las mitocondrias. Los nombres en rojo corresponden a ex protistas. Han aparecido nuevos nombres para ciertos grupos de eucariotas: (1) *Euglenozoa*: ej. *Euglena* y *Trypanosoma*; (2) *Alveolata*: ciliados, dinoflagelados, *Plasmodium*, *Toxoplasma* y otros protozoos parásitos; (3) *Stramenopila*: diatomeas, algas pardas, opalinas y algunos hongos; (4) *Trichomonas*, *Giardia* y *Mixotricha paradoxa* son flagelados amitocnondriales; (5) *Opisthokonta*: hongos, microsporideos, coanoflagelados y metazoa (o animales); (6) *Viridiplantae*: algas verdes y plantas.

nes moleculares como de las morfológicas o paleontológicas, en caso de discrepancia generalmente se creía más en los datos moleculares. En la actualidad, los méritos relativos de cada tipo de datos están en debate, ya que los 'tiempos moleculares' duplican a veces a los 'tiempos paleontológicos', aunque también es cierto que los distintos árboles coinciden muchas veces. Michael Benton y Francisco Ayala escribieron sobre el tema en la revista *Science*. Ellos dijeron que, aunque los cálculos de los paleontólogos hacen parecer a los organismos demasiado jóvenes (evolutivamente hablando) como consecuencia de carencias en el registro fósil, los cálculos de los especialistas en filogenia moleculares los hacen aparecer demasiado viejos, como consecuencia de sesgos estadísticos. Pero también observaron que los intensivos estudios de las mayores ramificaciones del árbol de los mamíferos han permitido un acercamiento de ambos cálculos a medida que las fechas de los fósiles se avejentan y las de las moléculas se rejuvenecen.

## Y hablando de paleontólogos...

Burgess Shale es el nombre de un yacimiento de fósiles de las montañas del oeste de Canadá. Allí se encontraron restos de animales marinos, 'exquisita-

mente conservados' dicen los expertos, que vivieron hace 530 millones de años. Esos animales serían el resultado del proceso de diversificación de los eucariotas multicelulares, llamado 'la explosión del Cámbrico'. Algunos de esos fósiles son similares a organismos actuales y pueden agruparse con ellos, pero otros son tan diferentes que parecen corresponder a grupos enteros (incluso *phyla*) de invertebrados hoy extinguidos. La historia del descubrimiento y estudio de la fauna de Burgess Shale, y de los paleontólogos que se ocuparon de ella, está narrada en forma muy vívida por Stephen J Gould en su libro *La vida maravillosa*. Gould sostiene que, luego de una intensa ramificación inicial, muchas de las ramas del árbol de la vida se extinguieron como consecuencia de acontecimientos muchas veces azarosos, y casi siempre impredecibles. Por lo tanto, su árbol se parece más a un pino de navidad que al árbol que ha ilustrado la filogenia desde Haeckel en adelante (figura 10). Demás está decir que no todos los paleontólogos están de acuerdo con su hipótesis.

## Conclusión

La representación de los resultados de la evolución de la vida por medio de la analogía con un

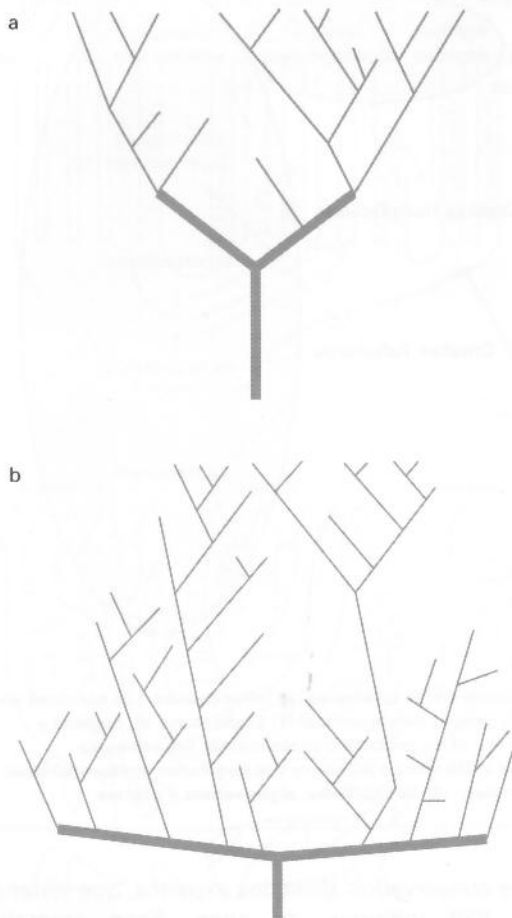


Figura 10. El árbol de la vida 'tradicional' (a) y el que surge del estudio de los fósiles de Burgess Shale, según Gould (b). En este último, una gran diversificación inicial es seguida por la extinción de muchas de las ramas originales.

árbol ha cambiado a lo largo del tiempo. Es decir, ha evolucionado. Esos cambios involucran no solo su apariencia, sino también los métodos empleados para su construcción. En la actualidad, son muchos los científicos que participan en el diseño de distintas ramas y que tratan de entender el patrón de las raíces. Cada rama o raíz, y el árbol en su totalidad, son hipótesis y por lo tanto interpretaciones provisionarias de la historia de los organismos, sujetas a permanentes ajustes y modificaciones. De todos modos, se podría decir que este gran conjunto de personas está embarcada en un ambicioso proyecto de investigación que apunta a comprender mejor la paradójica unidad y diversidad de la vida (ver recuadro 'El árbol en la red').

CH

**Nota:** Las figuras 2 y 4 fueron rediseñadas debido a la baja resolución gráfica de los originales para su correcta reproducción en esta revista.



Eduardo Spivak

Doctor en Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.  
 Profesor Adjunto, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Mar del Plata.  
[espivak@mdp.edu.ar](mailto:espivak@mdp.edu.ar)

### Lecturas sugeridas

BENTON MJ, AYALA FJ, 2003, 'Dating the Tree of Life', *Science* 300: 1698-1700.  
 CAVALIER-SMITH T, 2004, 'Only six kingdoms of life', *Proceedings of the Royal Society of London B* 271: 1251-1262.  
 DAYRAT B, 2003, 'The roots of phylogeny: how did Haeckel build his tree?', *Systematic Biology* 52 (4): 515-527.  
 FORD DOOLITTLE W, 2000, 'Uprooting the Tree of Life', *Scientific American* 282 (3): 72-77.  
 GOULD SJ, 1991, *La vida maravillosa* (traducción de Joandomènec Ros), Crítica, Barcelona.  
 MARGULIS L, SAGAN D, 2001, 'The beast with five genomes', *Natural History*. Disponible en [www.naturalhistorymag.com](http://www.naturalhistorymag.com), online extras, web site archive, June 2001.

MAYR E, 1998, 'Two empires or three?', *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA* 95: 9720-9723.  
 PENNISI E, 2003, 'Modernizing the Tree of Life', *Science* 300: 1692-1697.  
 WOESE CR, 1998, 'Default taxonomy: Ernst Mayr's view of the microbial world', *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA* 95: 11043-11046.  
 WOESE CR, KANDLER O, WHEELIS ML, 1990, 'Towards a natural system of organisms: proposal for the domains Archaea, Bacteria, and Eukarya', *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA* 87: 4576-4579.