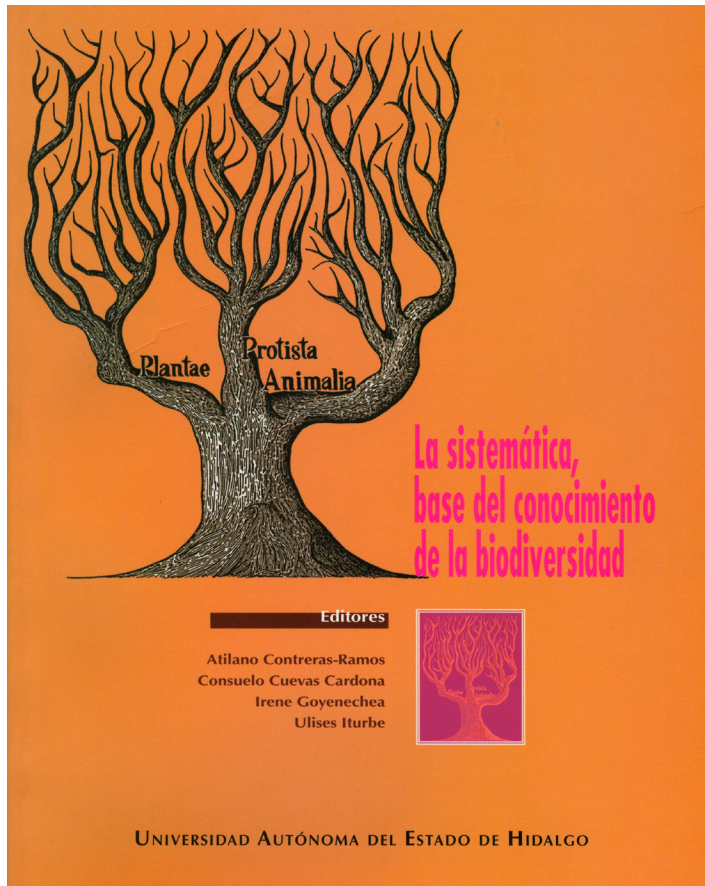


RESEÑA DE LIBRO

Contreras-Ramos, A., C. Cuevas Cardona, I. Goyenechea y U. Iturbe (Eds.). 2007. *La sistemática, base del conocimiento de la biodiversidad*. Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, Pachuca. 158 pp. ISBN 970-769-099-2.



Es un libro cuyo contenido de los textos es de buena calidad, con excepción de algunos pequeños errores de edición. Tiene una interesante portada con una ilustración que evoca el árbol monofilético de descendencia de los organismos del biólogo alemán Ernst Heinrich Haeckel. El contenido está organizado en 14 capítulos de temas diversos de la sistemática, la mayoría de los cuales cuenta con ilustraciones. Es un texto que surge como resultado del interés de varios investigadores por escribir un libro, el cual sirviera como apoyo en la impartición de la cátedra de sistemática, en la licenciatura de biología.

El primer capítulo, por A. Contreras-Ramos e I. Goyenechea, con título homónimo del libro, nos adentra de manera general en el campo de la sistemática. Se define a esta subdisciplina de la biología como el estudio de la biodiversidad, sus relaciones genealógicas, evolutivas, bióticas y espaciales, desde un punto de vista histórico y se hace hincapié en la importancia de la sistemática para el estudio y comprensión de la evolución biológica, ya que aporta un método para inferir las relaciones filogenéticas a partir del estudio de caracteres homólogos y cómo estos han cambiado con el paso del tiempo.

El segundo capítulo, El método natural de clasificación y los caracteres de comparación universal, por U. Iturbe y A. Lazcano, nos da un panorama de lo que ha sido el cambio en la concepción y elaboración de las clasificaciones biológicas, desde Aristóteles y sus clasificaciones basadas en la lógica platónica; pasando por Adanson y su método natural y Linnaeus con su sistema natural, ambos enfoques buscaban el orden divino de la naturaleza solo

que diferían en sus prácticas para hacerlo; Darwin y el pensamiento evolucionista que afirmaba que el sistema natural podía alcanzarse como resultado de hallar las relaciones de ancestría-descendencia; Whittaker y la división de los seres vivos en cinco reinos, basado en la morfología celular, clasificación que fue modificada por Woese y colaboradores al proponer la existencia de tres dominios, Bacteria, Archaea y Eucarya, basándose en datos moleculares; finalmente, Margulis y Schwartz quienes reestructuran la clasificación de Whittaker y proponen dos super reinos que incluyen a los cinco reinos originales. Al final de esta lectura, los autores de la misma hacen hincapié en que actualmente y con base en la evidencia disponible, la clasificación en tres dominios, es la mejor apoyada.

El tercer capítulo, En búsqueda de los caracteres apropiados para hacer clasificaciones, por C. Cuevas Cardona, aborda la importancia de la cantidad y tipos de caracteres que a lo largo de la historia se han utilizado para elaborar clasificaciones. Algunas de las clasificaciones se realizaban con el estudio de la mayor cantidad de datos, esto, de acuerdo con sus autores, permitía encontrar agrupamientos naturales. Con la llegada de la sistemática filogenética, hubo un cambio en la metodología para elaborar clasificaciones, ya que esta disciplina solo utiliza los caracteres compartidos entre ancestros y descendientes, a diferencia de la fenética que utiliza la similitud global, y la escuela evolutiva que estudia similitudes y diferencias entre los taxones.

El cuarto capítulo, Controversias en sistemática filogenética, por I. Goyenechea y A. Contreras-Ramos, nos habla de los conflictos que han surgido y tienen lugar actualmente en la sistemática filogenética. El primero de ellos tiene que ver con la fuente de información para los análisis, los caracteres que usamos, morfológicos o moleculares. Aquí se hace la aclaración que ninguno de ellos es mejor que el otro, simplemente pueden ser complementarios al momento de corroborar hipótesis. El segundo tema aborda la interrogante de cómo analizar los distintos tipos de datos, por medio de congruencia taxonómica (análisis separados) o evidencia total (todo en un mismo análisis). Finalmente, discute los distintos métodos utilizados en los análisis filogenéticos, los cuales asumen un modelo evolutivo de caracteres, la parsimonia, máxima verosimilitud y análisis bayesiano.

En el quinto capítulo, Inferencia filogenética mediante secuencias de DNA: un ejemplo con los pinos piñoneros, por D. S. Gernandt

y colaboradores, se presenta una aplicación de la sistemática filogenética para inferir las relaciones entre los pinos piñoneros. En esta, se hace la secuenciación de distintas regiones del DNA del cloroplasto, posteriormente esta información se analiza con los modelos de parsimonia y máxima verosimilitud. Las topologías encontradas con ambos análisis presentan algunas diferencias pero los linajes principales se mantienen. También se analiza brevemente como la sistemática filogenética puede ser útil en la delimitación de especies.

El sexto capítulo, Avances en la taxonomía y sistemática de los hongos: una revisión general, por L. Romero Bautista, nos da una perspectiva de cómo ha cambiado la clasificación de los hongos a lo largo de la historia, desde que se encontraban dentro del reino Plantae a mediados del siglo XIX, pasando por la creación del reino Fungi por Whittaker y su actual composición de cinco phyla basada en datos moleculares.

El séptimo capítulo, El potencial de la evidencia fósil en la reconstrucción filogenética, por V. M. Bravo-Cuevas y K. A. González-Rodríguez, resume el papel que pueden jugar los fósiles en las reconstrucciones filogenéticas. Los autores están a favor del uso de caracteres paleontológicos en los estudios filogenéticos, haciendo la aclaración que tanto estos, como los neontológicos, tienen limitaciones prácticas al momento de tratar de establecer relaciones evolutivas. Ejemplifican lo anterior con dos estudios filogenéticos, uno con mamíferos euterios y el otro con peces teleósteos. Concluyen que es importante el uso de ambos tipos de caracteres en los análisis filogenéticos y que con el tiempo, se tendrá más información de grupos fósiles y actuales, lo que llevará a un mejor entendimiento de la filogenia de los grupos.

En el octavo capítulo, Un enfoque paleobiológico sobre la biodiversidad, por C. Esquivel Macías, se aborda el tema de la biodiversidad vista en retrospectiva. Nos explica cómo es que la integridad del registro fósil puede influir, a veces de manera errónea, para formar una concepción de que actualmente percibimos una mayor diversidad biológica y que la biodiversidad presenta un patrón de aumento continuo.

El noveno capítulo, Un acercamiento a la clasificación de los hongos, por A. Moreno-Fuentes, nos da un breve panorama de cómo ha sido la clasificación de los hongos y luego analiza en mayor detalle, el aspecto de cómo se ha concebido y generado la clasificación tradicional de los hongos en México. Se consideran las similitudes existentes entre las clasificaciones científicas y las tradicionales y se concluye que es importante el estudio de las últimas, para encontrar y entender de mejor forma los puntos de convergencia acerca de la percepción y organización de la complejidad fungística.

En el décimo capítulo, La etnobotánica como herramienta para el estudio de los sistemas de clasificación tradicionales, por N. Hilgert, se habla de qué es la etnobotánica, su historia y relación con las clasificaciones tradicionales. Se da una lista de los principios generales de la sistemática tradicional, mismos que han sido identificados como comunes en todas las culturas y se habla del método para estudiar las clasificaciones tradicionales.

El décimoprimer capítulo, Conocimiento sistemático para la conservación biológica, por C. E. Moreno y colaboradores, expone la importancia que tiene la sistemática en la toma de decisiones para la conservación biológica. Nos explica a grandes rasgos dos de los métodos que se utilizan para evaluar la diversidad biológica, uno de ellos es el basado en la topología de los cladogramas, mientras que el otro se basa en los caracteres; y cómo a partir de la evaluación de información filogenética, es como se pueden tomar decisiones en el ámbito de la conservación de especies.

La labor de la sistemática comienza con la recolección de ejemplares, es por eso que en el capítulo décimosegundo, Técnicas de recolecta de plantas y herborización, por A. Sánchez-González y M. González Ledesma, se nos habla de distintas técnicas que se utilizan con el fin de tener ejemplares de calidad que puedan ser almacenados en un herbario y ser útiles en estudios posteriores.

El décimotercer capítulo, Métodos para estudios en sistemática de Megaloptera (Insecta: Neuropterida) con base en morfología, por A. Contreras-Ramos, es un ejemplo de aplicación de la sistemática en un grupo particular. Nos explica cómo se realiza un estudio de sistemática de Megaloptera (Insecta), el planteamiento del proyecto, la metodología y los aspectos relacionados con el análisis filogenético del grupo. El último capítulo, Conceptos básicos en sistemática filogenética: los deuterostomados como ejemplo, por J. M. Castillo-Cerón e I. Goyenechea, se encarga de explicar de forma aplicada, el significado de los conceptos utilizados comúnmente en sistemática filogenética, tomando como ejemplo a los deuterostomados.

En general, esta es una colección de lecturas de contenido básico y bastante heterogéneo. Sin embargo, puede argumentarse a favor de la selección de temas que el campo de estudio de la sistemática es en sí mismo plural y heterogéneo. El libro tiene la función de poder ser un primer acercamiento al fascinante universo de la sistemática, con la posibilidad de ahondar en temas particulares, además de que lo hace de una manera sencilla y amigable. La obra tiene un valor de \$ 150 M.N. y puede adquirirse en el Centro de Investigaciones Biológicas de la Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo (Att'n Biól. Ulises Iturbe Acosta, e-mail: ulisesi@uaeh.edu.mx).

Daniel Reynoso-Velasco

Estudiante del Posgrado en Ciencias Biológicas

Instituto de Biología, UNAM

México, D.F., e-mail: dvelasco@ibiologia.unam.mx