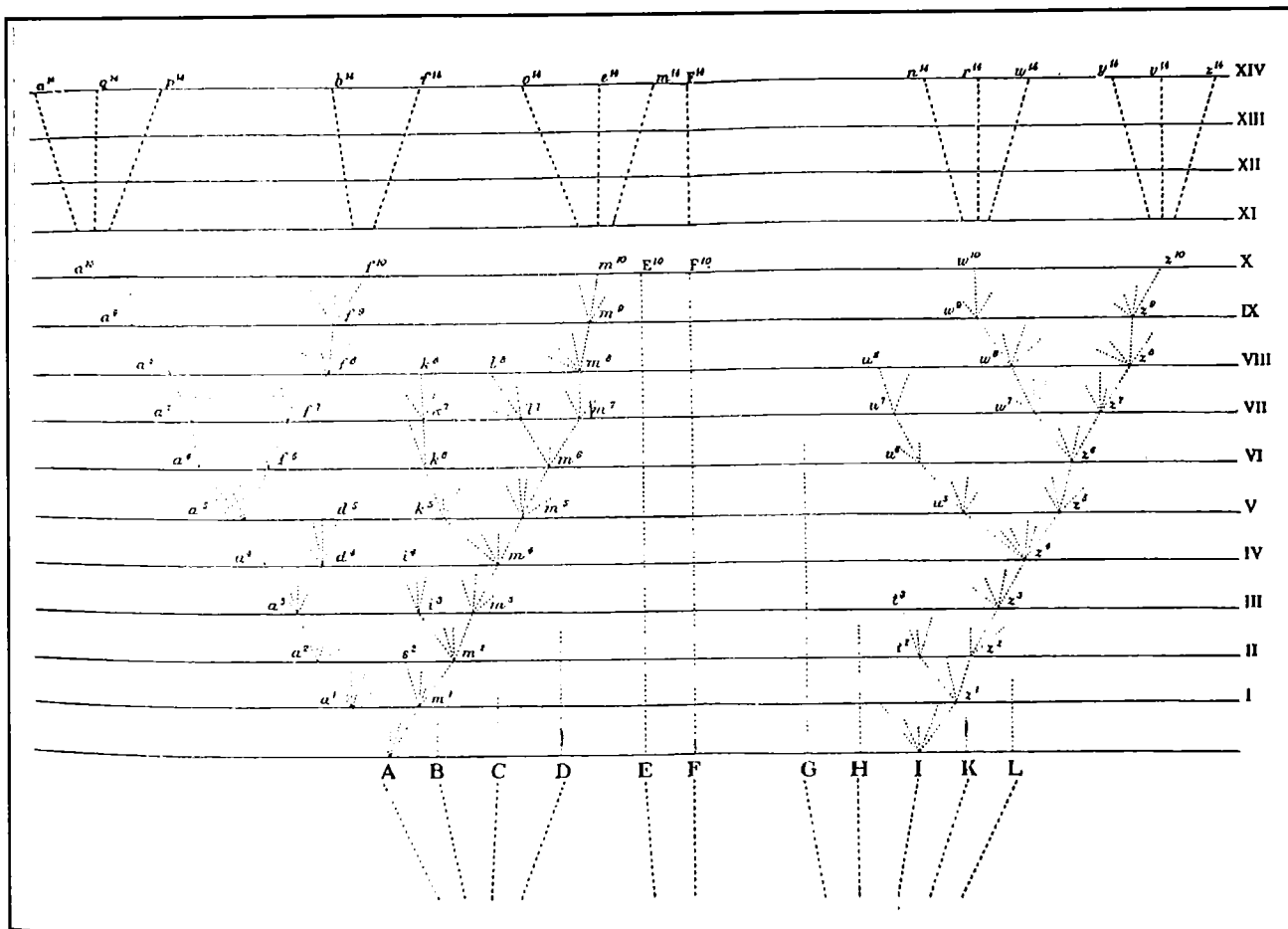


PRÓLOGO

En el *Origen de las Especies*, publicado por primera vez en 1859, Charles Darwin definió lo que él tan acertadamente llamó 'el gran Árbol de la Vida'. De hecho, la única figura, solitaria, en el *Origen* ilustraba el concepto de un árbol filogenético, con especies ancestrales situadas en los intersticios y múltiples descendientes vivos en las puntas. Darwin imaginó que algún día entenderíamos, en detalle, las relaciones de ancestro común entre todas las especies —existentes y extintas— y que esta sería la base no sólo para un nuevo sistema de clasificación, sino un marco evolutivo que orientaría por siempre el estudio de la vida. Este fue un sueño maravilloso, pero no ha resultado fácil hacerlo realidad. Primero, transcurrieron unos 70 años antes de que los conceptos fundamentales que sustentan la inferencia de relaciones filogenéticas se consolidasen en las manos de científicos, principalmente alemanes, como Walter Zimmerman, y, especialmente, Willi Hennig, el padre de la 'sistemática filogenética'. En segundo lugar, hasta hace muy poco los filogenetistas carecían del acceso a las enormes



«...so by generation I believe it has been with **the great Tree of Life**, which fills with its dead and broken branches the crust of the earth, and covers its surface with ever-branching and beautiful ramifications» Charles Darwin, 1859

DNA, por no hablar de la potencia de cálculo computacional necesario para analizar conjuntos de datos extremadamente grandes y complejos.

De pronto, en las últimas dos décadas, todo ha encajado en su lugar y se ha realizado un progreso sin precedentes en la reconstrucción del árbol de la vida, con confianza cada vez mayor. La combinación de una teoría mejorada, el desarrollo de *software* muy accesible y *hardware* infinitamente mejor, y sobre todo la disponibilidad de los datos genómicos, ha provocado nada menos que una revolución en nuestra capacidad de inferir con precisión las relaciones filogenéticas. Hoy en día, podemos visualizar el contorno marcado de todo el árbol de la vida como nunca hasta ahora, y no sólo es imponente, sino también mucho más útil que lo que Darwin nunca podría haber supuesto.

En muchos sentidos, los análisis filogenéticos recientes han confirmado fuertemente las viejas ideas sobre quién está relacionado con quién, pero también ha habido muchas sorpresas impresionantes. Por ejemplo, a gran escala, ahora entendemos que la mayor parte de la diversidad filogenética de la vida es microbiana, y que los linajes tan familiares de macro-eucariotas —animales, plantas y hongos— surgieron más tarde y son considerablemente menos diversos metabólicamente y genéticamente que las bacterias y arqueas que se habían separado antes. Pero las sorpresas están esparcidas por todas partes. En las plantas con flores, por ejemplo, encontramos que el loto del agua está más estrechamente relacionado con el sicómoro de lo que está a los lirios de agua, a pesar de las evidentes (aunque superficiales) semejanzas entre estas conocidas plantas acuáticas. Y, se han hecho descubrimientos sorprendentes incluso entre los organismos más conocidos, como son los mamíferos, donde por ejemplo, ahora reconocemos un clado denominado Afrotheria que incluye a la pequeña musaraña elefante justo al lado de los elefantes gigantes.

Estos no son simplemente resultados inesperados y amenos —han estimulado nuevas ideas en campos que van desde la genómica, a la biología del desarrollo, la biogeografía, la paleontología, e incluso la ecología de ecosistemas y la ciencia emergente del cambio global. Apenas hay un área dentro de la biología que no haya sido influenciada por el progreso en la reconstrucción del árbol de la vida. Una medida obvia del impacto es simplemente la amplitud de revistas científicas en las que ahora los árboles filogenéticos aparecen en todos sus números. Otra medida es el desarrollo de métodos comparativos cuantitativos que utilizan los árboles filogenéticos para estudiar fenómenos como la adaptación y la diversificación— estas aproximaciones han transformado por completo el modo de resolver estos problemas.

Ha habido algunos intentos en la última década para hacer balance de esta gran cantidad de nuevo conocimiento filogenético, y para demostrar su importancia científica y práctica, pero ha sido difícil mantener el ritmo dado el flujo masivo de datos y puntos de vista. Pero, necesitamos desesperadamente este tipo de compendio, para hacer que las numerosas nuevas perspectivas sean accesibles a los estudiantes de biología e incluso al público en general, donde el interés por los organismos continúa floreciendo. Hace unos pocos años, la estructura del árbol era todavía demasiado fluida, pero ahora nuestro conocimiento de las relaciones filogenéticas entre y dentro de las líneas principales de la vida se ha consolidado hasta el punto que dicha síntesis es probable que perdure.

El libro que tiene en frente el lector atiende perfectamente a esta necesidad, proporcionando suficiente detalle como para comprender muchos de los nuevos descubrimientos filogenéticos y su importancia, pero no tanto detalle como para que los temas principales se pierdan en los detalles mínimos. Será especialmente útil para los estudiantes universitarios y de posgrado, pero también servirá a las necesidades de los profesionales, que simplemente estén tratando de mantenerse al tanto de la información más reciente, e incluso a los no científicos, curiosos sobre la evolución de la diversidad biológica en nuestro planeta. Un aspecto clave de la presentación es el estilo consistente, dando tratamientos comparables de los clados principales, y completando con árboles de resumen, las definiciones de los términos clave, las narraciones sobre los principales eventos evolutivos, y la referencia a la literatura de revisión. El que los capítulos estén tan ricamente ilustrados, permi-

tirá a la vez cautivar a los lectores y mejorar la comprensión de las materias. Además, varios capítulos describen los árboles filogenéticos y cómo se reconstruyen, y otros sintetizan las perspectivas filogenéticas sobre temas de interés general, tales como la especiación, la biogeografía, el comportamiento, la simbiosis y la evolución de los sistemas de desarrollo.

Es totalmente adecuado que un libro de este tipo aparezca por primera vez en español. Por supuesto, los países de habla hispana albergan gran parte de la biodiversidad del mundo, y los representantes de muchos de los linajes más característicos en el árbol de la vida. Pero, más importante aún, se está realizando un excelente trabajo filogenético por parte de los científicos de habla hispana que, como demuestra este libro, están a la vanguardia en la investigación de muchos clados principales. La publicación de este libro en este momento crítico sin duda impulsará los intereses de los estudiantes de habla hispana, y estamos obligados a ver los efectos de este compromiso en los años por venir. Lo ideal sería que pronto se tradujese a otros varios idiomas, pero de forma inmediata será valioso para los que trabajamos en otros idiomas, sobre todo por sus árboles sintéticos e ilustraciones de las características clave. No hay nada parecido a este libro en ningún lugar, aunque la necesidad es obvia para una obra que recoge no sólo la grandeza del árbol de la vida, sino también el enorme desafío científico y la emoción de desentrañar sus millones de ramas.

Michael J. DONOGHUE

*G. Evelyn Hutchinson Professor of Ecology and Evolutionary Biology
Yale University, New Haven (USA)*