

REAL ACADEMIA DE CIENCIAS EXACTAS,
FÍSICAS Y NATURALES

DE FAMILIAS, GÉNEROS Y ESPECIES

LA ETERNA BÚSQUEDA
DE LA
ESTABILIDAD EN LA CLASIFICACIÓN BIOLÓGICA

Discurso leído en el acto de su recepción como Académico de Número

por el

Excmo. Sr. D. Santiago Castroviejo Bolibar

y contestación del

Excmo. Sr. D. Enrique Sánchez-Monge y Parellada

el día 28 de enero de 2004



MADRID
Valverde, 22

REAL ACADEMIA DE CIENCIAS EXACTAS,
FÍSICAS Y NATURALES

DE FAMILIAS,
GÉNEROS Y ESPECIES

LA ETERNA BÚSQUEDA
DE LA
ESTABILIDAD EN LA CLASIFICACIÓN BIOLÓGICA

Discurso leído en el acto de su recepción como Académico de Número

por el

Excmo. Sr. D. Santiago Castroviejo Bolibar

y contestación del

Excmo. Sr. D. Enrique Sánchez-Monge y Parellada

el día 28 de enero de 2004



MADRID
Valverde, 12

*A Menchi, mi mujer,
y a mis hijos,
Beatriz y Tomás*

“En biología, nada se
puede hacer entendible
sin una buena taxonomía.”

DOBZHANSKY

ÍNDICE

DE FAMILIAS, GÉNEROS Y ESPECIES

| | |
|--|----|
| 1. INTRODUCCIÓN | 8 |
| 2. EL CONCEPTO DE ESPECIE | 10 |
| a) La especie morfológica | 13 |
| b) La especie biológica | 13 |
| c) La especie genética | 14 |
| d) La especie evolutiva | 15 |
| e) La especie cladística | 15 |
| f) La especie biosistemática | 16 |
| g) El concepto paleontológico de especie | 17 |
| Pero ¿existe la especie? | 17 |
| 3. LA CLASIFICACIÓN (taxonomía y sistemática) | 21 |
| a) El problema de la nomenclatura | 29 |
| b) Taxonomía y filogenia | 32 |
| c) Taxonomía y biología molecular | 39 |
| 4. TAXONOMÍA, BIODIVERSIDAD E INFORMÁTICA | 42 |
| a) Información sobre biodiversidad | 48 |
| Species 2000 | 48 |
| Global Biodiversity Information Facility (GBIF) | 51 |
| Anthos | 54 |
| b) Sistemas de determinación asistidos por ordenador | 57 |
| DELTA | 58 |
| <i>Flora iberica</i> en CD-ROM | 58 |
| Sistema experto para la determinación de especies | 59 |
| 5. RETOS Y TAREAS DE LA TAXONOMÍA HOY | 61 |
| BIBLIOGRAFÍA | 67 |

CONTESTACIÓN

| | |
|---|----|
| Excmo. Sr. D. Enrique Sánchez-Monge y Parellada | 75 |
|---|----|

Excmo. Sr. Presidente
Excmos. Srs. Académicos
Señoras y Señores
Colegas
Amigos

Comenzaré reconociendo que mi presencia aquí, en este histórico recinto, para aceptar el nombramiento de Académico Numerario de la Real Academia de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales suscita en mí un estado de ánimo difícil en la escala de valores que creo haber tenido en mi vida personal y profesional. Únicamente me tranquiliza el pensar que esta es una circunstancia más de la vida, que nos pone en situaciones y ambientes muchas veces inesperados.

Pertenecer a la Academia no fue nunca una meta para mí, ni nada hice por conseguirlo; de hecho, vi siempre a esta prestigiosa institución muy alejada de mi esfera personal. Ahora, como consecuencia, me siento en la desconcertante situación de integrarme de lleno en ella con el temor de no saber si estaré a la altura de lo que de mi debería esperarse. Me cabe como disculpa tranquilizadora saber que vengo a ocupar una medalla nueva, que no representa ningún nivel previo que deba, cuando menos, emular. Pido perdón por estos comentarios tan personales pero necesito hacerlos para que se comprenda mi agradecimiento.

Llego aquí, en cualquier caso, gracias a la voluntad de los académicos que, buscando un botánico para la sección de Naturales, decidieron confiar en mí, aprobando mi candidatura por unanimidad en la sesión plenaria del día 26 de junio de 2002.

Sería muy injusto si no dejase pública constancia de la gratitud que debo a todos ellos, pero de un modo especial quiero referirme en primer lugar a mi profesor de genética en los tiempos de estudiante de Ciencias (sección Biológicas), D. Enrique Sánchez-Monge y Parellada, quien promovió la candidatura. Candidatura avalada luego por el fallecido Presidente de esta Academia y también mi profesor de Bioquímica, D. Ángel Martín Municio, y por nuestro bibliotecario, D. Pedro García Barreno. Mi gratitud, pues, para todos ellos y para la Corporación que en su conjunto me acepta.

Tengo la sincera convicción, por otra parte, de que los méritos que cualquiera de nosotros pueda exhibir son en parte alcanzados gracias a nuestros maestros, colegas y colaboradores. Esto es especialmente destacable en mi caso, ya que mi vida profesional ha sido forjada fundamentalmente en el ambiente del trabajo en equipo. Este modo de trabajar me permitió aprender mucho y comprender más. Por ello, si hoy se me reconocen méritos, yo me siento obligado a decir que éstos han de ser compartidos. A mis padres debo lo básico, el aprecio al trabajo y la honradez intelectual; a mi mujer y a mis hijos debo el cariño y el aliento, no siempre fácil en el día a día y, por último, a mis maestros, compañeros, colaboradores y discípulos, con quienes he mantenido unas relaciones especialmente fértiles, debo mucho de lo poco que hoy pueda saber. A todos ellos, pues, ¡mi emocionada gratitud!

1. INTRODUCCIÓN

Me centraré en este preceptivo discurso en la que es quizá la actividad científica más antigua, pues data sin duda de los orígenes de la propia humanidad: el reconocimiento de los diferentes animales y plantas. Este primer acto de la inteligencia que es distinguir, reconocer y dar nombre, conscientemente, a los seres vivos que nos rodean es el objetivo de una disciplina llamada taxonomía o sistemática, según la definición de diferentes escuelas.

Se sabe que las más antiguas civilizaciones de transmisión cultural no escrita ya nombraban a las plantas y animales con las que tenían contacto o usaban para diversos fines, como alimento, medicina, droga, material de construcción, vestido, etc. Un comportamiento similar se puede encontrar

hoy todavía en poblaciones humanas que no conocen la escritura, como en indígenas de América, de África, Madagascar, etc. De la riqueza de los nombres que han llegado a nosotros, podemos deducir la magnitud de los que habrán sido utilizados. Todas estas clasificaciones de los seres vivos, que no suelen ser jerárquicas, ni homogéneas, ni siguen reglas fijas, se encuadran en la llamada “taxonomía popular” (*folk taxonomy*).

La taxonomía ha venido desarrollándose a impulsos desde sus inicios y hoy, sin abandonar su función primaria –describir y nombrar especies–, se plantea otros objetivos, como conocer el parentesco o la historia de los componentes de la biodiversidad, conocer los mecanismos evolutivos de los diferentes grupos, facilitar el trabajo de otras disciplinas, etc.

Históricamente, la taxonomía no consiguió desarrollarse con cierto rigor por la dificultad de transmitir el conocimiento, debido sobre todo a la imposibilidad de trasladar de unos a otros la visión que cualquiera de ellos había adquirido sobre cualquier especie. Cuando aparecen civilizaciones con tradición escrita, se dibujan las plantas o animales como ocurre desde las pinturas rupestres hasta los frisos egipcios, por ejemplo. El uso del papiro facilitó ya las cosas en cierto sentido pues mejoró las posibilidades de registro y transmisión de conocimientos.

Que se sepa, los primeros catálogos ordenados y comentados sobre plantas o animales fueron elaborados por los griegos. Teofrasto (siglo III a.C.), discípulo de Aristóteles, es considerado como el padre de la Botánica por su obra *Historia Plantarum*, en la que describe unas 500 plantas diferentes. Sus nombres y su contribución perdurarán hasta después de la Edad Media. En el mundo romano, Plinio el Viejo (años 23-79 d.C.) y Dioscórides (siglo I) son algunos de los principales naturalistas. Interesa especialmente la obra *Historia Naturalis*, de Plinio, porque en sus 37 volúmenes se ocupa de gran cantidad de las plantas, animales y seres inanimados conocidos en la época. Dioscórides, por su parte, en su *Materia Medica*, emprende un trabajo más práctico y concreto donde recoge las descripciones de 600 plantas medicinales conocidas en la época, junto a cuidadosas ilustraciones. Muchos de sus nombres son los que se aplican actualmente en Botánica.

En la Edad Media no solo se progresó muy poco en el estudio científico, sino que incluso se olvidaron algunos avances anteriores. Los manuscritos que no se perdieron fueron copiados, en ocasiones sin comprender la len-

gua en la que estaban escritos, por los monjes de los monasterios fundamentalmente. Alberto Magno, en el siglo XIII, fue el primero en recoger los trabajos de griegos y romanos, con ciertas aportaciones. En su obra *De Vegetabilis*, se encuentran excelentes descripciones y se hace una distinción, por primera vez, entre monocotiledóneas y dicotiledóneas

Pero las copias hechas a mano de cada descripción o dibujo fueron provocando paulatinos y graduales cambios, con lo que unas y otros se iban desvirtuando. De esta manera, a quien no conociera previamente la especie, determinar plantas o animales se le hacía muy dificultoso. Este problema se solventa parcialmente con la aparición de la imprenta, ya que permitió reproducir copias idénticas de los dibujos de los ejemplares estudiados por un determinado autor. Con esta información en sus manos, los colegas lejanos podían comparar lo ya sabido con lo que se proponían estudiar. Pero, aunque los dibujos se reprodujesen fielmente, las descripciones seguían siendo muy ambiguas, poco claras. La razón hay que buscarla en la carencia de un lenguaje unificador de conceptos y criterios, que ejerciese la función de urdimbre sobre la que estructurar las observaciones para producir conocimiento.

Por tanto, aunque la imprenta y el Renacimiento llegan de la mano, la carencia de este lenguaje descriptivo impidió un rápido desarrollo de las ciencias descriptivas de la naturaleza. Ese lenguaje tardaría cerca de dos siglos –XVI y casi todo el XVII– en desarrollarse. Pero cuando empezó a tener consistencia, en el siglo XVIII, aparecieron por doquier autores describiendo plantas y animales. Ya, por fin, con la aparición del sistema de nomenclatura binaria propuesto por Karl Linné, la taxonomía inició su despegue definitivo.

Pero, incluso después de 250 años de vida y experiencia acumulada, esta disciplina sigue desangrándose por múltiples debates que afectan incluso a sus dos pilares básicos: la especie y la clasificación. Sobre ninguno de los dos deja de haber discrepancia, como ahora analizaremos.

2. EL CONCEPTO DE ESPECIE

Muchos naturalistas consideran en el haber de Platón el desarrollo del primer concepto de especie al hacer ésta equivalente al *eidos*. El *eidos* sería la idea abstracta y preestablecida en nuestra mente que permite luego concretarse en el mundo material de los seres. De igual modo que consideramos

como mesa infinidad de objetos diversos que suelen tener cuatro patas que sujetan una tabla, consideramos también como tigre a infinidad de individuos similares entre ellos pero aceptando también ciertas diferencias entre sí. Al igual que el tigre se considerarían los demás seres de la tierra. Sería pues la especie un concepto abstracto y preexistente. Es lo que han llamado “especie tipológica” (STUESSY, 1990).

Esta idea fue luego desarrollada por Aristóteles, quien influiría decisivamente durante siglos, sobre todo en Cuvier, Ray y el propio Linneo. Aristóteles aplica el principio de la división lógica, según el cual una especie sería cualquier unidad que posee una esencia común —una idea abstracta o concepto que hace que la unidad sea tal—. Así la especie lógica se convirtió en un término relativo que es aplicable a varios niveles en un esquema de clasificación. Hay una relación lógica en el género y la especie. Esta conexión viene determinada por el uso de *species differentia* y un *fundamentum divisionis*, que resultan mutuamente exclusivos y exhaustivos. La especie fue así concebida como un ente fijo e inmutable. Algún autor sin embargo (LENNOX, 1980: 322) argumenta que Aristóteles defendía además otro concepto para especie y género en el que se aceptaba que las cualidades variaban a lo largo de un continuo.

La especie como unidad taxonómica, en el sentido moderno, fue propuesta por primera vez por John Ray (1627-1705) en la obra *Historia Plantarum* (1686-1704). Supone a ésta como un ente inmutable, e interpreta la variabilidad morfológica como un accidente que resulta de los factores ambientales o de factores inherentes a la especie misma (cf. DAVIS & HEYWOOD, 1963; HAWKSWORTH & BISBY, 1988; HEYWOOD, 1988).

Linneo aplicó un concepto de especie que en opinión de LARSON (1971: 121) estaría basado en el creacionismo explicado en la Biblia: “*The techniques Linné uses to describe or define the species is adequate only to his early belief that the elements of order consist of the fixed, discrete, ‘natural’ kinds created by God*” [La técnica usada por Linneo para describir o definir las especies es adecuada solo para su temprana creencia de que los elementos del orden consisten en las criaturas fijas, discretas y naturales creadas por Dios]. Aunque a lo largo de su vida se fue viendo obligado a una mayor flexibilidad conceptual al comprobar la enorme plasticidad de las especies en muchos grupos.

Darwin, al igual que Linneo, fue cambiando también el concepto de especie a lo largo de su vida, hasta comprender que las especies muchas veces no tenían límites definidos, debido a su carácter plástico y mutable; lo que le llevó a la conclusión de que solamente un naturalista competente puede distinguir de un modo adecuado las especies y las variedades (DARWIN, 1859: 47).

Karl Jordan fue quizá quien aplica más clara y extensamente el concepto de lo que E. MAYR (1957b) llamó “especies no dimensionales”, o especies basadas en la idea de que son grupos reproductivos que viven juntos dentro de una comunidad. Esto llevó a Jordan a describir como especies diferentes a híbridos obtenidos en cultivo, lo que a su vez le llevó a describir otras muchas especies basadas en la diferencia de un simple carácter.

Antes de analizar las diferentes definiciones básicas que se han dado de la especie, es necesario aclarar que las discrepancias nacen, en gran parte, en el mismo punto de partida: la finalidad para la que la especie es usada. Inicialmente se usaba solo “para describir y catalogar la diversidad biológica”, pero a finales del siglo XIX y sobre todo en el XX comenzó a usarse también “para representar las relaciones históricas de la diversidad de una manera jerárquica, como base de la teoría evolutiva” (LUNA, 1994: 83).

BONDE (1977) propone que cualquier concepto, como el concepto de especie, debería incluir: *a)* una definición, mejor abstracta que operativa, para evitar imposiciones artificiales en lo definido, y *b)* criterios mediante los cuales se pueda decidir si un individuo encaja plenamente con lo que la definición establece.

El significado dado por Bonde es el mismo que fue dado por QUEIROZ (1998: 65) como *species concept* y *species criterion*. El propio QUEIROZ (1999) vino a dar luego una explicación más bien retórica de la misma idea.

Aunque algunos autores de los años 20 y 30 del pasado siglo XX, especialmente T. Dobzhansky, habían hecho contribuciones importantes a la luz del camino que abría la genética, a mediados de siglo aparece en escena quien habría de ser quizá, la persona que más peso acabaría teniendo en la definición de especie, Ernst Mayr. Afirma este autor que como criterio básico debe tomarse el aislamiento genético más que la esterilidad, de lo que se deduce una definición de especie como “grupos de poblaciones naturales,

real o potencialmente interfértiles, que están reproductivamente aislados de otros grupos similares”. Esta sería la “especie biológica”, que tuvo y tiene una enorme trascendencia en el pensamiento biológico moderno.

Pero antes de explicarla con detalle, nos referiremos también a otras definiciones que demuestran la heterogeneidad de las ideas. De acuerdo con STUESSY (1998) los más importantes conceptos o definiciones de especie actuales son:

a) La especie morfológica

También llamada clásica o linneana. Aunque esto nos sugiera que no acepta la variabilidad, de hecho hoy esa variabilidad se admite como el resultado esperable de las poblaciones naturales. Este concepto es el más usado por los monógrafos de los diferentes grupos o por los conservadores de las colecciones y en general por la inmensa mayoría de los usuarios, pues, salvo en muy pocos casos, se carece de información suficiente como para aplicar otros conceptos, como el de especie biológica.

La formulación exacta del concepto de especie morfológica ha cambiado a lo largo del tiempo, pero en síntesis todas las definiciones vienen a decir que la diferencia morfológica –fenética, por tanto– es la base para separar las especies. No hay obra descriptiva o catálogo que no lo aplique. A modo de ejemplo citaremos la frase que los editores de la moderna *Flora europaea* (1964-1980) escribieron en la *Guide for contributors* para explicar que en la obra las especies “... deben ser definibles sobre una base morfológica”. Orientaciones análogas encontramos en cualquier obra descriptiva de plantas o animales. CRONQUIST (1972: 15), con un gran sentido práctico, afirma que “las especies son los grupos más pequeños que se pueden distinguir en un sentido corriente de un modo fundado y persistentemente”.

b) La especie biológica

Como hemos dicho con anterioridad, fue establecido inicialmente por Ernst Mayr en 1942, ampliado primero en 1969 y luego en 1982; es el más aceptado por la generalidad de los sistemáticos o taxónomos actuales, pero no es el más empleado, porque exige unos conocimientos biológicos del grupo en cuestión que hoy no tenemos todavía. Viene a decir que especies

son “grupos de poblaciones naturales entrecruzables que están aislados reproductivamente de otros grupos”; en 1982 da una definición similar, enunciada de un modo diferente al tener en cuenta el papel de la especie en el medio, dice: “una especie es una comunidad reproductiva de poblaciones –reproductivamente aislada de otras– que ocupa un nicho específico en la naturaleza”. Se basa siempre en dos cualidades complementarias: *a*) la infertilidad intraespecífica, y *b*) el aislamiento reproductivo interespecífico.

Aunque tiene una aceptación muy mayoritaria, no le faltan críticas, algunas muy fundadas. Podemos decir que este concepto es muy adecuado para los organismos simpátricos que tienen reproducción sexual, pero para muchas plantas, especialmente las especies partenogenéticas, el propio autor reconoce su escasa utilidad.

Aunque reconoce que ha sido muy utilizado por quienes estudian ecología, genética de poblaciones o biología evolutiva, CRACRAFT (1989) concluye diciendo que es insostenible en lo teórico, y poco funcional, en lo práctico. STEBBINS (1979), por el contrario, explica que esta definición, o alguna de sus variantes, es la única válida para comprender la diversidad vegetal.

La polémica sigue, aquí simplemente señalaremos algunos puntos oscuros que surgen en su aplicación. Al exigir aislamiento genético e infertilidad interespecífica no es aplicable a aquellos organismos o poblaciones monoparentales o que tienen reproducción asexual (una gran cantidad de organismos vivientes), o a aquellos en los que se dan hibridaciones espontáneas y frecuentes (caso éste extremadamente frecuente en muchos grupos, especialmente en las plantas). Además, la exigencia de sincronía y simpatría excluye así mismo a muchos organismos o grupos.

c) La especie genética

Surge este enfoque como intento de superar algunas dificultades inherentes a la aplicación del concepto de especie biológica. Aceptan los defensores de esta idea que los factores biológicos, el flujo génico y el aislamiento reproductivo son importantes para definir especies, pero que el mejor método para hacerlo es midiendo las diferencias o distancia genética entre poblaciones o grupos de poblaciones.

Como ejercicio teórico parece positivo, pero es de escasísima utilidad práctica pues resulta impensable que se pueda medir la diferencia génica entre poblaciones a gran escala. Aunque las nuevas técnicas permiten hacer algunas medidas en casos concretos, nuestra capacidad y conocimiento está todavía muy lejos de poder emplear este método de un modo generalizado.

Sospechamos que aun en el caso deseable de que se dispusiese de la secuencia completa de ADN de los genomas de un grupo completo, surgirían con seguridad multitud de dificultades en la interpretación de los datos.

d) La especie evolutiva

Este concepto fue inicialmente propuesto por SIMPSON (1951) con la frase: “una especie evolutiva es un linaje (una secuencia de poblaciones ancestro-descendiente) que evoluciona separadamente de otras, con sus propias tendencias y rol evolutivo unitario”. Pretendía el autor con este concepto esquivar los inconvenientes de la especie biológica en materia de hibridación interespecífica –muy frecuente en plantas– que ahora ya no interfiere con el “rol evolutivo” de cada especie, si interpretamos el término “rol” en el sentido de “nicho” como explica el propio Simpson. Precisamente para ajustar más la descripción, VAN VALEN (1976: 233) la adaptó estableciendo que “una especie es un linaje (o un set de linajes estrechamente emparentados) que ocupa una zona adaptativa mínima diferente a la de cualquier otro linaje en su rango y que evoluciona separadamente de cualquier linaje fuera de su rango”.

Este concepto puede ser de alguna utilidad para los estudiosos de la evolución de un grupo concreto, pero de muy difícil aplicación pues exigiría un conocimiento profundo de la filogenia del grupo en estudio, cosa que se nos antoja, una vez más, muy poco realista.

e) La especie cladística

Como veremos más adelante, la irrupción de la cladística en la taxonomía trajo consigo mucha controversia por la necesidad de esa escuela de adaptar las clasificaciones a las ramificaciones dicotómicas del supuesto árbol filogenético. En este empeño encontramos tanto a quienes pretenden cambiar toda la clasificación linneana como a quienes simplemente preten-

den, como los filogenetistas, definir especies mediante la simple adaptación del concepto de especie evolutiva.

La definición de WILEY (1978: 18) es formalmente muy similar a la que SIMPSON (*loc. cit.*) formuló para la especie evolutiva, pero con sutiles cambios para hacerla compatible con los principios cladísticos. Dice: “la especie es un único linaje de poblaciones de organismos descendientes de un ancestro que mantiene su identidad ante otros linajes y tiene su propia tendencia evolutiva y destino histórico”. A diferencia de la especie evolutiva, aquí se dice que el linaje es “único”, para adaptarlo mejor a una rama o clado; decir que mantiene su *historical fate* “destino histórico” en lugar de *evolutionary role* claramente centra la descripción más hacia el papel de la evolución, como resultado de un cambio apomórfico, que hacia el enfoque ecológico que le da Simpson. Todd STUESSY (*loc. cit.*: 177) destaca además que la frase “que mantienen su identidad frente a otros linajes” en lugar de la de Simpson “que evoluciona separadamente de otros” deja abierta la posibilidad del uso de las sinapomorfías para detectar tales linajes.

Como hemos dicho, dentro de la escuela cladística hay diversas tendencias, que podríamos llamar más o menos radicales. Los menos radicales aceptan la especie y nomenclatura linneana solo por razones operativas.

f) La especie biosistemática

La llegada de la biosistemática y la taxonomía experimental permitieron un conocimiento más profundo de algunos grupos, lo que a su vez vino a demostrar que las categorías usadas en las clasificaciones tradicionales linneanas no permitían una explicación de la diversidad e historia del grupo. Surgieron así infinidad de propuestas de nuevas categorías en torno a la especie, como “agregado de especies”, “microespecies” (DAVIS & HEYWOOD, 1963), “eco-especie” o “ecótipo” o “coesnoespecie” (CAIN, 1953; GRANT, 1969), etc. CAM & GILLI (1943) ofrecieron una larga relación de esas categorías con sus correspondientes definiciones, nos referimos a: *homogoneon*, *phenon*, *parageneon*, *euploidion*, *dysploidion*, *aneuploidion*, *alloploidion*, *micton*, *rheogameon*, *cleistogameon*, *heterogameon*, *apogameon* y *agameon*. Sin que pretendamos reproducir las definiciones, muchas de ellas se refieren a las características internas de las poblaciones, a los sistemas de reproducción, a los niveles de ploidía, etc.

Estas categorías, en cualquier caso, son útiles para la descripción biológica de las poblaciones, pero no afectan a la nomenclatura.

g) El concepto paleontológico de especie

Los paleontólogos no pueden en ningún caso tener información acerca de flujo de genes, aislamiento reproductivo, distancia génica, etc. Trabajan generalmente con fragmentos de organismos y solo muy excepcionalmente pueden llegar a conocer la variabilidad morfológica de una población. Por el contrario, a diferencia de quienes estudian organismos vivos, ellos están constantemente situando sus formas en el tiempo, para saber cuándo aparecieron y cuándo desaparecieron; caracteres éstos que utilizan para la definición y descripción, de ahí surgieron otros conceptos como *paleoespecie* (SIMPSON, 1961), *chrono especie* (GEORGE, 1956) o, incluso, *especie paleontológica* (COOK, 1899).

Pero ¿existe la especie?

Lo paradójico es que, después de tantos años de pensamiento centrado en estos conceptos, todavía subsista la duda planteada por Dobzhansky (1966), saber si la especie, además de una categoría taxonómica, es también una unidad tangible y una entidad biológica real.

Debido a las dificultades encontradas para aplicar el concepto de especie biológica incluso en sentido amplio, algunos autores, como BURMA (1954: 209), han llegado a considerar que, para muchos grupos concretos, las especies son una entelequia —un “constructo”— arbitrariamente elaborada por el hombre “*arbitrarily erected, man-made constructs*”. Él mismo, y otros como EHRlich & RAVEN (1969), SOKAL & CROVELLO (1970), LEVIN (1979b), etc., rechazan cualquier aproximación al concepto de especie que no conceda a ésta una realidad objetiva, a pesar de que consideran que la única unidad evolutiva es la población geográfica, local, reproductiva y aislada. Esto sería el concepto de “especie nominalista” de MAYR (1957b).

En taxonomía se denominan “realistas” a quienes sostienen que los grupos taxonómicos a los que se les asigna la categoría de especie tienen una realidad natural y existencia objetiva, con independencia de la mente humana; en este grupo estarían autores tan importantes como el propio Dobzhansky, Mayr, Huxley, Hall, Turrill, etc. En el otro extremo estarían los llamados

“nominalistas”, es decir, los que sostienen que las especies son ficciones, construcciones utilitarias de la mente humana, sin existencia objetiva; en definitiva son entidades artificiales; entre quienes apoyan esta idea se puede citar a Bessey, Britton, Burma, Cowan, Maso, etc. (JORGE CRISCI, 1994).

Agrupar este autor los fundamentos de la primera hipótesis, la de los realistas, porque en su opinión la especie tiene:

a) *Justificación evolutiva*, porque las especies son sistemas eficaces para poner a salvo grupos de genes.

b) *Filogenia común* de todos los individuos integrantes de la especie, lo que les da un papel diferente del de los miembros de otras especies.

c) *Interacción reproductiva y flujo génico* entre los miembros de una misma especie, lo que la convierte en una categoría de funcionalidad biológica.

d) *Aislamiento reproductivo con respecto a otras especies*, lo que marca los límites de la especie misma.

e) *Presiones de selección* que actúan sobre las poblaciones de una misma especie y la mantienen como unidad.

Se argumenta también que a favor de esta interpretación están las clasificaciones biológicas populares. En muchas ocasiones se da una llamativa coincidencia entre las especies reconocidas por los taxónomos científicos y por ciertas culturas antiguas. Los papúas de Nueva Guinea, por ejemplo, reconocen, con nombres diferentes, 136 de las 137 especies de aves que viven en la zona (E. MAYR, 1969), y los indios tzeltales de Méjico distinguen con nombre diferente el 63% de las especies que reconocen los botánicos con su correspondiente nombre científico latino (BERLIN, BREEDLOVE & RAVEN, 1974).

Otra versión incluíble en este grupo de realistas arguye que las especies son sistemas biológicos en sí mismos. Serían unidades ecológicas y evolutivas cohesionadas y, lo que es más importante, discretas, a las que se les atribuye la función de “sistemas genético-evolutivos” y, como consecuencia, con una funcionalidad (REIG, 1979).

Por el contrario, para los “nominalistas”, aunque la filogenia de las diferentes poblaciones de una especie sea común, puede no serlo el papel ecológico y evolutivo (LEVIN, 1979). Niegan por ejemplo que cumplan ese mismo papel las poblaciones de *Sedum acre* que viven en los arenales silíceos costeros que las que se desarrollan sobre las calizas de la alta montaña;

o las poblaciones arbustivas de *Erica arborea* que crecen en la Península que las que forman bosques nublados en Canarias, en el monte Kilimanjaro o las que ocupan un hábitat muy especial en Sudáfrica. Se pregunta CRISCI (1994: 56): ¿Se puede considerar que las poblaciones de *Leucheria achillaeifolia* de la zona costera del sur de Chile poseen el mismo papel ecológico y evolutivo que las poblaciones de la misma especie pero en la estepa patagónica?

Recientes trabajos parecen indicar que en muchas ocasiones es más intenso el intercambio génico entre poblaciones vecinas de dos especies afines pero diferentes que entre diferentes poblaciones de una misma especie alejadas geográficamente. Estas afirmaciones son especialmente válidas, por ejemplo, para las especies del género *Quercus*.

Para contrarrestar la afirmación de que las especies son una realidad, captada incluso por diferentes civilizaciones, los nominalistas se apoyan en los científicos que dicen que nuestros hábitos lingüísticos y mecanismos mentales son los que determinan nuestra concepción del mundo (BRONOSKI & BELLUGI, 1970; STENT, 1975). Querría esto decir que, aunque veamos o interpretemos las especies como reales, esta supuesta realidad podría no existir. Nuestras mentes, programadas a lo largo de nuestra historia evolutiva para crear grupos y formar abstracciones conceptuales, estarían transformando la realidad en grupos discretos (HALDANE, 1956). Así se explicaría la coincidencia entre diversas clasificaciones, ya que éstas son ficciones creadas por nuestra mente para expresarse.

HEYWOOD (1998) se pone del lado de los nominalistas al insistir también en que debemos aceptar que las especies son agrupaciones prácticas, hechas por los hombres, sin fundamento biológico. Explica que el uso del concepto de especie biológica, tan apoyado por muchos, resulta ilusorio y no operativo. De igual manera, los intentos actuales de aplicar una definición rigurosa del concepto de especie filogenética no forman parte de la taxonomía práctica e incrementan el riesgo de desconcertar todavía más a los usuarios de la taxonomía, aunque pertenecen al campo de la taxonomía teórica. Rechaza en definitiva que el descubrimiento de las unidades filogenéticas mínimas sea la base del concepto de especie en la taxonomía vegetal.

Aunque los nominalistas rechazan la realidad de la especie, defienden la necesidad de usar ese concepto y buscan para ella una definición arbitraria pero aceptable para todos.

Lo paradójico de la polémica es que podemos encontrar ejemplos que parecen demostrar cualquiera de las dos hipótesis. Especies que no hibridan, o tienen incompatibilidad, como las europeas del género *Erica*, o la mayoría de las pertenecientes a la familia de las umbelíferas (*Apiaceae*), o los famosos pinzones que Darwin estudió en las Galápagos; frente a ellas, hay otras que no tienen barreras como las del género *Quercus*, que parecen intercambiar genes siempre que no haya un aislamiento geográfico efectivo. Ante evidencias de este y otros tipos, la posición más correcta parece aquella que simplemente busca un criterio práctico para describir y nombrar la biodiversidad.

Es conveniente no confundir los procesos con las pautas a la hora de hacer taxonomía. El proceso evolutivo que conduce a la mayoría de las pautas de variación que observamos no debe tenerse en cuenta en la definición de los grupos (especies) que describimos (HEYWOOD, 1998). La definición de especies debería centrarse en la búsqueda y descripción de esos modelos que queremos reconocer como especies, no en su explicación. En este error caen muchos de los intentos de biosistemática y de taxonomía experimental que se desarrollaron a partir de los años cuarenta del pasado siglo.

Una interpretación integradora supone que los procesos evolutivos biológicos han desembocado en multitud de situaciones; algunas, las de los grupos más antiguos y evolucionados, han llegado a formar auténticas especies, aisladas genéticamente, bien establecidas y con un alto grado de estabilidad biológica, como por ejemplo los brezos europeos (*Erica* sp. pl.), mientras que otros grupos más jóvenes, en plena eclosión evolutiva y diversificación por ende, forman poblaciones en las que la hibridación, el intercambio génico, etc., producen una plasticidad morfológica tal que es difícil encontrar discontinuidades reales en el conjunto, este sería el caso de la mayoría de nuestros tomillos (*Thymus* sp. pl.), nuestros robles (*Quercus* sp. pl.), nuestros narcisos (*Narcissus* sp. pl.), nuestras especies de los géneros *Armeria* y *Limonium* (*Plumbaginaceae*), etc.

Estas diferentes formas de aproximarse a la definición de especies pueden ser en muchos casos simples erudiciones teóricas, pero en otros muchos tiene consecuencias importantes. Por ejemplo, MARTIN (1996) Y ZINK (1996) explican los efectos de aplicar los nuevos métodos de análisis molecular, y el concepto de especie filogenética, como contrapuesto a la especie biológica, tendría como consecuencia que las especies de aves pasaran

de ser 9-10.000 a unas 20.000. En la misma línea, CRACRAFT (1992) destaca que aplicando conceptos filogenéticos de especies a un grupo de aves (aves del paraíso, *Paradisaeidae*) se reconocerían cerca de 90 especies diferentes entre sí, mientras que si se aplican los conceptos tradicionales de especie biológica, ese número se reduciría a 40-50.

Si lo que pretendemos es saber si existe algún método incontestable que pueda ser aplicado para la determinación y discriminación de las especies, hemos de responder categóricamente que tal método no existe ni posiblemente pueda existir. Tendremos que continuar describiendo las especies de un modo pragmático, dividiendo la enorme diversidad biológica en unidades coherentes que puedan ser reconocidas y a las que se les pueda dar un nombre.

La sociedad necesita referirse a todos los animales y las plantas. El taxónomo, por tanto, ha de lidiar con todos los grupos por heterogéneos que sean, por ello ha de buscar un concepto práctico de especie, que puede ser de hecho diferente para cada uno de los grupos estudiados. Y aquí nosotros apoyamos claramente el uso de la especie morfológica como única forma de continuar con la tarea de describir lo desconocido.

3. LA CLASIFICACIÓN (taxonomía y sistemática)

“Cierta enciclopedia china en la que está escrito que los animales se dividen en a) pertenecientes al Emperador, b) embalsamados, c) amaestrados, d) lechones, e) sirenas, f) fabulosos, g) perros sueltos, h) incluidos en esta clasificación, i) que se agitan como locos, j) innumerables, k) dibujados con un pincel finísimo de pelo de camello, l) etcétera, m) que acaban de romper el jarrón, n) que de lejos parecen moscas” [Jorge Luis Borges (*Otras inquisiciones*)] citado por Michel Foulcault (*Les Mots et les Choses*) para ilustrar la idea de que sin una buena taxonomía o clasificación no es posible siquiera la capacidad del pensar.

Clasificar es diferente que describir y, aun en contra de la opinión de algunos teóricos, no conviene confundir ambas tareas. La descripción sería el objetivo de la taxonomía –disciplina que crea táxones o unidades identificables y reconocibles–, mientras que la clasificación lo sería de la sistemática –disciplina que crea clasificaciones o sistemas de clasificación–. Nosotros

concordamos plenamente con la idea de que, en Biología, la sistemática es la rama de la ciencia que investiga los conceptos y argumentos que subyacen en una clasificación (SMITH, 1969).

La distinción entre taxonomía y sistemática se debatió desde antiguo (HUXLEY, 1940; HENNIG, 1950). Después de una tendencia inicial a considerarlas como dos tareas separadas, tal como hemos dicho, últimamente parecen mayoría quienes consideran ambas palabras como meros sinónimos. MAYR (1969) definía la taxonomía como “la teoría y práctica de clasificar organismos”, definición que, en líneas generales, fue mantenida por otros muchos autores, los que defienden la separación; pero esta definición tiene a su vez su trampa porque acepta diversas tareas para un objetivo, las tareas serían la descripción e identificación, mientras que el objetivo sería la clasificación.

Una postura parecida defienden, por ejemplo, QUICKE (1993) y MINELLI (1993), que insisten en diferenciar la función de nombrar plantas, la “nomenclatura”, y organizar los organismos en un sistema, la “clasificación”.

Otras veces ambos términos son definidos en sentido contrario del que aquí hemos expuesto. PORTER (1969), por ejemplo, explica que sistemática—especialmente sistemática botánica— tiene que ver con la toma de datos (sistemática anatómica, citológica, ecológica, genética, etc.), mientras que taxonomía estaría relacionada con la fase interpretativa de esos datos para proponer clasificaciones y relaciones evolutivas.

El término sistemática fue ya usado por Linneo en su obra *Critica Botanica*, publicada en Leiden en el año 1737, en la que escribió: “rechazamos los nombres dados a plantas por cualquiera, a no ser que hayan sido dados por un sistemático, o confirmados por ellos”. El propio Linneo lo volvió a usar reiteradamente a lo largo de su vida y ya en el siglo XIX su empleo era generalizado.

VANE-WRIGHT (2001), en la entrada “Taxonomy” de la *Encyclopaedia of Biodiversity*, cita una larga relación de autores que defienden la idea de que taxonomía y sistemática son sinónimos.

Algunos, especialmente después de la publicación de la obra editada por J. HUXLEY, *The new systematics* (1940), han utilizado el término “Nueva sistemática” para destacar que el objetivo de esta disciplina sería el estudio de la evolución y sus consecuencias. Quienes la cultivan centran el objeto de sus estudios en el rango infraespecífico principalmente, ya que permite

hacer cultivos experimentales, hibridaciones, etc. La nueva sistemática sería algo muy similar a la biosistemática.

En mi opinión, la distinción entre taxonomía y sistemática es más conceptual que práctica, porque hacer taxonomía y no hacer sistemática resulta poco útil. Podríamos producir una larga relación de descripciones de especies desconectadas, pero ello nos obligaría a un enorme y poco práctico esfuerzo, porque resulta mucho más sencillo describir unos organismos en relación con otros afines, considerando sus semejanzas y diferencias. No habría que describir más que aquello que fuera diferente de lo ya descrito.

Al crear un taxon, por ejemplo una especie, el autor ha tenido que realizar dos análisis básicos previos:

- a) dar valor a las similitudes, y
- b) sopesar las diferencias.

El primero le permite asociar la especie que estudia a otras afines y el segundo le permite observar la singularidad o individualidad de la misma. Con esos dos análisis, se puede decir que se hace ya una “protoclasificación”. Si la nueva especie se incluye en un género hasta entonces monotípico –con una única especie reconocida– podríamos pensar que la clasificación está implícita; pero si el género en el que se incluye tiene ya otras cien especies sin estructurar, diremos que la clasificación no ha sido hecha todavía, se trataría de una “protoclasificación desestructurada” (VALDECASAS & CASTROVIEJO, 2003). Dar estructura y jerarquía a esas especies es la tarea del sistemático.

Pero el hecho de describir apoyándonos en la comparación no implica que se haga clasificación. La comparación no necesita ser relacional. Cuatro patas pueden identificar la función de una silla, pero si estamos describiendo dos objetos de arte, uno de ellos con cuatro elementos rectos hacia el suelo y el otro con otros cuatro orientados hacia el techo, la comparación de las formas puede hacerse sin implicar relación.

No pretendemos, en cualquier caso, hacer un profundo análisis de ambos conceptos. Queremos simplemente destacar nuestro criterio y dejar constancia de las discrepancias.

A finales del siglo XVI y comienzos del XVII, época en que los tratados científicos se hacen cada vez más numerosos, se va imponiendo la necesidad de encontrar un sistema homogéneo y racional de ordenar y nombrar los seres

vivos. Son Andrea Cesalpino y Caspar Bauhin quienes aplican a este objetivo los principios de la lógica de Aristóteles y proponen las primeras metodologías de clasificación con cierto éxito. Bauhin es, posiblemente, el primero que usa con cierta formalidad una nomenclatura binómica. En alguna de sus obras se puede observar el nacimiento de una idea con enorme repercusión, la de encontrar una “clasificación natural” o de “grupos naturales”, que son aquellos que tienen afinidades debidas a su naturaleza (creadas por Dios).

Tournefort crea en 1700, en su obra *Institutiones rei herbariae*, un sistema donde se ordenan 9.000 especies en 700 géneros. Además define grupos a mayor nivel o agregados de géneros (comparables a familias). Sin embargo, su clasificación es artificial y las especies son nombradas por polinómenes, que resultarían poco prácticos.

Así pues, se fue afianzando la necesidad de usar un sistema universal y lógico para nombrar y clasificar los organismos. Pero aunque, como hemos dicho, los antecedentes de la nomenclatura botánica se remontan a Caspar Bauhin, sería Linneo quien finalmente propusiera un sistema sencillo de clasificación, basado en los caracteres de la flor, y como nombre un simple binomen. Ambos, la clasificación y la nomenclatura, resultaron ser muy prácticos, especialmente en aquella época, pues tras las grandes expediciones a América, Asia y África el número de organismos conocidos empezaba a ser inmanejable y su estudio ya muy difícil.

Ya hacia finales del siglo XVIII muchos botánicos y zoólogos se dan cuenta nuevamente de que existen afinidades naturales entre los seres, y surge como consecuencia una cierta oposición a los sistemas artificiales de Linneo y Tournefort. Se inicia la búsqueda de un sistema natural de clasificación que implica: *a)* el abandono del uso de un único carácter para clasificar los seres, y *b)* no seleccionar los caracteres según una teoría preestablecida, sino siguiendo la experiencia como fuente de información.

Adanson es uno de los primeros en usar el mayor número de caracteres posible para su ordenación, teniendo todos los órganos un valor igual para la clasificación. Este último punto hace que se le considere como el precursor de la taxonomía numérica. Sin embargo, algunos autores rechazaron este método según el cual los caracteres no son valorados a priori.

Pero si, como hemos visto, sobre el concepto de especie hay diferencias, sobre las clasificaciones, éstas son todavía mucho más profundas, pues desde la clasificación artificial de Linneo, llamada también clasificación sexual, hasta las más pretendidamente filogenéticas de los cladistas se han hecho y siguen haciendo infinidad de propuestas irreconciliables.

En Biología, la taxonomía es vista muchas veces como una rama “blanda” y “antigua” ya que a ella suelen aplicarle, de un modo más bien intuitivo, las ideas expuestas por VUILLEURMIEUR (1970), que en síntesis viene a decir que una disciplina se desarrolla pasando primero por una etapa descriptiva, luego otra empírica, para alcanzar su plena madurez cuando llega a modelos experimentales y evolucionistas. La taxonomía sería, pues, la fase primera y “vieja” de la Biología.

Este análisis distorsionado se empleó muchas veces por otros tantos autores, pero según referencia de GOULD (2000) sería llevado a su extremo por el físico británico Rutherford quien, tomando un viejo prejuicio, comparó a los taxónomos con los “coleccionistas de sellos”, basándose en que ambos tenían en común:

1. El uso de métodos simples para comparar la variabilidad.
2. La carencia de teoría para apoyar esa actividad.

Para responder a estas afirmaciones, poco debe decirse acerca de los métodos, pues éstos no son importantes en sí mismos, sino solo por lo que nos permiten alcanzar. Muchas de las grandes ideas en la Ciencia se elaboraron por medio de la simple observación.

Pero acerca de la carencia de teoría hay que decir que ya POPPER, en el año 1961, contestó adecuadamente en su famosa Herbert Spencer Lecture titulada *Evolution and the Tree of Knowledge*. BRADY (1994) ha analizado con detalle, siguiendo a Hanson, la llamada “componente teórica de la observación” en relación con la taxonomía. En sus propias palabras: “la observación tiene que ser puesta en un marco conceptual y lingüístico de un programa de investigación si quiere ser de utilidad... es más, el simple acto de observar (seeing), antes de cualquier “report” lingüístico de su resultado, es ya un acto conceptual”. Complementariamente hemos de decir que “la réplica de la percepción” es la base de la descripción e identificación taxonómica.

Disquisiciones al margen, hemos de decir que si analizamos desapasionadamente los métodos ortodoxos, comprenderemos pronto que los taxó-

nomos trabajan bajo un modelo descriptivo e inductivo similar al que se aplica en otras disciplinas tales como la ecología, la evolución, etc.

Las verdaderas disciplinas científicas proponen y permiten verificar las hipótesis en su propio ámbito. Si la taxonomía, tal y como aquí la delimitamos, es realmente así, entonces el estudio de las pautas y la verificación de las hipótesis debe ser una parte de su cometido. La taxonomía ha sido la fuente de muchas hipótesis y es el reservorio de datos para otras muchas que han de venir pronto. Evitamos el uso de hipótesis en el sentido de GASTON & MOUND (1993), que considera que cada especie establecida es ya una hipótesis en sí misma, y así la taxonomía podría ser considerada como la más sólida disciplina científica por haber generado más de un millón y medio de hipótesis.

Esta visión estrecha de una hipótesis genera al menos dos problemas: 1) dista de estar claro si hay un acuerdo general de lo que es una especie; 2) el millón y medio de hipótesis pueden quedar reducidas a una sola, si hubiera un acuerdo universal acerca de lo que es una especie y considerando cada descripción específica concreta como una simple aplicación de la hipótesis “los organismos están organizados en especies”.

Con el ánimo de solucionar la carencia de herramientas adecuadas para identificar o determinar las especies y de una clasificación estable, TAUTZ & *al.* (2002 y 2003) propusieron reemplazar la taxonomía tradicional por un método basado en el uso del ADN, según el cual una fracción minúscula (fracción infinitesimal) del genoma del organismo en cuestión es secuenciado y usado tanto para identificarlo como para clasificarlo. LISCOMB & *al.* (2003) respondieron explicando que aunque estos métodos son utilizados para los *procariotas* que no se pueden cultivar, si centramos toda la taxonomía en la identificación no hemos comprendido el valor intelectual y la capacidad de comprobar hipótesis de la taxonomía actual. Si reducimos la taxonomía a la tarea de identificación la habremos convertido en una tarea técnica, alejándola de lo que es hoy, una ciencia que propone y contrasta hipótesis. Cuando las descripciones de especies se basan en una gran cantidad de caracteres se convierte en una hipótesis científica interesante que hace predicciones acerca de la distribución de las peculiaridades morfológicas en el conjunto de los organismos vivos.

Quizá uno de sus puntos débiles es el que le achacan algunos críticos (cf. G. NIETO FELINER, 1991): la carencia de un marco teórico que permita

comprender cómo se aplica. Esto es muy importante también porque afecta a la consideración de la taxonomía como disciplina científica. Es curioso comprobar cómo con la aplicación de los actuales criterios de detección de la calidad de la producción científica la taxonomía se ve crecientemente perjudicada, mientras que otras disciplinas salen claramente favorecidas. Resulta a nuestro entender paradójico que una reciente disciplina como la *Computer Pattern Recognition*, que solo se plantea la identificación automática, sea considerada como una *strong* disciplina, mientras que la taxonomía, que además de la identificación se plantea la descripción y la filogenia, es considerada como una disciplina menor de la biología.

Reconstruimos filogenias para explicar las pautas de la diversidad de los organismos. La multitud de tipos de hipótesis que constantemente se están testando en taxonomía, desde los caracteres a los táxones o clados, son esenciales para la biología evolutiva.

Más de 1,5 millones de especies han sido descritas desde la época de Linneo. La naturaleza de esos táxones ha sido debatida por generaciones de biólogos y parece todavía esquivada. Aparte ciertos períodos de entendimiento, la diversidad de conceptos ha sido la regla y lo sigue siendo, quizá con más fuerza. Esta situación podría ser, tal vez, similar a la de otras muchas disciplinas. Se sabe que la eficacia de la terapia psicológica verbal tiene más que ver con la empatía entre el psicólogo y el paciente que con la escuela del psicólogo. ¡Pero funciona! Esto saca a relucir la debilidad del soporte científico de esas disciplinas, pero no nos autoriza a considerarlas como pseudo-científicas. FANCHER (1996) lo llamó “*cultures of healing*”. Una similar denominación podría ser usada para describir el estatus de la taxonomía. Tenemos “*cultures of taxonomy*” y eso no tiene nada que ver con lo dogmáticos o desdénosos que sean los defensores de las diferentes escuelas. El acuerdo es una consecuencia de lo evidente, no una cuestión de principios.

Grupos discretos y categorías

A la hora de hacer taxonomía, una vez establecidos los rangos de variación y similitud, el siguiente paso es establecer los grupos discretos en los que la variabilidad interna es menor que la externa. Es tradición establecer grupos dentro de grupos y todos son, de uno u otro modo, de naturaleza dis-

creta. Además, en diferentes grupos de organismos, pueden establecerse también categorías de magnitud equivalente y reciben categoría similar: especie, género, familia, etc. Todas ellas, excepto las dos primeras, son consideradas artificiales. VAN VALEN (1976) consideró incluso la posibilidad de que haya géneros sin especies. Géneros y especies son problemáticos, como también lo es, como hemos visto, la enorme cantidad de literatura que se produjo en torno a ellos. Dos aportaciones clásicas sobre este asunto son las de KINSEY (1936) que, usando cynípidos como ejemplo, estudia la naturaleza de las categorías taxonómicas y concluye que todas, excepto las especies, son rechazables por arbitrarias al no contar con apoyo ontológico, y la de VAN VALEN (1973) que al hacer una comparación cuantitativa basada en ocho parámetros (criteria) concluye que la mismas categorías en los diferentes grupos no son equivalentes. En su opinión, sin embargo, esta jerarquización contiene una gran cantidad de información útil.

No hay equivalencia universal en términos como especie, género, familia, etc., y algunos grupos, claramente, necesitan más categorías que otros (cf. NANNEY, 1999, en protozoos ciliados). Sin embargo, quien haya tenido experiencia taxonómica en un grupo sabe cuales son las categorías que han sido arbitrariamente asignadas. En la práctica, en cada grupo hay usualmente un consenso entre los taxónomos razonables, al asignar el valor de un carácter como propio de una especie, un género, etc.

Un requerimiento biológico para el rango genérico puede no tener el mismo significado si se trata de insectos que de hongos, pongamos por caso. La idea de que un mismo carácter debe tener siempre el mismo valor viene más bien del campo de la física, que usa conceptos como kilogramos o metros. No es este el momento de seguir por este camino, ni de ofrecer nuevas alternativas a este viejo problema, pero en cualquier caso matizaríamos mucho la limitada visión, frecuentemente aceptada hoy en día, que expresa la siguiente frase: “la clasificación biológica es al mismo tiempo un sistema de celdas de palomar hecho por el hombre y creado por razones pragmáticas para acopiar observaciones de un modo adecuado y de reconocer la discontinuidad orgánica” (DOBZHANSKY, 1937, citado por AVISE & WALKER, 1999). En taxonomía hay algo más que celdas de palomar y algo más también que un sistema hecho por el hombre, como creo se deduce de estas páginas. Podríamos añadir también que no es la “discontinuidad orgánica” lo que los

taxónomos en realidad detectan, es la equivalencia en la variación lo que orienta la organización taxonómica.

AVISE & JOHNS (1999) proponen un esquema de clasificación biológica para las especies actuales con base en el único criterio de las fechas absolutas de los árboles evolutivos. La restricción de aplicarlo solamente a las especies actuales se debe a que el tiempo real (absoluto) es solo disponible por medio de análisis moleculares y éstos solo se pueden hacer en las especies actualmente existentes. VAN VALEN (1978) en el trabajo ya mencionado, dedica una sección a analizar esta sugerencia refiriéndose especialmente al trabajo de FARRIS (1976), en el que este último da rango a los táxones basados “únicamente en el tiempo de su origen a su extinción (hasta la actualidad)”. De hecho Farris concluye que “el rango no puede ser determinado por el tiempo de origen, porque ello puede requerir la formación de grupos monotípicos –y los táxones monotípicos, había dicho él previamente, no deben ser incluidos en una clasificación filogenética–. El rango puede ser asignado satisfactoriamente sobre la base de la edad de diferenciación de los táxones, o sobre la base de su duración temporal”. El trabajo incluye también consideraciones acerca de la asignación de rango cuando se descubren nuevas formas, etc. Curiosamente, el trabajo de AVISE & JOHNS (*loc. cit.*), publicado diecisiete años después que el mencionado de Farris, no hace mención a ninguna de estas contribuciones.

a) El problema de la nomenclatura

La nomenclatura nace íntimamente asociada a la taxonomía desde sus más remotos orígenes, pues resulta imprescindible dar un nombre estable a cualquier especie –u otra entidad– que se reconozca.

La nomenclatura taxonómica en botánica y zoología se rige por sendos Códigos Internacionales de Nomenclatura que se aprueban en los correspondientes congresos internacionales, después de su estudio por comisiones ad hoc [el de botánica *International Code of Botanical Nomenclature* se aprueba en los congresos botánicos internacionales que periódicamente convoca la IATP (Internacional Association for Plant Taxonomy)]. Desde antiguo, la nomenclatura biológica se basa en el principio de la prioridad –que se aplica con mayor rigor en la botánica–, es decir, cualquier planta o animal

debe llevar el nombre más antiguo de los que se le hayan aplicado. Este sencillo y lógico principio se convirtió en muchas ocasiones en una fuente de confusión. Pongamos un ejemplo. Una planta fue descrita por un autor con el nombre A, inmediatamente ese nombre pasa a ser utilizado en catálogos, floras, informes, libros, etc. Pasados muchos años, a veces siglos, se descubre que esa misma planta ya había sido descrita con anterioridad por otro autor diferente con el nombre B, evidentemente más antiguo, pero olvidado hasta entonces por haber sido dado a conocer en una publicación escasamente difundida. La aplicación estricta del principio de prioridad obligaría, para desconcierto de todos, a dejar de llamarla A, para llamarla B, por muy popular que sea A.

Para evitar ese y otros muchos casos infinitamente más complejos, los congresos internacionales de botánica van paulatinamente debilitando el principio de prioridad. El problema se resolvió parcialmente, para las plantas de importancia económica, mediante la creación de la lista de los *Nomina Specifica Conservanda* y de los *Nomina Specifica Rejicienda*, con lo que se puede conservar un nombre muy usado aunque no sea el más antiguo, el cual a su vez puede ser rechazado, a pesar de que por el principio de prioridad debiera ser el que se usase. Una denominada Comisión de Nomenclatura, elegida en cada congreso internacional, se encarga de aceptar o rechazar las propuestas hechas por quienes estudian cada caso.

Pero a pesar de todos los esfuerzos, la nomenclatura sigue consumiendo casi el 30% del tiempo de los taxónomos de plantas (cf. HAWKSWORTH, 1992) y sigue generando confusión y críticas. Con el ánimo de paliar o resolver el problema se han presentado una serie de iniciativas, algunas originales pero poco viables —como por ejemplo la que pretendía sustituir los nombres latinos por un sistema numérico, artificial—, otras, más razonables y adaptadas a la práctica de la taxonomía y la realidad de los taxónomos, como la que propuso la creación de una lista de *Names in Current Use*, que acabaría ofreciendo a los profesionales una relación supuestamente completa de todos los nombres potencialmente utilizables para hacer las clasificaciones; con ello se eliminaría para siempre el problema que genera la aparición de un nombre olvidado. Pero como la tradición tiene un enorme peso en el colectivo de los botánicos, la iniciativa, que personalmente considero viable y práctica, fue rechazada en el último congreso internacional, celebrado en

San Luis (Missouri, Estados Unidos), en agosto de 2000, después de un amplísimo y duro debate que duró cuatro años y en parte persiste todavía.

Pero los problemas de la nomenclatura no se restringen, tristemente, a los que generan los nombres antiguos, más o menos olvidados. Otros llegan al corazón mismo del sistema de nomenclatura binómica. Al estar el nombre de un ser vivo compuesto por dos palabras: la primera corresponde al nombre del género y la segunda al restrictivo específico, cualquier cambio de una especie de un género a otro implica necesariamente un cambio de nombre (necesariamente hemos de cambiarle el genérico). Esta redistribución de las especies en los géneros es una consecuencia frecuente de los intentos de producir clasificaciones filogenéticas. Si la clasificación filogenética difiere de la tradicional al menos en lo que a delimitación genérica se refiere, las especies afectadas han de cambiar también de nombre. En esta línea se encuentran algunos filogenetistas, especialmente algunos cladistas, que pretenden cambiar la nomenclatura y clasificación de los seres vivos para crear una nueva clasificación filogenética: cada clado debe ser un taxon.

P. L. NIMIS (*Nature* 413: 21, 2001), con evidente sentido del humor, resumía así el problema: “Éranse una vez dos tribus que dominaban Bioutopía. La pequeña pero poderosa tribu de los Taxónomos Reales que ocupaban torres de marfil dispersas por las montañas y la enorme pero pobre tribu de los Usuarios de Nombres, que vivían en las ciénagas. Ambas adoraban los Nombres, pero con diferentes ritos. Los Usuarios de Nombres adoraban un enorme libro hecho de granito en el que millones de nombres habían sido esculpidos para la Eternidad. En ese libro se leía la frase *Nomina si nescis, perit et cognitio rerum* [Si no sabes los Nombres, el Conocimiento estará también muerto para ti]. La ocupación favorita de los crueles Taxónomos Reales era sacrificar unos pocos Nombres cada día por el método de cambiarlos, después de consultar a su Oráculo, Filogenia, que vivía en un bosque nuboso.

Un día, Filogenia comenzó a adorar un nuevo dios llamado ADN, y dijo ‘¿Por qué *Lichenia splendens* debe permanecer con *L. tristis* y esas otras 347 especies en el mismo género?’. El ADN habló y no le gusta que permanezcan ahí, han de cambiar. Ningún Usuario de Nombres protestó cuando *L. tristis* fue transferida de la familia *Licheniaceae* a las *Tristidaceae*, pero todos se enfadaron cuando los Taxónomos Reales decidieron que esas 348 especies deben ser llamadas *Thundertenthrockia*, porque el ADN ha hablado.

Los Usuarios de Nombres explicaron que no se puede adorar a un diccionario en el que el 10% de los nombres son borrados cada año y buscaron consejo en otro oráculo, llamado Lógica, que les aconsejó ‘libérense de los binómenes’. Cada especie en Bioutopía puede ser llamada por un epíteto simple, un número o un código de barras, el mejor alimento para los ordenadores. Seguramente los Usuarios de Nombres, tales como conservadores de colecciones y bases de datos, autores de libros y claves de clasificación, profesores, legisladores, etc., podrían estar contentos con algo así como X157YR22297, los Taxónomos Reales podrían estar concentrados en materias más importantes que rascar el granito para borrar Nombres y Filogenia podría tener libertad para cambiar lo que quisiera en lo que quisiera. El nombre seguiría siendo el mismo.”

La propuesta, similar a la que habían hecho LITTLE (1964) y HULL (1966), fue real pero, al igual que las precedentes, tuvo un eco nulo. Significaría dar código estable a cada especie con independencia de su relación filogenética, a esto llamaron numerclatura, por contraposición a la nomenclatura. Quizá esta solución no sea nunca adoptada, pero mientras tanto el problema persiste.

b) Taxonomía y filogenia

Modernamente se tiende a distinguir no taxonomía de clasificación, sino clasificación de filogenia: “... biological systematics should aim to produce two things side by side, a classification and a phylogeny, and not confuse the two” (R. K. BRUMMITT, 1997: 725-726); he ahí la clave del problema.

Desde que las ideas evolutivas se impusieron a finales del siglo XIX, todas las investigaciones en biología están orientadas con esa óptica. La evolución es un proceso de cambio de los seres vivos en el tiempo y la biología comparada nos permite dibujar este proceso. Observamos unas veces cambios graduales y otras escalones evolutivos (S. J. GOULD, 1977). Estos cambios y escalones pueden ser a su vez encerrados en las diferentes categorías y usualmente se emplean para definir táxones. Evolución es descendencia con modificación y esto es muy útil para la biología comparada ya que nos permite dibujar ambos procesos. KNOX (1998) analiza profundamente las características de los rangos taxonómicos como modelos organizativos en sistemática.

En este empeño han trabajado y trabajan muchas escuelas que fueron creando doctrina y, como hemos visto al referirnos al concepto de especie, dando definiciones diferentes para fijar los conceptos y métodos de análisis.

El trabajo de todas estas escuelas, especialmente ahora con la aplicación de las nuevas herramientas moleculares, ha permitido conocer ya mucho acerca del origen y diversificación de grandes grupos de organismos.

Tres son las escuelas taxonómicas más importantes que pretenden hacer clasificaciones basadas en la filogenia y la evolución. Se trata de: la escuela evolutiva, la escuela fenética y la escuela filogenético o cladista.

La **escuela evolutiva** –también llamada tradicional, filista o gradista–, la más extendida hoy sin duda, pretende hacer clasificaciones basándose en toda la información disponible –morfológica, citológica, biológica, molecular, etc.– valorada o sopesada por la experiencia del taxónomo, sin prestar atención a la monofilia de los táxones y concediendo importancia a la interfertilidad de las especies y poblaciones. Como resultado gráfico proponen un árbol filogenético (filograma).

La **escuela fenética** –también llamada numericista, feneticista o neo-adansoniana– pretendió simplemente eliminar el subjetivismo del taxónomo a la hora de dar o quitar importancia a los caracteres, por lo que a todos ellos le dan el mismo valor y buscan métodos objetivos –matemáticos, estadísticos– para analizarlos; no concede relevancia a la monofilia pero sí a la compatibilidad reproductiva. Como resultado de sus métodos matemáticos de análisis –generalmente clusters– proponen el llamado fenograma, que resume las relaciones entre los diferentes táxones. El peso de esta escuela en la taxonomía actual es ya muy escaso.

Pero quizá el mayor esfuerzo por dotar a la sistemática de una clasificación incuestionable haya sido hecho por los seguidores del entomólogo alemán Willi Hennig creador del análisis cladístico,

La **escuela cladista o filogenética** tal vez sea la más controvertida del momento y la que genera más conflictos con las taxonomía tradicional y la nomenclatura. Hennig expuso inicialmente los principios básicos en la obra *Grundzüge einer Theorie der phylogenetischen Systematik*, aparecida en 1950, pero sus ideas de hecho no se divulgaron hasta 1966, cuando se publicó *Phylogenetic Systematics*, que es la traducción que D. D. Davis & R. Zangerl

hicieron al inglés de otra obra del propio Hennig. Pretende esta escuela hacer una clasificación filogenética estricta, que era ya la gran aspiración de los fenetistas de mediados del siglo XX. Toma su nombre de la raíz griega clado (*kladós* ‘rama’), que aplican ellos al punto de arranque de uno –o varios– nuevos clados en el árbol genealógico. El fundamento teórico es que si toda especie es producto de la evolución, la clasificación que la incluye debe reproducir la secuencia filogenética que lo originó.

Tiene por tanto como principio básico que las relaciones que unen a unos organismos con otros y, como consecuencia, a unos clados con otros, son las genealógicas; cualquier otro tipo de relación depende a su vez de ésta. Afirma que cada clado debe tener un único ancestro –monofilismo– y debe incluir a todos los descendientes que surjan de él. En este sistema de clasificación deberían evitarse tanto los grupos polifiléticos, como los parafileticos, es decir aquellos que no incluyen todos los descendientes de un mismo antepasado. Estos principios se aplican con rigor variable según las diferentes escuelas de seguidores.

Los clados se detectan por las sinapomorfías, que son los caracteres que, adquiridos en un momento dado de su historia evolutiva, comparten y distinguen a todos los integrantes del clado. Los caracteres se analizan con métodos estadísticos, probabilísticos de máxima verosimilitud o de parsimonia. Los gráficos resultantes, cladogramas, representan las relaciones entre los clados o ramas, es decir marcan el punto de arranque o separación de cada nueva rama. Ese punto viene determinado por la adquisición de un carácter (sinapomorfía).

La cladística, al basarse en el principio de que todo clado se diferencia del que le precede por la adquisición o pérdida de un carácter, ofrece difícil encaje a la hibridación entre especies (tan frecuente en la naturaleza), con el subsiguiente trasvase de caracteres de un taxon a otro.

A diferencia de otras disciplinas, en las que los conceptos básicos no son ya discutidos, en taxonomía y sistemática todavía se debate sobre la aplicación en las clasificaciones de algunos como *monofilia*, *parafilelia*, *holofilia* y *polifilia*. Las escuelas evolutivas y cladísticas dan diferente significado al mismo término (MAYR & ASHLOCK, 1991), pero ni siquiera entre los cladistas hay uniformidad en su uso, a pesar de que son especialmente importantes en taxonomía y sistemática. Después de que Darwin publicara *El origen de las*

especies fue Haeckel el primero en usar el término monofilia para referirse a los descendientes de un mismo ancestro. Pero quien le dio una definición más detallada fue HENNIG (1950, 1966) y posiblemente ASHLOCK (1971) quien lo analizó más profundamente, lo que produjo, a su vez, una respuesta de NELSON (1971) y de COLLES (1972), lo que trajo de nuevo la réplica de ASHLOCK (1973), contestada de nuevo por NELSON (1972). FARRIS (1974), por su parte, ofrece definiciones alternativas que el propio ASHLOCK (1984) considera iguales que las suyas (1971, 19712), pero formuladas con otras palabras. Refiriéndose a la polémica HULL (1988) afirma que “la disputa continúa incansable en la actualidad”.

Quizá el punto más controvertido de la teoría cladística es la no aceptación del parafiletismo, asunto éste que ha motivado el nacimiento de infinidad de posturas entre los seguidores de la propia escuela. Desde Hennig (1966) muchos autores han aceptado y otros siguen aceptando la necesidad de rechazar los táxones parafiléticos de cualquier clasificación biológica (QUEIROZ, 1996; FREUDENSTEIN, 1998; WELZEN, 1999; HUMPHRIES, 1997; CANTINO, 2000). Todos ellos están proponiendo de hecho una taxonomía basada en clados y no en táxones, porque clados y táxones son antagónicos. Los clados no son mutuamente excluyentes, porque un organismo puede pertenecer a varios clados al mismo tiempo. Los táxones, por el contrario, sí son mutuamente excluyentes, una especie, por ejemplo, no puede nunca pertenecer a más de un género, o un género a más de una familia, etc.

El primero en criticar las consecuencias del cladismo en la taxonomía fue LEIGH VAN VALEN (*loc. cit.*), quien en su trabajo titulado “¿Por qué no soy cladista?”, dado a conocer hace más de veinticinco años, analiza profundamente la implicación de los táxones parafiléticos, defiende su significado filogenético y su papel en la clasificación. Esta clarificadora aportación, sin embargo, no aparece mencionada en ninguna de las contribuciones posteriores, a pesar de que hoy siguen siendo numerosas las posturas en ese sentido.

Para demostrar que el sistema linneano de clasificación es inevitablemente parafilético, BRUMMITT (1997) explica que si un género Y se ha formado a partir de una especie incluida en el género X, éste último es parafilético, porque no incluye todos sus descendientes, ya que el género Y es también descendiente del género X y no lo puede incluir. Según los cladistas ortodoxos esa clasificación debería ser cambiada hasta que se evite ese caso

de parafilia. Para resolver situaciones similares, en la literatura cladista se dan dos alternativas, que el género Y sea absorbido por el género X, o bien que el género X se divida en otros géneros. Con la primera solución, el género X se hace monofilético ciertamente al absorber al antiguo género Y, pero el X, a su vez, tuvo que haber sido originado a partir de una especie que estaba en otro género que automáticamente pasaría a ser, por tanto, parafilético. Si continuamos integrando géneros para evitar la parafilia llegaremos a una regresión infinita y absurda, todos perteneceríamos a un único género.

Si como alternativa aplicamos la segunda recomendación y subdividimos el género X en dos o más géneros, nos encontraremos siempre en una situación similar. Con independencia del número de nuevos géneros que se reconozcan, Y ha tenido que formarse a partir de una especie de uno de ellos que sería de nuevo automáticamente parafilético. Si queremos seguir reconociendo a Y dentro de X, aunque en otro rango, subgenérico por ejemplo, lo que estamos haciendo es creando la parafilia en el rango subgenérico, pero no evitándola.

En síntesis, el problema queda reducido a: si no aceptamos los táxones parafiléticos no podemos aceptar la clasificación linneana y si no aceptamos la clasificación linneana hemos de cambiar la nomenclatura, lo cual tendría consecuencias ahora inimaginables.

MAYR (1995), en un artículo en el que explica sus razones en contra del uso del cladismo, destaca la diferencia entre clasificar un organismo en un taxon (categoría de cualquier rango, especie, género, familia, etc.) o referirlo a un clado (no hay rangos, ni géneros, ni familias, solo clados) al que él propone se le llame “cladon”. Posteriormente, el propio autor (MAYR, 1997) propone también que al sistema resultante de la aplicación de los “cladon” se le llame “cladificación” para diferenciarlo bien claramente de la “clasificación” linneana. BRUMMITT (1997) también recomienda separar las dos escuelas y propone que la disciplina que aplica los conceptos y métodos tradicionales se le siga llamando “taxonomía” mientras que a la que sigue la escuela cladista se le llame “cladonomía” y por extensión la aplicación de nombres a los táxones debe llamarse “nomenclatura”, mientras que la misma tarea aplicada a los clados debería llamarse “cladoclatura”. Tratan de esta manera de separar claramente los trabajos de unos y otros.

En opinión de muchos autores, que nosotros compartimos, estos problemas se plantean como consecuencia de mezclar, o no diferenciar, dos actividades científicas diferentes, pero complementarias: proponer clasificaciones y proponer hipótesis filogenéticas.

ESTABROOK (1986) ofrece un criterio operativo para producir clasificaciones evolutivas (filogenéticas) teniendo en cuenta ambos factores, descendencia y modificación.

La clasificación biológica evolutiva o tradicional intenta razonablemente compaginar la estabilidad nomenclatural con la coherencia filogenética de los grupos. Por el contrario, la clasificación filogenética o cladista, en las tres décadas que lleva aplicándose, ha creado muchos problemas a las clasificaciones previas y, lo que es peor, a la nomenclatura. Esos problemas parecen ser solo el anuncio de los que han de llegar, porque con los datos moleculares incrementando cada vez más nuestro conocimiento de las diferentes líneas evolutivas, la parafilia aparecerá a todos los niveles en el mundo vivo, desde las subespecies a los subreinos. ¿Seremos capaces de arbitrar un acuerdo en un Congreso Internacional, que evite los cambios nomenclaturales, tan indeseables para quienes necesitan que una planta o animal tenga siempre el mismo nombre?

El grado máximo de divergencia entre la escuela tradicional y la escuela cladística aparece con el intento de la última de crear un código de nomenclatura filogenética, el PhyloCode o FiloCódigo (CANTINO & *al.*, 1997, 1999; CANTINO, 2000), que no trata de compaginar la nomenclatura linneana con la filogenia sino que pretende que de cada grupo o clado se haga la reconstrucción de su historia genealógica (LANGER, 2001: 1094).

Según explica CANTINO (2000), el FiloCódigo, que todavía no es más que un proyecto en fase de discusión, no pretende reemplazar los viejos nombres linneanos por otros nuevos, simplemente “gobierna la aplicación de los nombres en un sentido nuevo”. Los nombres que actualmente coincidan con un clado no cambiarían, porque un nombre tendrá una explícita relación con un clado, pero la relación con un rango o categoría taxonómica será opcional. Por ejemplo, *Lamiaceae* puede ser un nombre usado en el FiloCódigo, pero puede o no ser una familia, en contraposición con lo que ocurre con el ICBN (GREUTER & *al.*, 2000) que *Lamiaceae* es siempre un nombre de familia. El FiloCódigo no obliga a que todos los clados tengan nombre, “es más sencillo evitar dar

nombres a los clados que uno quiera, a pesar de que en el sistema linneano estamos obligados a hacerlo” (CANTINO, 2000: 87). El código filogenético pretende también que los nuevos nombres que se den sean registrados, aunque mediante un sistema completamente distinto del que fue rechazado en el congreso de Saint Louis para los nombres linneanos (ICBN 2000). La razón de esta norma es la misma que para el ICBN, facilitar el acceso a la bibliografía. Los cladistas argumentan que en su caso está más justificado porque es muy difícil acceder a las publicaciones en las que el nombre de un clado ha sido definido filogenéticamente. Los detalles de todo esto no son todavía muy conocidos porque el asunto está en fase de debate, lejos de un acuerdo final.

El punto caliente de todo el sistema es el de los nombres de las especies. En el sistema linneano las especies se designan con un nombre genérico y uno específico, pero en la clasificación filogenética solo se aceptan especies –como unidades fundamentales para organizar el conocimiento de la biodiversidad (BAUM, 1998)– y clados, pero no categorías. El género no existe para los filogenetistas y por ello buscan diferentes alternativas para nombrar especies y clados. Algunas de las propuestas suponían dejar los nombres específicos aparentemente iguales que en la nomenclatura linneana, por el método de poner un simple guión entre el genérico y el epíteto específico. Otros proponen dejar los nombres basados en el restrictivo específico pero, de un modo opcional, precedido con una orientación hacia el clado que le precede, aquel al que la especie pertenece; así se obtendrían un binomen formado por el “clade address” o “dirección del clado” y el específico correspondiente. La tendencia ahora, para la primera versión del FiloCódigo, es centrarse en los nombres de los clados y dejar el de las especies como está para tener más tiempo en la búsqueda de un cierto consenso (CANTINO, 2000: 89).

Sin embargo, poco a poco parece aflorar una reacción mayoritaria, incluso entre los cladistas, de no aceptar ningún nombre de especie que no se parezca al binomen propuesto en su día por Linneo.

Además de éstas, otra diferencia básica es que, para la nomenclatura filogenética, las definiciones taxonómicas solo se pueden aplicar en el marco de una hipótesis filogenética, y al cambiar ésta deberá cambiar también la nomenclatura de los clados; mientras que para los códigos de la nomenclatura biológica tradicional, la taxonomía y nomenclatura se pueden desarrollar con independencia de los parámetros de la clasificación que se usen.

Otra diferencia muy importante es la que surge de la obligación de que todos los táxones/clados sean monofiléticos y no tengan parafiletismo, a la que ya nos hemos referido anteriormente.

El proyecto del FiloCódigo ya fue contestado por numerosos autores. BENTON (2000) lo acusa de ser drástico en las formas y defiende que las clasificaciones deben ser útiles y prácticas para los “sistemáticos y usuarios”. FOREY (2001) critica la abolición de los rangos y advierte de los peligros que esto lleva consigo, especialmente para las propuestas taxonómicas. BRUMMITT (1999) propone que el nomenclatura filogenética sea nueva y completamente distinta de la linneana para evitar la confusión que previsiblemente se va a generar.

La controversia se centra en la estabilidad nomenclatural. Algunos autores como LANGER (2001) defienden la idea de que la taxonomía tradicional y la nomenclatura filogenética no difieren significativamente entre sí en sus definiciones taxonómicas. Los dos sistemas difieren en lo que afecta a los parámetros utilizados para su circunscripción taxonómica. La falta de consenso en la definición de esos parámetros es lo que provoca inestabilidad en el contenido de un taxon. La estabilidad nomenclatural es similar en los dos sistemas de nomenclatura, el linneano y el filogenético, porque en ambos casos la estabilidad depende del grado de acuerdo entre los diferentes autores acerca de los parámetros que definen un taxon. Esos parámetros cambian, por supuesto, mucho más dinámicamente en la taxonomía filogenética que en la taxonomía tradicional y como consecuencia la estabilidad en la circunscripción del taxon, nomenclatural en definitiva, es también menor.

Nosotros, sin ánimo de enterrar una nueva disciplina, defendemos la absoluta necesidad de dar estabilidad a los nombres de los seres vivos, para no traspasar a otras disciplinas, usuarias de los nombres que creamos, nuestras dificultades para crear una clasificación estable. Hemos de distinguir una vez más entre describir y nombrar especies y hacer clasificaciones que expliquen sus orígenes o historia genealógica.

c) Taxonomía y biología molecular

La taxonomía, que había caído en una fase de estancamiento, puede verse ahora, al igual que otras disciplinas de la ciencia, ante un ilusionante reto derivado de la aplicación de las nuevas tecnologías, especialmente la *biología molecular* y la *informática*.

A estas alturas del segundo milenio, cuando los estudios sobre el ADN son ya generalizados, nadie duda de la importancia de esta nueva herramienta. La información extraída de los estudios del ADN de las plantas o animales resulta decisiva para conocer los parentescos de las especies, lo que como hemos visto, abrió nuevas puertas a los estudios sobre filogenia, porque unos pocos cientos de pares de bases pueden dar infinidad de combinaciones potenciales. Pero ahora algunos autores empiezan ya a proponer una taxonomía basada en las secuencias de ADN propias para cada especie. Incluso algunos proponen que la secuenciación de ADN sea un requisito obligado para la definición y determinación de especies (HEBERT & *al.*, 2003); e incluso que una muestra de ADN y su secuenciación sean parte obligada de la especie tipo o tipo nomenclatural (TAUTZ & *al.*, 2003). El ADN podría ser algo así como un código de barras asociado a la especie a la que pertenece (HEBERT & *al.*, *l.c.*, y TAUTZ & *al.*, *l.c.*).

En principio una secuencia simple de ADN no tiene porqué ser diferente de un nombre exclusivo para cada taxon (MALLET & WILLMOTT, 2003). Pero la taxonomía basada en las secuencias de ADN sufrirá también los cambios nomenclaturales que sufre la taxonomía tradicional porque la circunscripción o delimitación de un taxon dependerá siempre de la opinión de los especialistas y no se prevé que a partir de ahora éstas vayan a ser unánimes. Aunque sabemos ya que el ADN, entre otras cosas, ayudará de un modo sobresaliente, sin duda, a la determinación de las especies bien establecidas y que, en el campo de la microbiología, se emplean los métodos moleculares ya de un modo rutinario para delimitar especies (CLARIDGE & *al.*, 1997), no creemos que la taxonomía basada en el ADN vaya a proporcionar la estabilidad que se necesita o vaya a evitar las controversias acerca de las delimitación taxonómica en grupos complejos. Una de las razones es que en cada caso tenemos que seleccionar según nuestra voluntad la secuencia que se usa y se sabe que cualquier gen concreto puede carecer de información en el caso de especies afines (TAUTZ & *al.*, 2003). Se conocen, de hecho, muchas especies próximas que tienen una secuencia de ADN idéntica o casi idéntica (KLIMAN & *al.*, 2000; BELTRÁN & *al.*, 2000; MACHADO & *al.*, 2002). Parece ser que para distinguir especies afines necesitaremos siempre numerosas regiones del genoma (TAUTZ & *al.*, *l.c.*; MALLET, 2001).

Este sistema de determinación y clasificación le parece a LIPSOMB & *al.* (2003) que en el mejor de los casos es una caricatura de la taxonomía real, porque en él las secuencias que divergen menos de un 5% son consideradas coespecíficas y sabemos que el hombre y el chimpancé son mucho menos divergentes que eso. SEBERG & *al.* (2003) llegan a decir que la introducción obligatoria del uso de secuencias de ADN en la taxonomía les parece un paso retrógrado porque, opinan, la morfología puede servir igual y su estudio es más sencillo. “Unir los nombres linneanos actualmente existentes con las secuencias de ADN no está exenta de riesgos” (SEBERG & *al.*, *l.c.*). Ante quienes defienden la creación de un banco de secuencias de ADN como referencia estándar para determinar especies, nosotros afirmamos tajantemente que las colecciones científicas siguen siendo vitales y vienen desempeñando esa labor de referencia desde hace siglos.

La secuencia de ADN serviría por si sola para evitar la confusión si la secuencia del gen usado fuera constante u homogénea en todos los individuos de una especie, pero diferente en todos los de las demás especies, pero lamentablemente distamos mucho de tener la certeza de que todos los genes mantengan esa cualidad.

Si tenemos en cuenta que actualmente conocemos solo una pequeña parte de los organismos vivos (WILLSON, 2003; GOVAERTS, 2001; HEYWOOD, 1984) –quizá no más del 10%– y que con toda probabilidad muchos de esos organismos –10-25%– desaparecerán antes de que los podamos estudiar, se comprende que la tarea de descripción de lo todavía desconocido es urgente y resulta impensable utilizar de un modo obligatorio el ADN para concluirla, porque si lo hiciéramos provocaríamos una brutal desaceleración del proceso y dejaríamos fuera del sistema a infinidad de taxónomos expertos que no cuentan con esos medios. MALLET & WILLMOTT (2003) dudan de que la taxonomía molecular pueda nunca llegar a ser de uso obligado para la descripción de organismos.

Ante la sugerencia de que debería desarrollarse un programa que abordase el estudio molecular de todos los organismos para solventar el llamado “impedimento taxonómico” –falta de clasificaciones adecuadas y herramientas de identificación– LISCOMB & *al.* (2003) opinan que “programas como US-NSF’s PEET [Partnerships for enhancing Expertise in Taxonomy (2003): <http://www.nsf.gov/ods/getpub.cfm?nsf00140>], que aportan fondos para for-

mar y entrenar una nueva generación de sistemáticos, representan soluciones mucho más efectivas” porque lo otro sería olvidarnos de todo lo que hasta hoy hemos aprendido acerca de la diversidad de los organismos.

4. TAXONOMÍA, BIODIVERSIDAD E INFORMÁTICA

En las últimas tres décadas se han producido en nuestra sociedad dos novedades que afectaron de un modo decisivo también a la taxonomía: el uso generalizado de los ordenadores —especialmente los ordenadores personales— y la aparición de internet como método de comunicación libre, inmediata y barata a escala mundial.

Ambas circunstancias vinieron a coincidir en el tiempo con una situación muy previsible, que había llevado al mundo de la taxonomía próximo al colapso. La información acumulada después de más de dos siglos de tarea descriptiva llegó a ser de tal magnitud que su manejo se hacía ya especialmente complejo para los expertos, e imposible para quienes se aproximaban a ella solo por necesidad colateral.

Paralelamente se incrementaba de un modo creciente la demanda de esa información taxonómica, en especial la relativa a las listas de flora y fauna. Parece como que desde que Edward O. Wilson, en los años ochenta del pasado siglo, para referirse a la diversidad taxonómica y funcional de los organismos vivos propusiera el término “biodiversidad”, surgiera un interés creciente por las relaciones de flora y fauna. El susodicho término pasó de hecho a ser de uso corriente en los informes técnicos, en incluso en los discursos de los políticos a cualquier nivel. La biodiversidad pasó a ser ingrediente obligado —más bien como mera formalidad, diríamos—, en todos los informes y estudios relacionados con un territorio. Pero este tipo de información, relativa siempre a nombres de especies, era en aquellos tiempos, y en gran parte sigue siéndolo, patrimonio casi exclusivo de los microbiólogos, botánicos o zólogos profesionales.

La información de tipo geográfico, ecológico, citológico, genético, utilitario, etc., relativa tanto a plantas como animales está también siempre asociada a un nombre de una especie, porque para estos fines la especie es la OTU, o *Unidad Taxonómica Operativa* (DUNN & EVERITT, 1982). Pero la especie puede, a su vez, aparecer bajo el nombre que consideramos correcto, de acuerdo con nuestra clasificación, o bajo cualquiera de sus múltiples sinóni-

mos. Para que nos hagamos una idea de lo que esto significa, diré que se calcula que en la bibliografía biológica hay aproximadamente diez millones de nombres publicados (PATTERSON, 2003: 661) para un número real de especies que varía entre 1,5 y 1,8 millones (WILSON, 2003), cifra que no se podrá fijar hasta que los estudios taxonómicos no avancen. En el más optimista de los escenarios, si hoy conociéramos 1,7 millones y en el mundo solo hubiera 3,6 todavía nos faltan por descubrir, bautizar y describir 1,9 millones, es decir más que todo lo que hemos descubierto, descrito y bautizado en los últimos dos siglos y medio, plazo transcurrido desde que Linneo creó el sistema de clasificación que hoy seguimos. Si la cifra real superara, como parece muy probable, los 50 millones de organismos, resulta muy difícil imaginarse siquiera lo que significaría almacenar y acceder a toda esa información.

Como el conocimiento es acumulativo y la cantidad de información que se guarda en páginas impresas se incrementa de un modo exponencial, tampoco nos resulta difícil imaginar el grado de desesperación de cualquier usuario (agronomo, forestal, ecólogo, etc.) buscando datos relativos a una especie concreta de entre los 1,5 millones posibles, entre un maraña de diez millones de nombres científicos dispersos por infinidad de artículos o libros. Y después de haberla buscado, ¿cuál será su grado de inseguridad por el resultado de la búsqueda?

Solamente con una herramienta de la potencia de los buscadores electrónicos de las bases de datos podemos plantearnos la automatización de esas búsquedas. De los detalles técnicos e iniciativas desarrolladas hasta ahora con ese objetivo global nos ocuparemos más adelante, ahora quisiera dedicar unas líneas a la fase previa, al conocimiento del taxónomo experto que hace falta detrás del proyecto, para que éste pueda siquiera ser planteado. Resulta relativamente sencillo mover bases de datos, pero ya no es tan sencillo crearlas y mantenerlas bien estructuradas, limpias y actualizadas.

Podremos, con relativa facilidad, aunque a un precio elevado, crear una base de datos sacada de la bibliografía en la que cada registro esté encabezado por un nombre científico, digamos A, que correspondería a una especie concreta. Así, siempre que necesitemos información sobre esa especie haremos una búsqueda utilizando A. Pero a esa misma especie pudo haberse referido otro autor diferente aplicándole el nombre B, que en su momento pensó era el adecuado, y con esa denominación B entrarían también otros

registros en la base de datos. Lo mismo podría ocurrir con un tercer nombre C que también encabezaría otra serie de registros. Si no indicamos que los tres nombres corresponden a la misma especie, a la hora de hacer una búsqueda bajo A, no llegaríamos nunca a la información que está almacenada bajo los nombres B y C.

Incluso en un caso tan sencillo como el expuesto resulta imprescindible saber que A, B y C son sinónimos y que la información que se pide de esa especie ha de ser buscada simultáneamente bajo A, B y C. El ordenador ha de tener un tesoro, “Lista Jerarquizada”, o *Synonymic Checklist*, de nombres científicos que oriente las búsquedas hacia todos los sinónimos de una especie que pueden almacenar información, con independencia del nombre que hayamos tecleado a la hora de solicitarla. El conocimiento necesario para producir esa lista jerarquizada, imprescindible insisto para manejar información asociada a especies, solo puede ser aportado por el taxónomo experto en el grupo al que pertenezca la especie en cuestión.

Pero con cierta frecuencia nos encontramos con otra fuente de error todavía más difícil de detectar. Ocurre que un autor publica información —citológica, genética, morfológica, corológica, etc.— relativa a una especie, a la que llama X. Pero ese autor puede equivocarse, y el material por él utilizado no pertenecer a X sino a otra especie parecida o afín cuyo nombre correcto sería Y. Si usamos esa información de un modo acrítico estaremos considerando que X tiene características que no le corresponden a ella, sino a Y. El modo tradicional de resolver este conflicto es consultando la muestra testigo que se recomienda depositar en una colección científica. Pero el uso generalizado de las bases de datos no permite una depuración tan profunda de la información, por ello, con el ánimo de atajar el problema, en el manejo de información de las bases de datos, BEACH & *al.* (1993) vinieron a decir que lo importante no es usar el nombre en sentido del tipo, sino de una obra de referencia, por ejemplo *Genista sanabrensis* Valdés-Berm. & *al.* debería ser mencionada como *Genista sanabrensis sensu Fl. iber. (Talavera...)*. W. BEREDSOHN (1995) propuso el concepto de “táxones potenciales” o *potential taxa*. Que no es más que referir siempre la información que se use en una base de datos a la fuente documental utilizada para extraerla. Propone que en el registro de la base de datos, el nombre de la especie en cuestión vaya seguido de la abreviatura “**sec.**” [*secundum* ‘según, de acuerdo con’] y la refe-

rencia bibliográfica de la susodicha fuente. Poco después, ZHON & *al.* (1996) volvieron a insistir sobre el problema.

Según explica BISBY (2000: 2311), la *International Legume Database Information System* (ILDIS) había tratado de crear un “cross-map” basado en la circunscripción específica dada a las 2254 especies de leguminosas reconocidas en la antigua Unión Soviética y las 1200 que consideran existen en la web de leguminosas de ILDIS. El CD-ROM *Legumes of North Eurasia* quizá sea de hecho el primer trabajo taxonómico que ofrezca en la pantalla tratamientos taxonómicos alternativos. Pero la mala noticia asociada es que el esfuerzo para esa “pequeña” labor fue muy elevado.

La *UK Bioinformatics Initiative* está financiando investigación con dos enfoques diferentes: en el primero, PULLAN & *al.* (2000) han modelado la taxonomía considerando a cada taxon como si fuera un conjunto de ejemplares examinado e incluido, en cierto modo, en el sentido de las citaciones de material que se hacen en las floras. Esto les permite conectar diferentes juegos de ejemplares con alternativas taxonómicas y elaborar así un *cross-map* entre ellos. La solución parece muy práctica para el manejo de colecciones, pero al mismo tiempo viene a iluminar la enorme tarea, quizá inabordable, de documentar el *cross-map* con todos los conflictos taxonómicos creados por los diferentes autores.

El segundo enfoque, el del consorcio *Logic-based integration of Taxonomic Conflicts in Heterogeneous Information System* (LITCHI; <http://litchi.biol.Soton.ac.uk>), que aplica el *rule-based system* para entresacar la mayor cantidad posible de inteligencia taxonómica del examen automático de los táxones, sinónimos y anotaciones en una *checklist* sinónímica y la comparación con un segundo tratamiento. Este método está basado en la idea de que las *disturbances* en asociación con los nombres aceptados, sinónimos y sinónimos pro parte pueden demostrar las especies que son diferentes con certeza y cuáles pueden ser de delimitación idéntica pero con diferente nombre como las que han cambiado de género) o cuáles idénticas (JONES, 2000). El actual software de LITCHI usa el *rule-based system conflict detection* para buscar disparidades entre los diferentes tratamientos taxonómicos. Un estándar ulterior implicará el uso de procesos “inteligentes” en taxonomía. Supuestamente, el más valioso de ellos permitirá enlazar las especies taxonómicamente inteligentes en la web, lo cual a su vez permitirá enlaces de un

sistema a otro para localizar la especie buscada con independencia del nombre bajo el que se encuentre.

Con estos sistemas estamos creando, en opinión de BISBY (2000: 2312), el “mago invisible” necesario para localizar y extraer datos, precisamente del organismo correcto, de la mesa de trabajo en sistemas de biodiversidad en internet.

Ante el mismo problema, BERENDSOHN (*loc. cit.*) distingue entre bases de datos basadas en especímenes (ejemplares) y basadas en táxones.

Bases de datos basadas en especímenes. Si los naturalistas basan todo su estudio en los ejemplares (especímenes) disponibles, opina WHITE (1994), quizá las bases de datos debieran estar basadas también en esos datos, más que en los conceptos derivados de ellos. Otro argumento a favor de usar este tipo de bases de datos es que la información que se almacena en las colecciones se basa en el mismo sistema, es decir en ejemplares más que táxones. Los datos que figuran en una etiqueta de herbario, o muestras de análisis químicos debidamente documentados (BERENDSOHN, 1995), están asociados a un ejemplar concreto. En cualquier caso este tipo de bases de datos nos parece más un sistema erudito planteado para profesionales que un sistema práctico y eficaz para los no taxónomos. En definitiva, todos los especímenes deben ir asociados a un nombre y aplicar este puede ser muy complejo, excepto para ciertos grupos concretos.

Bases de datos basadas en táxones o nombres. Es el caso de la mayoría de las bases de datos que almacenan información sobre biodiversidad y son las que los no expertos usan habitualmente. De un modo creciente es el lugar al que acuden los no taxónomos, antes que a los libros, para comparar su propia información (BERENDSOHN, *loc. cit.*). Pero estas bases de datos tienen los problemas que hemos expuesto al principio derivados del uso de sinónimos y de aplicaciones erróneas de nombres. Esos problemas se agravan si se practica algo que empieza a hacerse con cierta frecuencia: copiar información de una base de datos a otra de un modo acrítico. Dada la cantidad también creciente de bases de datos ofrecidas en línea se viene haciendo habitual el copiar directamente la información de una para otra, con lo que se habrán importado a la última los errores presentes en la primera.

Si a todo ello le añadimos los problemas derivados a la aplicación que diferentes autores pueden hacer de un mismo nombre –usarlo para más de

un taxon—, se hace necesario buscar un sistema que refiera el nombre a la clasificación que el autor usó al aplicarlo. La solución propuesta por BERENDSOHN es, como hemos dicho (*loc. cit.*), el uso del taxon potencial. Un sistema de bases de datos aplicando el concepto de táxones potenciales estaría en condiciones de tratar un ilimitado número de diferentes conceptos relacionados con un nombre específico. En un sistema de bases de datos relacionadas, esta solución no plantea ningún problema, ya que la tabla del taxon potencial debe tener tres niveles: el primero que relaciona cada taxon con un nombre; el segundo que relaciona cada taxon con una circunscripción (descripción) aclarando si el nombre potencial es igual a la descripción, si es diferente o si solo es parcialmente igual; y el tercero que lo relaciona con otro taxon potencial (BERENDSOHN, 1995: 210). De esta manera podrían resolverse los problemas derivados de la superposición de nombres en bases de datos importados y los de las jerarquías taxonómicas alternativas. Pero el problema epistemológico relacionado con los táxones potenciales es que estos siguen siendo implícitos y subjetivos, por contraposición a lo que propone *Prometheus*.

En nuestra opinión aportar correctamente la información requerida por los táxones potenciales resulta extremadamente complejo y su interpretación tampoco está al alcance de todos. Es, en la práctica, solo planteable para los taxónomos profesionales, especialistas en cada grupo.

En resumen, podríamos decir que, a causa de la sinonimia y de las aplicaciones erróneas de los nombres, tan frecuente en biología, una base de datos sobre biodiversidad hecha mediante el simple vaciado bibliográfico o la copia de otra base de datos elaborada con lo mismos criterios resulta siempre parcial y, a la larga, poco útil. Defiendo claramente la idea de elaborar bases de datos depuradas en las que aquellos registros que puedan ofrecer información dudosa se eliminen o se señalen adecuadamente para advertir al usuario de su problema.

Pero dejando de lado estos problemas, que ciertamente se pueden resolver aunque basándonos siempre en el conocimiento experto, me interesa ahora plantear lo que creo será el escenario del futuro inmediato en lo que a distribución de información sobre biodiversidad se refiere. Habíamos dicho anteriormente que a pesar de que todavía conocemos poco sobre los organismos vivos del planeta, la cantidad de información acumulada hace muy difí-

cil acceder a ella con la seguridad de que llegamos a toda la que existe y de que podemos seleccionar la que es fiable.

Con el ánimo de facilitar esta tarea se están poniendo en práctica diversos proyectos a escala mundial. Me referiré a los que considero más importantes y con más posibilidades de futuro, uno basado en táxones y el otro en colecciones. Describiré además, un proyecto español que se plantea los mismos objetivos referidos a la flora, pero a escala nacional.

a) Información sobre biodiversidad

La bioinformática se desarrolló y ganó prestigio a partir de 1990 como disciplina que crea las herramientas y técnicas para almacenar, manejar y comunicar la siempre creciente cantidad de datos biológicos conocidos principalmente como consecuencias de las investigaciones genómicas. La bioinformática y la biodiversidad parecen haberse hecho la una para la otra. Incluso antes de que se pensase siquiera en la secuenciación de genes, el almacenamiento y recuperación de datos fueron la pesadilla de la investigación sistemática (SUGDEN & PENNISI, 2000: 2305). Los datos se almacenaban en ficheros y la información taxonómica en colecciones y monografías impresas en papel. La bioinformática ahora permite manejar conjuntamente toda esa información y comunicar directamente a quienes necesitan estudiarla o manejarla.

Los dos programas a los que me refería anteriormente para dar información sobre especies y sobre colecciones (especímenes) a escala mundial son, respectivamente, *Species 2000* y *Global Biodiversity Information Facilities*.

Species 2000 (www.sp2000.org)

Aunque con anterioridad los gobiernos mejicano y australiano pusieron en marcha iniciativas importantes y pioneras para dar información sobre biodiversidad mediante la *Comisión Nacional sobre la Biodiversidad* (CONABIO) y el *Environmental Resource Information Network* (ERIN), respectivamente, el primer intento serio a escala mundial es el que tiene por nombre Species 2000. Está promovido desde la Universidad de Reading (Reino Unido), bajo los auspicios del *Clearing House Mechanism* del Convenio sobre la Diversidad Biológica (CDB) del Programa de Naciones Unidas sobre Medio Ambiente

(PNUMA) y cuenta con el apoyo de la *International Union of Biological Sciences* (IUBS), el *International Council of Sciences* (ICS), el *Committee on Data for Science and Technology* (CODATA) y la *International Union of Microbiological Societies* (IUMS). Son socios del proyecto el *Register of Marines Organisms* (URMO; www2.eti.uva.nl/database/urmo/default.html), el *Integrated Taxonomic Information System* (ITIS; www.itis.usda.gov) y la *Global Plant Checklist* de la *International Organisation for Plant Information* (IOPi; <http://bgbm3.bgbm.fu-berlin.de/iopi/gpc>).

Su promotor, Frank A. BISBY (2000: 2309), lo describe como un programa global para recopilar el ‘catálogo de la vida’ usando puntos de trabajo distribuidos a lo largo y ancho de internet. Su objetivo más ambicioso es crear un índice, uniforme y validado, de todas las especies de mundo conocidas, que pueda ser usado como herramienta práctica tanto en inventarios como en gestión de la biodiversidad, en cualquier lugar del mundo. El susodicho índice deberá aportar: *a*) una relación de especies para utilizar en los listados locales de flora y fauna; *b*) un índice de todas las bases de datos electrónicas de especies en el mundo entero; *c*) un sistema de referencia para comparación entre inventarios, y *d*) un catálogo completo mundial para comprobar el estatus, la clasificación y el nombre de todas las especies.

Como se estima que hasta ahora se conocen 1,7 millones de especies de organismos diferentes, los organizadores calculan que se necesitarán, al menos, 150 bases de datos diferentes, que contengan de 10.000 a 25.000 especies cada una. Actualmente han empezado a trabajar ya con bases de datos de virus, bacterias, archaea, corales, algas (rojas, verdes y pardas), cefalópodos, crustáceos, escarabeidos, escarabajos, polillas geométridas y tineidas, gorgojos, peces, aves, mamíferos, algunos grupos de hongos, musgos y angiospermas (que incluyen fagales, leguminosas y umbelíferas). El sistema prevé que una vez localizada una especie se ofrezcan enlaces con otras fuentes de documentación, que permitan el acceso a información más depurada en los campos conservacionista, germoplasma, moleculares, ecológico, etc., en diferentes países (ver fig. 2). Actualmente, desde Especies 2000, a modo de prototipo, se pueden usar ya los enlaces a ILDIS (*International Legume Database Information System*; www.ildis.org), *FishBase* (www.fishbase.org) y BIOS (*Bacteriology Insight Orientation System*; www-sp2000ao.nies.go.jp/bios/index.html).

Pero quizá lo más destacable es el papel central jugado por la taxonomía en todo el sistema. Los nombre científicos latinos y la relación de sinónimos permiten un manejo de las especies sin perder información de las disciplinas asociadas, como la genómica, etnobiología, productos naturales, etc. Por supuesto que los usuarios del sistema no estarán interesados en absoluto en la taxonomía, se supone que ellos simplemente quieren buscar la información correcta para la especie adecuada. El punto central del sistema es la relación estructural entre nombre y táxones (una especie, por ejemplo, puede tener más de un nombre). La naturaleza misma de la taxonomía y la clasificación hace que los nombres cambien con cierta frecuencia, lo que molesta enormemente a los gestores de las bases de datos.

Species 2000 resuelve hasta un cierto nivel el problema mediante una indexación taxonómica, que nosotros llamamos *relación jerarquizada*, de los

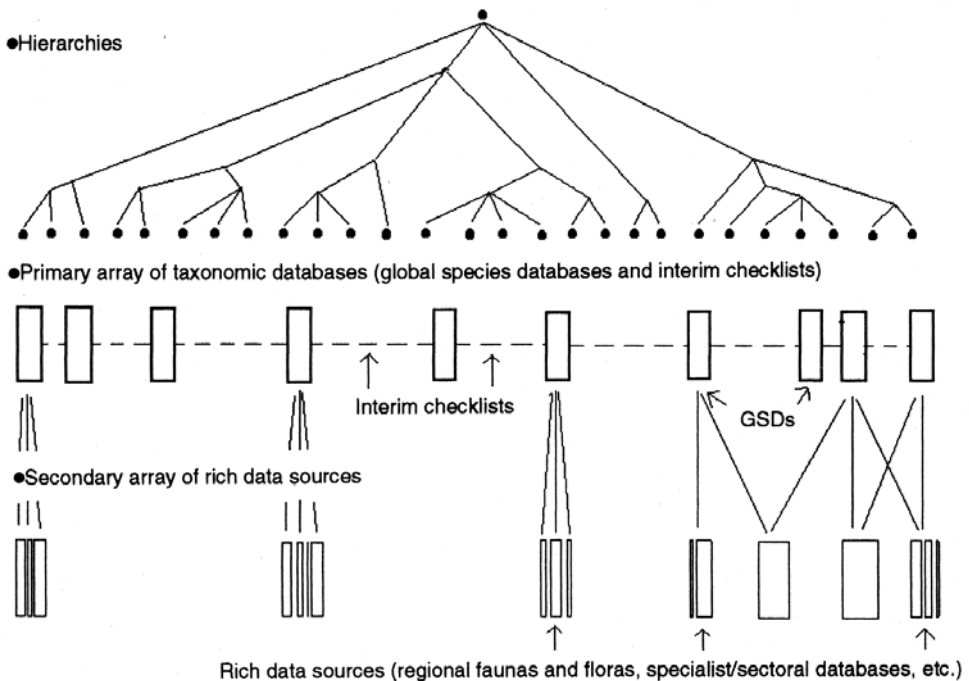


Fig. 1.—Esquema de Species 2000 para crear el “Catálogo de la vida” a partir de una serie de bases de datos globales de especies que proporcionan, mediante enlaces, otras fuentes de datos. (BISBY 2000: 2310).

nombres. Esta es fácil de obtener de una flora, una fauna o de una monografía. Pero como hemos explicado al iniciar el capítulo, este no es el caso en la inmensa mayoría se los nombres.

Este sistema de ofrecer información se basa fundamentalmente en los táxones (las especies), mientras que el siguiente que ahora resumidamente explicamos se basa sobre todos en los ejemplares de las colecciones (los especímenes).

Global Biodiversity Information Facility (GBIF) (www.gbif.org)

Es un mecanismo de coordinación para hacer interoperativas las bases de datos sobre biodiversidad que hay en el mundo (EDWARDS, 2000). El programa, inicialmente puesto en práctica bajo los auspicios de la *Nacional Science Foundation* de Estados Unidos y luego consolidado por convenio internacional firmado ya por 37 países (solo 23 contribuyen con una cuota anual), se basa en la creación de nodos nacionales que a su vez se coordinarán para crear una red mundial. Las bases de datos contendrán inicialmente la información guardada en las etiquetas de las colecciones. Su propiedad y gestión corresponde a la institución que conserva la colección y que ofrece los testimonios para verificar la identidad. GBIF únicamente facilitará los mecanismos para la afiliación y coordinación efectivas de las mismas.

Para la puesta en marcha de este programa se ha tenido en cuenta que la biodiversidad está distribuida por todo el Planeta, aunque mucho más concentrada en las zonas tropicales —especialmente en los países en desarrollo— y en los océanos. En contraste, la información científica sobre biodiversidad está concentrada en los grandes centros —colecciones, cultivos de microorganismos, etc.— de los países desarrollados. A título de ejemplo, EDWARDS & *al.* (2000: 2312) explican que si uno busca una planta de cualquier país africano, lo más probable es que la encuentre en un herbario europeo. Se calcula que el número total de muestras (especímenes) de especies de cualquier tipo es actualmente en el mundo del orden de 3.000 millones (LANE, 1999). Cada ejemplar que se guarda en una colección lleva asociada casi siempre información acerca del nombre científico, localidad y fecha de recolección y nombre del colector; pero con menor frecuencia son también fuentes de documentación sobre citología (número de cromosomas, etc.), datos quími-

cos, ambientales, fotografías, usos populares, nombres comunes, etc. Al tiempo que de muestras tomadas del ejemplar se encuentran también tejidos congelados, datos de ADN, información histológica, etc.

En síntesis, la información que se guarda en las colecciones es muy diversa y muy amplia. Si un usuario buscara los datos relativos a una especie, tendría que visitar físicamente esas colecciones, leer las etiquetas, extraerlas, etc. Pero a día de hoy, cuando una prioridad en el mundo es la conservación y uso sostenible de la biodiversidad, esa información se hace imprescindible para quienes tienen que diseñar las políticas y tomar decisiones en este terreno. Por ello este proyecto debe ayudar a la búsqueda de información sobre biodiversidad para hacerla accesible a quien la necesite, a escala mundial, a través de internet.

Pero para conseguir este objetivo nos encontramos actualmente con problemas de todo tipo. En primer lugar, la mayoría de las bases de datos sobre biodiversidad son incompatibles entre sí, lo cual impide un primer

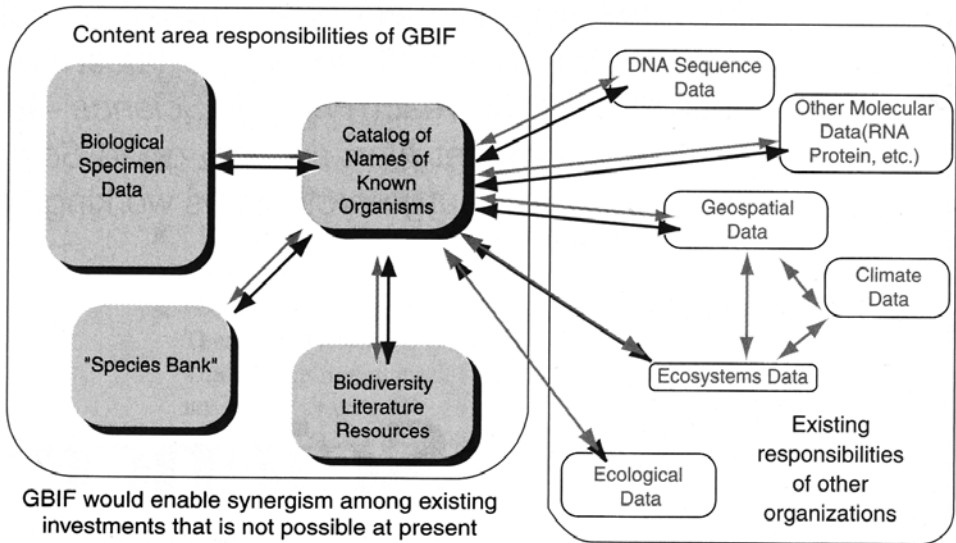


Fig. 2.—El “Catálogo de los nombres de los organismos conocidos” tendrá enlaces de todo tipo con todas las bases de datos disponibles, biológicas y no biológicas. Esos enlaces permitirán combinar los datos de una manera inimaginable hoy, porque, actualmente es difícil, si no imposible, descubrir correlaciones entre datos de diferente tipo (EDWARDS 2000: 2313).

objetivo que sería enlazarlas para acceder a la información que todas y cada una de ellas almacena.

Como no es posible plantearse una simple y enorme base de datos a escala mundial, se ha considerado adecuado caminar hacia una base de datos virtual “on line” utilizando la tecnologías de internet actuales tales como XML. Como modelo o referencia para esta iniciativa mencionaremos la REMIB que desarrolló la CONABIO (www.conabio.gob.mx) (véase la descripción hecha de ésta) o *Species Analysts* (<http://habanero.nhm.ukans.edu>), que partiendo de soluciones diferentes, ambas, actualmente, están migrando hacia XML. Con estos métodos, a través de *Species Analysts* se puede actualmente buscar entre 10 millones muestras (especímenes) de colecciones de historia natural, ubicadas en 13 instituciones en el mundo, extraer de ellas, en tiempo real, la información requerida, ofrecerla toda junta, hacer análisis más complejos tales como mapas de distribución, modelos predictivos, etc. REMIB, por su parte, enlaza también una red similar en tamaños y prestaciones.

Integration by Name Service (ECAT)

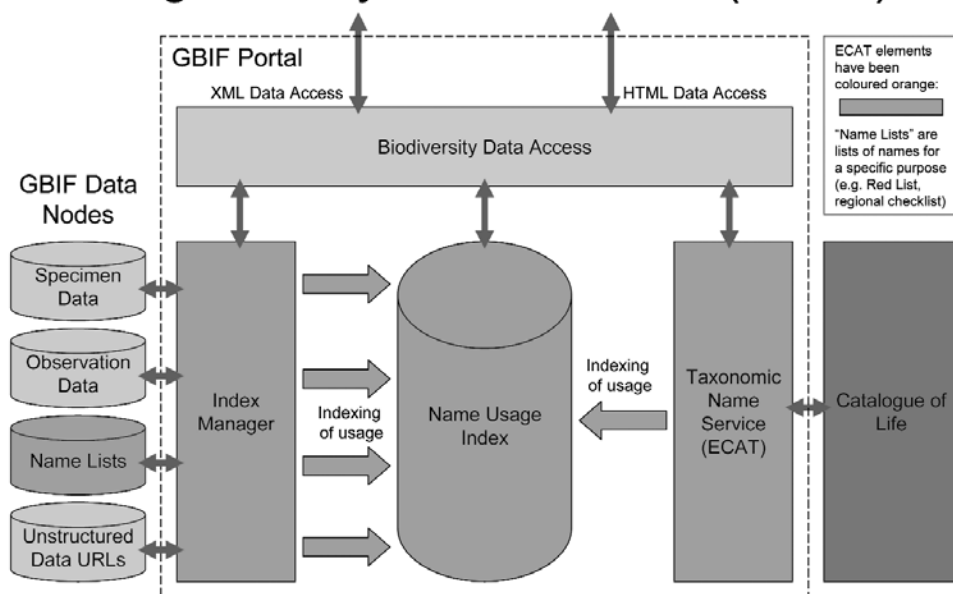


Fig. 3.—Esquema que representa el modo de integrar la información a través del Name Service (ECAT) [Servicio de Nombres del Catálogo Electrónico] [GBIF Biodiversity Architecture (Version 0.7 – Draft)].

Como punto central del GBIF, se creará un catálogo de los nombres científicos de todas las especies del mundo (véase fig. 2). Para atajar el problema de la sinonimia, de los nombres mal aplicados y de los cambios de clasificación, en el GBIF se proponen coordinar las más importantes iniciativas mundiales que pretenden dar una solución. Nos referimos a: Species 2000 (www.sp2000.org), *International Plant Name Index* (www.ipni.org) y *Integrated Taxonomic Information System* (www.itis.usda.gov). Como propósito nos parece adecuado, pero cada uno de esos proyectos ha optado por caminos diferentes para resolver el problema y no parece nada fácil su coordinación.

Desde el principio, GBIF declara su incapacidad para cumplir todos los objetivos por si solo, por lo que está uniendo esfuerzos con iniciativas paralelas a todos los niveles. A escala nacional por ejemplo la ya citada mejicana CONABIO (www.conabio.gob.mx), el costarricense INBio (*Instituto de Biodiversidad*; www.inbio.ac.cr) y ABIF (*Australian Biodiversity Information Facility*; www.anbg.gov.au/abrs/abif.htm). A escala mundial colabora con el ya citado *Clearing House Mechanism* del Convenio de Diversidad Biológica de la ONU (www.biodiv.org/chm) y el programa científico dedicado a la biodiversidad, DIVERSITAS (www.icsu.org/DIVERSITAS) que está patrocinado por la UNESCO.

Anthos (www.programanthos.org)

Al amparo de un convenio entre las Fundación Biodiversidad y el Consejo Superior de Investigaciones Científicas, el grupo responsable del proyecto *Flora iberica* (www.floraiberica.org) puso en marcha el proyecto *ANTHOS. Sistema de información sobre las plantas de España* (www.programanthos.org), destinado a ofrecer en internet, libre y gratuitamente, información sobre las plantas vasculares de la España peninsular y las islas Baleares y Canarias.

Una parte de la información que se ofrece había sido recopilada previamente en el marco del proyecto *Flora iberica*. A partir de 1999, *Anthos* aportó fondos para depurarla, enriquecerla y elaborar la aplicación informática para internet.

El llamado "inpedimento taxonómico", o sea, el conjunto de problemas que genera el manejo de nombres, sinónimos, etc., se resuelve, en este caso,

del modo más sólido conocido. Es decir, mediante un tratamiento taxonómico amplio y profundo, que toma en consideración todos los nombres válidamente publicados que afectan a la flora del territorio. Cada nombre es considerado como aceptado o sinónimo de otro que figura a su vez como aceptado. El manejo coherente de los 55.392 nombres es posible gracias al equipo de taxónomos que trabajan en el antedicho proyecto *Flora iberica*.

El sistema se basa, esencialmente, en bases de datos relacionadas, que son manejadas mediante una aplicación desarrollada en SQLServer. La base de datos central, llamada Nomen (dbd_T_Nomen), contiene la "lista jerarquizada" de todos los nombres que afectan a la flora española. Cuando un usuario teclea un nombre para hacer una búsqueda, el sistema inmediatamente orienta esa búsqueda hacia Nomen y extrae la relación de todos los sinónimos del nombre tecleado. Una vez obtenida ésta, busca la información deseada en las bases de datos temáticas, bajo todos y cada uno de esos nombres previamente seleccionados y ofrece el resultado en la pantalla. Las relaciones entre las tablas de datos y el papel crucial que juega la tabla Nomen se representan de un modo simplificado en la gráfica sacada del programa Excel (véase fig. 4).

El menú de búsquedas permite acceder a la información por dos caminos alternativos: *a)* por especies, para obtener toda la información relativa a una o más especies, y *b)* por áreas geográficas, para producir una lista de todas las plantas que viven en una provincia, un municipio, un pueblo o un área delimitada por las coordenadas UTM que se deseen.

La información que en la actualidad se ofrece procede, básicamente, de fuentes bibliográficas y afecta a cualquier planta de nuestra flora.

De cada especie o subespecie se puede consultar:

- *mapa de distribución* geográfica, basado en citas bibliográficas, en pliegos de herbario o en ambas fuentes conjuntamente, en el que cada uno de estos registros se representa por medio de un punto;
- *relación de sinónimos*, o lista de todos los nombres que una misma especie pudo haber tenido;
- *número de cromosomas*, si se conoce (se ofrece así mismo la fuente bibliográfica de donde se extrajo la información);
- *dibujo* si es que existe (se ofrecen todos los dibujos publicados hasta ahora en la obra *Flora iberica* y los de las obras clásicas de la botá-

nica española del siglo XIX (Willkomm, Boissier, Hoffmannsegg & H.F. Link, etc.);

- *fotografía* o fotografías a color cuando ha sido posible adquirirla;
- *nombres vernáculos*, en los que se indica la lengua de procedencia.

Toda la información ofrecida está documentada, y mediante un simple click en la pantalla se puede conocer la fuente del dato.

La información por especies se puede buscar a partir del nombre de una familia, un género, una especie, una subespecie concreta o incluso a partir del nombre vernáculo.

La base de datos Citas (dbd_T_Citas) guarda los datos corológicos en registros georreferenciados -actualmente 595.804-, lo cual permite la elaboración automática de los mapas. Cualquier cambio que se haga en Citas implica la actualización automática del mapa potencialmente afectado. Cada registro de esta tabla Citas se representa mediante un punto en el mapa.

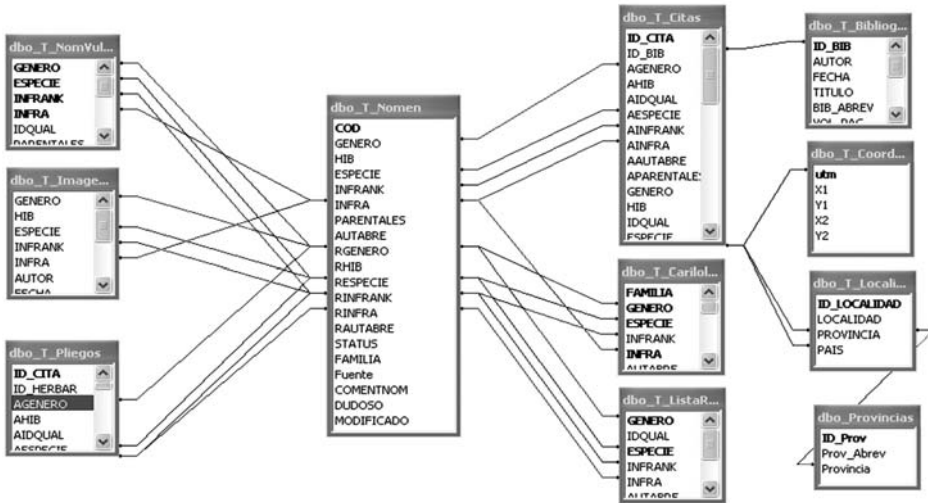


Fig. 4.–Esquema simplificado que representa las relaciones entre las más importantes tablas de datos que maneja el programa Anthos. Puede apreciarse que la tabla Nomen (dbd_T_Nomen) juega un papel central en la orientación de las búsquedas. Después de seleccionar los sinónimos que en cada caso deben ser usados, orienta las búsquedas a las tablas temáticas correspondientes: citas bibliográficas (dbd_T_Citas), nombres vernáculos (dbd_T_NomVulgares), dibujos y fotografías (dbd_T_Imagenes), pliegos de herbario (dbd_T_Pliegos), números cromosómicos (dbd_T_Cariologia), estatus de conservación (dbd_T_ListaRoja), etc.

Los usuarios son tanto naturalistas aficionados, como profesionales de la botánica o de otros campos. El grado de aceptación del programa parece ser muy alto, a juzgar por las notas que remiten a los gestores.

b) Sistemas de determinación asistidos por ordenador

Antes de concluir el capítulo dedicado a la taxonomía y la informática quiero aludir a una faceta en la que ésta puede ayudar notablemente a que el conocimiento de la biodiversidad sea más accesible. Me refiero a los sistemas de determinación o identificación de especies.

Salvo para los grupos más populares como los vertebrados –aves y mamíferos especialmente– y algunos árboles, el sistema de uso más general para que un no experto pudiera determinar una planta o un animal era y sigue siendo la clave dicotómica. La clave dicotómica consiste básicamente en un diálogo entre el lector y la obra impresa en el que ésta “hace preguntas” relativas a la morfología que solo tienen respuestas alternativas y que acaban conduciéndolo hasta el nombre de una familia, de un género, de una especie, subespecie, etc. Este método que en botánica y zoología se usa desde hace ya más de dos siglos, tiene el grave problema de que al estar las preguntas encadenadas, si por cualquier causa no se puede contestar a una de ellas, no se puede continuar. Por ejemplo, si pretendemos determinar una planta de la que poseemos una o varias muestras que no están fructificadas y la clave nos preguntara, en un momento determinado, información acerca del fruto, nos quedaríamos sin posibilidad de continuar o teniendo que hacerlo de un modo solo tentativo. La consecuencia es que si consiguiésemos llegar al nombre de una especie, tendríamos mucha incertidumbre.

Por ello se han creado las claves multiacceso, que no son más que una serie de claves alternativas que procuran basarse en caracteres concretos, como los frutos, las flores, etc. (cf. NIETO FELINER, 1997). Elaborar estas claves resulta complejo y su éxito es muy escaso. De hecho son muy infrecuentes en la bibliografía sobre biodiversidad.

Lo que ahora se busca con la informática es un diálogo más complejo que permita al usuario aportar aquella información que el espécimen le puede proporcionar y que el ordenador se encargue de buscar la especie a la que pueden corresponder esos caracteres.

Planteado así el problema, parece de fácil solución, pero lo cierto es que resulta mucho más complejo por la enorme cantidad de especies posibles, la diversidad de descripciones, etc. Mencionaré solamente algunos de los ensayos que en esta dirección se están haciendo.

DELTA

El australiano Dalwitz, dentro del CSIRO, desarrolló el programa *Description Language for Taxonomy* (DELTA) que consiste básicamente en transformar cada descripción de familia, género, especie, etc. en un registro de una base de datos en la que los caracteres morfológicos de la especie estén preestructurados. Las búsquedas de los nombres de las plantas y animales se hacen por un sistema similar a cualquier búsqueda de cualquier base de datos. El sistema es práctico cuando se trabaja en grupos de pequeño o de mediano tamaño, morfológicamente homogéneos —como las mariposas, los peces, etc.— y adaptados todos por un mismo autor. Pero cuando se intenta aplicar a todas las especies vegetales o de invertebrados de un territorio, que tuvieron que ser descritas por varios autores, la cosa se complica tanto que se convierte en inoperativa. Por añadidura, la mayoría de los taxónomos expertos se niegan a preparar las descripciones si se les obliga a encorsetarse dentro de una base de datos y si se les priva de la libertad de expresión para referirse a cualidades muy concretas que requieren el uso de adjetivos muy bien seleccionados, como pueden ser los colores de un pétalo, de un estambre o del ala de una mariposa, las formas de una hoja, la pelosidad de un fruto, etc. En definitiva, DELTA, aun representado un avance importante en el empeño de automatizar las determinaciones, tiene un grado de aceptación bajo y no ha alcanzado el éxito que inicialmente se esperaba.

Flora iberica en CD-ROM

Con un planteamiento completamente distinto, innovador frente a los anteriores, los responsables de *Flora iberica*, en colaboración con la empresa de informática CSI (Compact Software International, S.A.), desarrollaron un proyecto que culminó con la publicación de un CD titulado “*Flora iberica* en CD-ROM” que contenía los cuatro primeros volúmenes de esa obra.

La originalidad del sistema está en tratar a cada descripción con el formato de texto, no como base de datos. Esto permite utilizar cualquier descripción hecha por cualquier autor, con la única estructura obligada de que la descripción de cualquier órgano importante como tallo, hoja, cáliz, corola, fruto, etc. debe encabezar un párrafo después de punto y seguido. El programa de búsqueda fue una aplicación de PLS (Personal Library Software Inc.). Para su funcionamiento, el usuario debe escribir en una pantalla diseñada al efecto la información que posea de la planta, el programa busca esa secuencia de palabras en todas las descripciones y ofrece la relación de aquellas en las que hay más coincidencias. Sus puntos débiles son dos: *a)* no puede utilizarse información negativa, como por ejemplo “planta sin espinas”, “hoja sin pelos”, etc., en su lugar hemos de habituarnos a buscar alternativas en la expresión, en este caso sería, por ejemplo, “planta inerme”, “hoja glabra”, etcétera, y *b)* no se pueden usar tampoco intervalos de variación de datos cuantitativos como hojas que varían entre 7 y 12 mm (“hoja 7-12 mm”). Actualmente trabajamos en una segunda versión, más compleja y amplia, en la que se procura corregir los defectos detectados.

Sistema experto para la determinación de especies

Al mismo tiempo se está trabajando también en otro proyecto basado en fundamentos diferentes, la creación de lo que se viene llamando un “sistema experto” en el campo de la Ingeniería del Conocimiento.

Como meta, la Ingeniería del Conocimiento se propone entender como una persona —un experto en un dominio concreto— lleva a cabo su actividad, más aun su modo de razonar, de forma que ésta pueda ser automatizada y estructurada con el desarrollo de un sistema experto.

La representación interna del conocimiento en el ordenador —su formalización— es paso crítico en todo el proceso, y debe ser resuelto en cada caso según el dominio del conocimiento y los criterios del experto en dicho dominio. Pero el problema esencial, naturalmente, es extraer el conocimiento del experto —educación de conocimientos— (HOFMAN, 1987; HENAO, 1997 y 1998; ADELI, 1990), asunto complejo que tiene muchas facetas, una de las cuales recae en el campo de la psicología cognitiva, la cual, a su vez, desde un enfoque simbólico, postula que la inteligencia puede reducirse al “proce-

samiento” simbólico de la información, es decir, a la manipulación de símbolos de acuerdo con ciertas reglas (hipótesis de Newell y Simon sobre sistemas físicos simbólicos).

En el proyecto actualmente en desarrollo, el trabajo se hace en colaboración con un ingeniero del conocimiento. En síntesis se trata de que el taxónomo –el experto en el dominio– sea capaz de explicar al ingeniero del conocimiento los pasos que su mente sigue –caracteres que observa como más importantes, etc.– para llegar a reconocer una especie cualquiera. Esos mecanismos mentales que ayudan al taxónomo a tomar decisiones sobre la identidad tienen que ser posteriormente “formalizados” e “implementados”. Aquí, el conocimiento y el razonamiento juegan un papel esencial en todo el proceso.

Por tanto, los Sistemas Expertos o de Producción (basados en reglas) son una buena solución al problema de identificación planteado. Podrían considerarse idóneos por dos de sus peculiaridades (BORRAJO, D. & *al.*, 1997):

- El conocimiento –problemas de taxonomía/biología– puede ser fácilmente separado de la forma en la que va a usarse; su representación y control están separados.
- Los dominios del conocimiento adecuados para utilizar los sistemas expertos son aquellos en los que la tarea que debe ser efectuada puede verse como una secuencia de transiciones de un estado a otro. Es decir, la activación (disparo) de una regla implica pasar a otro estado (situación), dentro de todos los posibles (espacio problema); lo cual implica una nueva evaluación y posterior decisión de acción, que a su vez nos situará en un nuevo estado. Este comportamiento puede adaptarse a un modelo (modelizar), porque cada transición puede ser efectivamente representada por una o más reglas (producciones) que se pueden activar automáticamente (disparar).

Por otra parte, se pretende dar un salto cualitativo en los métodos de identificación. El objetivo es incorporar en un programa informático, más que los puros datos o información, un tratamiento simbólico del “conocimiento”, incorporando las “heurísticas” de un experto que, a su vez, permitan:

- Pasar de una estructura jerárquica y estricta como son las claves dicotómicas –con su incertidumbre asociada y ya anteriormente

comentada— a una Clave de Múltiples Identificaciones (CMIs), estructura basada más en un árbol en red, donde los caracteres visibles del espécimen son distribuidos por el mismo y seleccionados en cualquier orden.

- Permitir la incorporación de los conocimientos del experto en el dominio para acotar las búsquedas y dirigir las de una forma más efectiva.
- Posibilitar, en una sesión de identificación, el diálogo con el usuario; se interrogaría al amparo de la cadena de razonamiento que sigue el sistema, y por ende el experto (interrogar al sistema la estrategia de búsqueda).

Los métodos y técnicas de la Ingeniería del Conocimiento permiten en su estado actual abordar un punto clave como es la identificación de especies y hacerlo desde una perspectiva más “inteligente”. Actualmente tenemos la posibilidad de dejar atrás métodos que han servido durante casi dos siglos pero que pueden resultar ya obsoletos.

Todavía no se pueden ofrecer resultados, pero sí apuntar que el método es muy novedoso. Resulta desconcertante para un taxónomo acercarse al modo de trabajar de los ingenieros del conocimiento, que suelen proceder del campo de la informática más dura.

5. RETOS Y TAREAS DE LA TAXONOMÍA HOY

Si en el escenario de las ciencias de la naturaleza, usando parámetros de medida objetivos, comparamos, como hace WILSON (2003), las Ciencias Naturales con sus disciplinas hermanas, comprobaremos que ésta está muy por detrás, en la cola del grupo. Ciertos datos son cruciales para comprender el Universo, por ejemplo: se sabe que el diámetro de la Tierra es 12.742 km; que en la Vía Láctea, una galaxia espiral común, hay aproximadamente 10^{11} (cien mil millones) de estrellas; que en un virus pequeño —por ejemplo, en un phago de Ø X174— hay 10 genes; que la masa de un electrón es $9,1 \times 10^{-28}$. Pero si nos preguntan cuántas especies de organismos hay en la Tierra, hemos de admitir que no lo sabemos, ni siquiera en un orden de magnitud aproximado. Conocemos muchos, ciertamente, quizá 1,7 millones, pero la diferencia entre muchos y todos es la misma que entre una bibliote-

ca pública local y todos los documentos y textos de la biblioteca universal (NELLY, 2000). ¿Qué sería de la química si se conociera solo 1/3 de la tabla periódica?

Haciendo cálculos basados en el número de especies actualmente conocidas en relación a los hábitat ya explorados, y conociendo los ambientes que nos faltan por explorar, muchos autores (KELLY, 2000; GOVAERTS, 2001; HEBERT, 2003; etc. entre los más recientes) han aventurado cifras sobre el número de especies de organismos todavía desconocidos en la Tierra, que resultaron ser muy heterogéneas. Estos cálculos nos ponen de manifiesto que las estimaciones obtenidas por unos y otros arrojan unas diferencias tan llamativas que van de 3,6, hasta más de 100 millones.

Las cifras recientemente ofrecidas (KELLY, *loc. cit.*) se resumen en el siguiente cuadro

| | Prokariotes | Protoctista | Fungi | Plantae | Animalae | Viruses |
|-----------------------|----------------------|---------------------|-----------|---------|---------------|-----------|
| | Bacteria & Archea | Protozoa & Algae | | | | |
| Ya descritas | 4.000 | 80.000 | 72.000 | 270.000 | 1.320.000 | 5.000 |
| Estimación más baja | 50.000 | 250.000 | 200.000 | 300.000 | 2.825.000 | 50.000 |
| Cifra aceptable | 1.100.000 | 600.000 | 1.500.000 | 320.000 | 9.800.000 | 500.000 |
| Estimación más alta | 3.000.000 | 1.200.000 | 2.700.000 | 500.000 | 103.255.000 | 1.000.000 |
| Grado de conocimiento | Muy pobre | Muy pobre | Moderado | Bueno | Bueno o pobre | Muy pobre |

Los datos relativos a algunos grupos merecen especial comentario porque ilustran claramente lo que nos falta por hacer:

– *Bacterias*. Nuestra ignorancia en este terreno es especialmente llamativa. Solo como ejemplo diremos que hasta 1988 no se describió el género *Prochlorococcus*, cuyas especies, representantes del denominado picoplancton, son responsables de la producción de la mayor parte de la materia orgánica del océano. Sus células flotan pasivamente en el mar en una densidad de 70.000 a 200.000 por ml (WILSON, 2003).

– *Nematodos*. Se calcula que hoy se conocen unos 25.000, que no son más que una pequeñísima parte de los existentes (40.000 en una estimación baja y c. 1.000.000 sin incluimos los parásitos y los acuáticos tanto de aguas dulces como saladas). Basta que estudiemos unos cuantos gramos de suelo forestal rico, para que descubramos una buena cantidad de especies diferentes, muchas de las cuales serán con seguridad nuevas para la ciencia.

– *Plantas vasculares*. A pesar de ser un grupo aceptablemente conocido, cada año se describen por término medio 2.000 nuevas especies, según los datos que aparecen en el *International Plant Names Index* (www.ipni.org).

– *Anfibios*. El número de los reconocidos hace quince años era de unos 4.000; hoy es de 5.400, lo cual significa un incremento de un 30% en este breve espacio de tiempo.

En el más optimista de los escenarios, si hoy ya conociéramos 1,7 millones y en el mundo solo hubiera 3,6, todavía nos faltarían por descubrir, bautizar y describir 1,9 millones, es decir más que todo lo que hemos descubierto, descrito y bautizado en los últimos dos siglos y medio, plazo transcurrido desde que Linneo creó el sistema de clasificación que hoy seguimos. Si la cifra real superara, como parece muy probable, los 50 millones de organismos, resulta muy difícil imaginarse siquiera el esfuerzo que queda por hacer.

Se estima que actualmente trabajan en el mundo unos 6.000 taxónomos, que se vienen dedicando, de un modo u otro, a gran parte de los grupos de animales y plantas. A pesar de ello, si no hacemos un esfuerzo mucho mayor, sabemos que una parte importante de organismos –10-25%– nunca llegarán a ser conocidos, porque desaparecerán antes, debido a la destrucción de sus hábitat (KELLY, 2000: 7).

Con el ánimo de impulsar un programa de estudio a escala mundial, fue creada por un grupo de taxónomos relevantes la llamada *All Species Foundation* (www.allspecies.org) para tratar de que la tarea de describir las especies existentes se pueda concluir en el plazo de una generación.

Otra iniciativa, *Catalogue of Life*, está también dando pasos para coordinar los sistemas de bases de datos a escala mundial.

WILSON (*loc. cit.*) estimó que utilizando los métodos tradicionales que implican una larga formación académica, lenta publicación de los resultados y tecnología tradicional, el inventario total podría concluir en cincuenta años. Pero con las nuevas tecnologías y formando expertos nuevos, se podría concluir en veinticinco años. Estimaciones que consideramos optimistas en exceso.

Las siguientes sugerencias emanan de la concepción de la taxonomía como una disciplina científica que produce conocimiento tanto en el campo teórico como en el práctico. Los resultados de la taxonomía son

imprescindibles para las demás especialidades de la biología y para muchas facetas de la actividad humana, pero su más urgente reto es concluir la etapa descriptiva de los organismos vivos.

Las bases de su trabajo en el futuro, a nuestro entender, debieran ser:

1. La morfología, la respuesta que la mayoría de los organismos dan a su enfrentamiento con el medio, debe ser la fuente fundamental de información para la taxonomía y sistemática, aunque cualquier dato de tipo geográfico, ecológico, citológico, molecular, etc., debe también ser considerado. Los taxónomos debemos cooperar con los expertos de otros campos científicos.

2. Como tarea más urgente, debemos describir nuevos táxones cuando se reconozcan y hacer monografías tanto de grupos concretos como de áreas delimitadas (floras y faunas).

3. Los organismos que tienen nombre son ya una fuente de información –tanto ambiental como intrínseca– más amplia; por esta razón la estabilidad nomenclatural debe ser prioritaria y defendemos la necesidad de mantener el sistema binómico vigente y la aplicación estricta de las normas de los códigos internacionales de nomenclatura. Apoyamos la iniciativa para crear el Registro y la Relación de Nombres Utilizables en Taxonomía, y rechazamos, por tanto, el FiloCódigo y otros experimentos que pretendan reemplazar al sistema de nomenclatura tradicional.

4. La información taxonómica y biogeográfica debe ser contrastada o comprobada por medio de muestras testigo -pruebas- que han de conservarse en condiciones adecuadas. Ello nos permite insistir, en un momento en que parece dudarse, en la trascendencia de las colecciones científicas y la necesidad de su adecuada conservación.

5. Debemos separar dos tareas científicas diferentes, pero complementarias: hacer taxonomía -describir, nombrar y clasificar- e investigar relaciones filogenéticas. Aunque el conocimiento de la descendencia ayuda a producir una buena clasificación, las actuales aportaciones sobre la filogenia de grupos concretos no son todavía más que hipótesis. Pretender con ellas cambiar las clasificaciones y, por ende, los nombres de las especies nos parece un error. Defendemos, en cualquier caso, la conveniencia de seguir investigando la filogenia de los organismos vivos o fósiles con las modernas herramientas a nuestro alcance.

6. Es ya un deber del colectivo de los taxónomos hacer accesible, por medio de las potentes herramientas que hoy se usan en internet, toda la información taxonómica disponible, basada tanto en especímenes como en táxones y tanto a escala local como mundial. Apoyamos, en consecuencia, la creación de las redes internacionales que se lo proponen.

7. Los estudios y análisis de la biodiversidad de un área o hábitat concreto se basan en las listas de flora y fauna, cuyo valor depende de la calidad y puesta al día de los datos aportados por los taxónomos. Sin estos elementos será difícil que las medidas adoptadas por quienes gestionan el uso y conservación de la biodiversidad tengan el rigor y el acierto necesarios.

Pongámonos a ello.

He dicho.

BIBLIOGRAFÍA

- ADELI, H. (1990). *Knowledge Engineering*. Vol. II. Applications. MacGraw-Hill.
- ÁLVAREZ LÓPEZ, E. (1945). Apuntes para un concepto del género y la especie en la Historia de la Botánica. *Anales Jard. Bot. Madrid* 4: 315-355.
- ÁLVAREZ LÓPEZ, E. (1946). Las bases primitivas de la clasificación vegetal. *Anales Jard. Bot. Madrid* 5: 1-78.
- AVISE, J.C. & G.C. JOHNS (1999). Proposal for a standardized temporal scheme of biological classification for extant species. *Proc. Nat. Acad. Sci. USA* 96: 7358-7363.
- BEACH, J.H., S. PRAMANIK & J.H. BEAMAN (1993), en R. FORTUNER (ed.), *Advances in Computer Methods for Systematic Biology: Artificial Intelligence, Databases, Computer Vision*: 241-252. Johns Hopkins Univ. Press.
- BENCH-CAPON, T.J.M. (1990). *Knowledge representation: an approach to Artificial Intelligence*. Acad. Press.
- BENTON, M.J. (2000). Stems, nodes, crown clades, and rank-free lists: is Linnaeus dead? *Biol. Rev.* 75: 633-649.
- BELTRÁN, M.S. & C.D. JIGGINS, V. BULL, M. LINARES, J. MALLET, W.O. MACMILLAN & E. BERMINGHAM (2002). Phylogenetic Discordance at the Species Boundary: Comparative Gene Genealogies Among Rapidly Radiating Heliconius Butterflies. *Mol. Biol. Evol.* 19(12): 2176-2190.
- BERENDSOHN, W. (1995). The concept of “potential taxa” in databases. *Taxon* 44: 207-212.
- BERLIN, B, D.E. BREEDLOVE & P.H. RAVEN (1974). *Principles of the Tzeltal plant classification; an introduction to the botanical ethnography of a Mayan-speaking people of highland Chiapas*. Academic Press.
- BISBY, F.A. (2000). The Quiet Revolution: Biodiversity Informatics and the Internet. *Science* 289: 2309-2312.

- BORRAJO, D., N. JURISTO, V. MARTÍNEZ, J. PAZOS (1997). *Inteligencia Artificial: Métodos y Técnicas*. Ed. Centro Estud. Ramón Areces.
- BRONOWSKI, J. & U. BELLUGI (1970). Language, name and concept. *Science* 168: 669-673.
- BRUMMITT, R.K. (1996a). In defence of paraphyletic taxa. En Maesen, L.J.G. van der, X.M. van der Bugrt & J.M. van Medenbach de Roy (eds.) *The biodiversity of African plants*: 371-384. *Proceedings XIVth AETFAT Congress*, Wageningen.
- BRUMMITT, R.K. (1996b). Quite happy with the present Code. Thank you. En Reveal, J.L. (ed.) *Proceedings of a mini-symposium on biological nomenclature in the 21st century*.
- BRUMMITT, R.K. (1997). Taxonomy versus cladonomy, a fundamental controversy in Biological systematics. *Taxon* 46: 723-734.
- BRUMMITT, R.K. (2002). How to chop up a tree. *Taxon* 51: 31-41.
- BRUMMITT, R.K., S. CASTROVIEJO, A.C. CHUKUNI, A.E. ORCHARD, G.F. SMITH & W.L. WAGNER (2001). The Species Plantarum Project, an International collaborative initiative for higher plant taxonomy. *Taxon* 50(4): 1217-1230.
- CANTINO, P.D. (2000). Phylogenetic nomenclature: addressing some concerns. *Taxon* 49: 85-92
- CANTINO, P.D., H.N. BRYANT, K. DE QUEIROZ, M.J. DONOGHUE, T. ERIKSON, D.M. HILLIS & M.S.Y. LEE (1999). Species names in phylogenetic nomenclature. *Syst. Biol.* 48: 790-807.
- CANTINO, P.D. & K. DE QUEIROZ (2000). *PhyloCode: a Phylogenetic Code of Biological Nomenclature* [<http://www.ohiu.edu.phylocode>].
- CANTINO, P.D., R.G. OLMSTEAD & S.J. WAGSTAFF (1997). A comparison of phylogenetic nomenclature with the current system: a botanical case study. *Syst. Biol.* 46: 313-331
- CASTROVIEJO, S. & *al.* (eds.) (1986-). *Flora Iberica*. Plantas vasculares de la Península Ibérica e Islas Baleares. Real Jardín Botánico, CSIC.
- CASTROVIEJO, S., C. AEDO, F. PANDO, J.F. MUÑOZ GARMENDIA, F. SÁNCHEZ LAULHÉ (1996). *Flora iberica en CD-ROM*. Vol. I-IV. Compact Software International. Madrid.
- CLARIDGE, M.F., H.A. DAWAH, & M.R. WILSON (eds.). (1997). Species: the units of biodiversity. *Syst. Assoc. sp. vol.*; no. 54. Chapman & Hall.
- CONSTANZA, R., R. D'ARCE, R. DE GROOT, S. FARBER, M. GRASSO, B. HANNON, K. LIMBURG, S. NAEEM, R. V. O'NEILL, J. PARUELO, R.G. RASKIN, P. SUTTON & M. VAN DEN BELT (1997). The value of the world's ecosystem services and natural capital. *Nature* 387: 253-260.

- COOK, O.F. (1899). Four categories of species. *Amer. Naturalist* 33: 287-297.
- CRACRAFT, J. (1992). The species of the bird-of-paradise (Paradisidae): applying the phylogenetic species concept to a complex pattern of diversification. *Cladistics* 8: 1-43.
- CRISCI, J. (1994). La especie: realidad y conceptos. En J. Llorente Busquets & I. Luna (1994) *Taxonomía Biológica*: 53-64. Fondo de Cultura Económica. Méjico.
- CRONQUIST, A. (1978). Once again, what is a species? En L. V. Knutson, *Chm. Biosystematics in Agriculture*: 3-20. Montclair.
- DAVIS, P.H. & V.H. HEYWOOD (1963). *Principles of Angiosperm taxonomy*. Princeton.
- DOBZHANSKY, TH. (1966). La idea de especie después de Darwin. En S.A. Barnett (comp.), *Un siglo después de Darwin*: 37-82. Alianza Edit.
- DUNN, G & B.S. EVERITT (1982). *An introduction to mathematical taxonomy*. Cambridge.
- EDWARDS, J.L., M.A. LANE & E.S. NIELSEN (2000). Interoperability of Biodiversity Databases: Biodiversity information on every desktop. *Science* 289: 2312-2314.
- ESTABROOK, G.F. (1986). Evolutionary classification using convex phenetics. *Syst. Zool.* 35(4): 560-570.
- FARRIS, J.S. (1974). Formal definitions of paraphyly and polyphyly. *Syst. Zool.* 23: 548-554.
- FARRIS, J.S. (1976). Phylogenetic classification of fossils with recent species. *Syst. Zool.* 25: 271-282.
- FOREY, P.L. (2001). The PhyloCode: description and commentary. *Bull. Zool. Nomencl.* 58:81-96
- FREUDENSTEIN, J.V. (1998). Paraphyly, ancestors and classification. *Taxon* 47: 95-104.
- GEORGE, T.N. (1956). Biospecies, chronospecies and morphospecies. En P.C. Silvester-Bradley (ed.), *The species concept in Palaeontology*: 123-137. Syst. Assoc.
- GEWIN, V. (2002). All living things, on line. *Nature* 418: 362-363.
- GODFRAY, H.C.J. (2002). Challenges for taxonomy. *Nature* 417: 17-19.
- GOULD, S.J. (1977). *Ontogeny and Phylogeny*. Harvard Univ. Press. Cambridge, Mass.
- GOULD, S.J. & N. ELDREDGE (1977). Punctuated equilibria: The tempo and mode of evolution reconsidered. *Paleobiology* 3: 115-151.
- GOVAERTS, R. (2001). How many species of seed plants are there? *Taxon* 50: 1085-1090.

- GREUTER, W., J. MCNEILL, F.R. BARRIE, H.M. BURDET, V. DEMOULIN, T.S. FILGUEIRAS, D.H. NICHOLSON, P.C. SILVA, J.E. SKOG, P. TREHANE, N.J. TURLAN & D.L. HAWKSWORTH (2000). International Code of Botanical Nomenclature (St. Louis Code). *Regnum Veg.* 138: 1-474.
- HALDANE, J.B.S. (1956). Can a species concept be justified? *Syst. Assoc. Publ.* 2: 95-96.
- HAWKSWORTH, D.L. 1992. The need for a more effective biological nomenclature for the 21st century. *Bot. J. Linn. Soc.* 109: 543-567.
- HAWKSWORTH, D.L. & F.A. BISBY. (1988). *Systematics: the keystone of Biology. Prospects* in Systematic Association Special Volume no. 36. D.L. Hawksworth. Oxford, Clarendon Press: 3-30.
- HEBERT, P.N.D., S. RATNASINGHAM & J.R. DEWAARD (2003). Barcoding animal life: cytochrome *c* oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proc. R. Soc. London* 270 (1524) *Suppl.* 7: 96-99.
- HENAO, M. (1997). *Metodología para el desarrollo de la tecnología de sistemas inteligentes*. Univ. Pontif. Bolivariana.
- HENAO, M. (1998). La adquisición del conocimiento dentro de la ingeniería del conocimiento. *Rev. Univ. Eafit.*: 1998: 53-60.
- HENNIG, W. (1950) *Grundzüge einer Theorie der phylogenetischen Systematik*. Deutscher Zentralverlag.
- HENNING, W. (1966). *Phylogenetic Systematics* [traducción de D. Davis & R. Zangerl]. Univ. Illinois Press.
- HEYWOOD, V.H. (1984). The current scene in plant taxonomy. En V.H. Heywood & D.M. Moore (eds.) *Current concepts in plant taxonomy*: 3-21. *System. Ass. Spec. vol.* 25. Acad. Press.
- HEYWOOD, V.H. (1988). Tropical taxonomy – who are the users? *Symb. Bot. Upsalienses* **28**(3): 21-28.
- HEYWOOD, V.H. (1998). The species concept as a socio-cultural phenomenon – a source of the scientific dilemma. *Theory Biosci.* 117: 203-212.
- HOFMAN, R. (1987). *The problem of extracting knowledge from the perspective of Experimental Psychology*. AI Magazine, Summer 1987.
- HUXLEY, J. (ed.) (1949). *The new systematics*. Oxford Univ. Press.
- JONES, A.C., I. SUTHERLAND, S.M. EMBURY W.A. GRAY, R.J. WHITEAL, J.S. ROBINSON, F.A. BISBY & S.M. BRANDT (2000). Techniques for Effective Integration, Maintenance and Evolution of Species Databases: 3-13. En O.E. Gunther (ed.), *Proceedings of the 12th International Conference on Scientific and Statistical Database Management*. IEEE Comp. Soc. Press.

- JØRGENSEN, P.M. (2000). Names are defined, but not as taxa. *Taxon* 49: 779.
- JØRGENSEN, P.M. (2002). Two nomenclatural systems? *Taxon* 51: 737.
- KELLY, K. (2000). All Species Inventory. A call for the discovery of all life-forms on Earth. *Whole Earth, Fall 2000*.
- KLIMAN, R.M. & P. ANDOLFATTO, J.A. COYNE, F. DEPAULIS, M. KREITMAN, A.J. BERRY, J. MCCARTER, H. WAKELEY & J. HEY (2000). The population genetics of the origin and divergence of *Drosophila simulans* complex species. *Genetics* 156: 1913-1931.
- LANGER, M.C. (2001). Linnaeus and the PhyloCode: where are the differences? *Taxon* 50: 1091-1096.
- LEE, M.S.V. (2002). Species and phylogenetic nomenclature. *Taxon* 51: 507-510.
- LEVIN, D.A. (1979). The nature of plant species. *Science*: 204: 381-384.
- LIPSCOMB, D., N. PLATNICK & Q. WHEELER (2003). The intellectual content of taxonomy. *Trends Ecol. Evol.* 18: 65-66.
- LUNA, I. (1994). Los conceptos de especie evolutiva y genética. En J. Llorente Busquets & I. Luna (1994) *Taxonomía Biológica*: 53-64. Fondo de Cultura Económica. México
- MACHADO, C.A. & R.M. KLIMAN, J.A. MARKERT, J. HEY (2002). Inferring the history of speciation from multilocus DNA sequence data: the case of *Drosophila pseudoobscura* and its close relatives. *Mol. Biol. Evol.* 19: 472-488.
- MALLET, J. (2001). *Species, concepts of Encyclopaedia of Biodiversity* 5: 427-440. Acad. Press.
- MALLET, J. & K. WILLMOTT (2003). Taxonomy: renaissance or Tower of Babel? *Trends Ecol. Evol.* 18: 57-59.
- MARTIN, G. (1996). Birds in trouble. *Nature* 380: 666-667.
- MAY, R.M. (1999). The Dimension of Life on Earth. En Raven, P.H. (ed.), *Nature and Human Society: The Quest for a Sustainable World*: 30-45. Nat. Acad. Press.
- MAYR, E. (1942). *Systematics and the origin of the species*. Columbia Univ. Press.
- MAYR, E. (1995). Systems of ordering data. *Biol. Philos.* 10: 419-434.
- MAYR, E. (1969). The biological Meaning of Species. *Biol. J. Linnean Soc.* 1: 311-320.
- MAYR, E. (1997). *This is Biology: the science of the living world*. Cambridge, MA.
- MAYR, E. (1982). *The growth of the biological thought*. Belknap Press.
- NANNEY, D.L. (1999) When is a Rose? The kinds of Tetrahymena. En R.A. Wilson (ed.), *Species*: 93-118. MIT Press.
- NIETO FELINER, G. (1991). El cladismo o la larga búsqueda del reconocimiento de la Sistemática como Ciencia. *Arbor* 542: 33-47.

- NIETO FLINER, G. (1997). *Epilobium*. En S. Castroviejo & al. (eds.), *Flora iberica* 8: 101-131. R. Jard. Bot. CSIC.
- NELSON, G.L. (1972). Phylogenetic relationship and classification. *Syst. Zool.* 21: 227-231.
- NILSON, K.C. & J.M. CARPENTER (2000). On the other “Phylogentic Systematics”. *Cladistics* 16: 298-318.
- NIXON, K.C. & J.M. CARPENTER (2000). On the other “Phylogenetic Systematics”. *Cladistics* 16: 298-318.
- PATTERSON, D.J. (2003). Progressing towards a biological names register. How taxonomy could harness the indexing and organizational powers of the Internet. *Nature* 422: 661.
- PENNISI, E. (2000). Taxonomic revival. *Science* 289: 2306-2308.
- PORTER, C.L. (1967). *Taxonomy of flowering Plants*. 2.^a ed. Freeman. San Francisco.
- PULLAN, M.R., M.F. WATSON, J.B. KENNEDY, C. REGUENAUD & R. HYAM (2000). The Prometheus Taxonomic Model; a practical approach to representing multiple classifications. *Taxon* 49: 55-75.
- QUEIROZ, K. DE (1996). A phylogenetic approach to biological nomenclature as an alternative to the Linnean system in current use. En Reveal, J.L. (ed.), *Proceedings of a Mini-Symposium on Biological Nomenclature in the 21st Century*.
- QUEIROZ, K. DE & J. GAUTHIER (1992). Phylogenetic taxonomy. *Annual Rev. Ecol. Syst.* 23: 449-480.
- QUEIROZ, K. DE & J. GAUTHIER (1994). Towards a phylogenetic system of biological nomenclature. *Trends Ecol. Evol.* 9: 27-31.
- QUEIROZ, K. DE (2000). The definitions of taxon names: a reply to Stuessy. *Taxon* 49(3): 533-536.
- RAVEN, P.H. (ed.). *Nature and Human Society: The Quest for a Sustainable World*. Nat. Acad. Press.
- REIG, O.A. (1979). Propositiones para una solución al problema de la realidad de las especies biológicas. *Rev. Venezolana Filosofía*. 11: 3-30.
- SCHREIBER, A.T., J.M. AKKERMANS, A.A. ANJEWIERDEN, R. DE HOOG, W. VAN DE VELDE & B.J. WIELINGA. (1998). *Engineering of knowledge; the common KADS Methodology* (versión 5.0). Amsterdam Univ.
- SEBERG, O., C.J. HUMPRIES, S. KNAPP, D.W. STEVENSON, G. PETTERSEN, N. SCHARFF & N.M. ANDERSEN. Shortcuts in systematics? A commentary on DNA-based taxonomy. *Trends Ecol. Evol.* 18: 63-65.
- SIMPSON, G.G. (1951). The species concept. *Evolution* 5: 285-289.
- SIMPSON, G.G. (1961). *Principles of Animal Taxonomy*. Columbia Univ. Press.

- SMITH, A.C. (1967). Systematics and appreciation of reality. *Taxon* 18: 5-13.
- SOSEF, M.S.M. (1997). Hierarchical models, reticulate evolution and the inevitability of the paraphyletic taxa. *Taxon* 46: 75-85.
- STEBBINS, G.L. (1979). Fifty years of plant evolution. En Solbrig, O.T., S. Jain, G.B., Johnson & P.H. Raven (eds.), *Topics in plant population biology*: 18-42. Columbia Univ. Press.
- STENT, G.S. (1975). Limits to the scientific understanding of man. *Science* 187: 1052-1057.
- STUESSY, T.F. (1990). *Plant Taxonomy. The systematic Evaluation of Comparative Data*. New York, Columbia University Press.
- STUESSY, T.F. (2000). Taxon names are not defined. *Taxon* 49: 231-233.
- SUGDEN, A. & E. PENNISI (2000). Diversity Digitized. *Science* 289: 2305.
- TAUTZ, D., P. ARCTANDER, A. MINELLI, R.H. THOMAS & A.P. VOGLER (2002). DNA points the way ahead taxonomy. *Nature* 418: 479.
- TAUTZ, D., P. ACTANDER, A. MINELLI, R.H. THOMAS & A.P. VOGLER (2003). A plea for DNA taxonomy. *Trends Ecol. Evol.* 18: 70-74.
- VALDECASAS, A.G., E. BELLO, J.M. BECERRA & J. REYES (1992). La taxonomía en España. *Arbor* 561: 77-101.
- VALDECASAS, A. G, S. CASTROVIEJO & L.F. MARCUS (2000). Reliance on the citation index undermines the study of biodiversity. *Nature* 403: 698.
- VAN VALEN, L. (1971). Adaptive zones and the orders of mammals. *Evolution* 25: 420-428.
- VAN VALEN, L. (1973). Are categories in different phyla comparable? *Taxon* 22: 33-373.
- VAN VALEN, L. (1978). Why not be a cladist. *Evol. Theory* 3: 285-299.
- WELZEN, O.C. VAN (1997). Paraphyletic groups or what should a classification entail. *Taxon* 46: 99-103.
- WILEY, E.O. (1978). The evolutionary species concept reconsidered. *Syst. Zool.* 27: 17-26.
- WILEY, E.O. (1980). Is the evolutionary species fiction? – A consideration of classes, individual and historical entities. *Syst. Zool.* 29: 76-80.
- WILSON, E.O. (2000). A global biodiversity map. *Science* 289: 2279.
- WILSON, E.O. (2003). The encyclopaedia of life. *Trends Ecol. Evol.* 18: 77-80.
- ZHON, Y., S. JUNG, S. PRAMANIK & J.H. BEAMAN (1996). Data model and comparison and query methods for interacting classifications in a taxonomic database *Taxon* 45: 223.
- ZINK, R.M. (1996). Bird species discovery. *Nature* 380: 566.

CONTESTACIÓN

DEL

EXCMO. SR. D.

ENRIQUE SÁNCHEZ-MONGE Y PARELLADA

Excmo. Sr. Presidente
Excmos. Sres. Académicos

Ha sido un gran honor para mí y un motivo de satisfacción el encargarme de contestar al nuevo académico, que ha tenido la gentileza de recordarme como profesor en el curso de Genética de la Facultad de Ciencias (Biológicas) de la Universidad Complutense.

Hace algún tiempo que en el cuadro de especialidades de la multidisciplinaria Sección de Ciencias Naturales (Biológicas y Geológicas) de la Real Academia de Ciencias no estaba representada la Botánica y me congratulo de que el representante de esta especialidad sea nuestro nuevo Académico.

Porque Santiago Castroviejo, Doctor en Biología y especialista en Botánica (Biodiversidad y Conservación), pasó por las etapas de Colaborador, Investigador Científico y Profesor de Investigación en el Consejo Superior de Investigaciones Científicas, desarrollando una amplia labor en taxonomía y citotaxonomía, como se refleja en el casi un centenar de artículos publicados en revistas españolas y unos veinticinco en revistas extranjeras. Individualmente o en colaboración con otros autores tiene numerosas aportaciones a libros y, sobre todo, quiero destacar su gran labor como investigador principal en la publicación de la *Flora iberica*, actualmente en curso.

Ha sido director del Real Jardín Botánico de Madrid y ha dirigido una veintena de tesis doctorales que obtuvieron las mejores calificaciones.

Me atreveré ahora a hablar un poco de Taxonomía Vegetal, en la que sin ser mi especialidad, hice algunos trabajos en el género *Triticum*, durante mi estancia en la Estación Experimental de Aula Dei del Consejo Superior de Investigaciones Científicas.

Nos ha descrito el nuevo Académico, en su docta disertación, varias definiciones para las especies de seres vivos y debo decir que, como genético, para mí “la especie es un grupo de reproducción con características morfológicas definidas y cuyos individuos constituyentes tienen el potencial de intercambio de genes entre ellos sin que en los híbridos se dé una disminución de la fertilidad”.

No quiero negar con esto la validez a la delimitación morfológica de especies. No hay más que hojear cualquier Flora o tratado de Botánica para darse cuenta de la cantidad de especies que mantienen hoy día su validez y que fueron definidas por Linneo por sus caracteres morfológicos.

Tengo que confesar mi pecado de haber sido excesivamente morfologista en mi primera época de estudio del género *Triticum*.

Se reunió en la Estación Experimental de Aula Dei de Zaragoza una colección de trabajos de más de cuatro mil variedades de trigo de todo el mundo y se clasificaron en especies diploides con 14 cromosomas somáticos (*T. aegiloppoides* y *T. monococcum*), tetraploides con 28 cromosomas somáticos (*durum*, *turgidum*, *polonicum*, *turanicum*) y hexaploides con 42 cromosomas somáticos (*aestivum*, *compactum*, *spelta*, *sphaerococcum*, *vulgare*).

Las primeras dudas surgieron al tratar de clasificar algunas variedades tetraploides como *T. turgidum* o *T. durum*, ya que las características morfológicas diferenciales tales como la anchura de quilla de las glumas, su redondez, la vitrosidad o farinosidad del grano, la anchura relativa del frente y perfil de la espiga o la longitud de las barbas, mostraban una variación gradual.

Llegó el momento en el que en las grandes mesas de selección de la Estación de Aula Dei, se extendió toda la colección de espigas de los trigos tetraploides, colocando en un extremo los típicamente *durum* y en el otro los típicamente *turgidum*, según los caracteres morfológicos, y pudo observarse una perfecta gradación de las espigas intermedias.

Por otra parte, los cruzamientos entre variedades *durum* y variedades *turgidum*, realizados con fines de mejora, daban origen a híbridos perfectamente fértiles y que en la meiosis mostraban un apareamiento perfecto con la formación de 14 bivalentes.

A partir de este momento cambió completamente nuestro concepto de especie dentro del género *Triticum* y estamos convencidos de que solamente hay tres especies de trigos cultivados: la diploide (*T. monococcum*), la tetraploide (*T. turgidum*) y la hexaploide (*T. aestivum*).

CONTESTACIÓN

Respecto a la delimitación de la especie como grupo de reproducción que en cruzamientos con otras especies no da descendencia o da origen a híbridos total o parcialmente estériles, nos referimos al hablar de las relaciones intraespecíficas, a la potencialidad de dar híbridos fértiles entre sus individuos, aunque en la naturaleza no se produzcan tales híbridos.

Se da el caso de que existan, dentro de una especie, dos grupos o razas, morfológicamente distintos y que no pueden fertilizarse los de un grupo con los del otro. Pero por métodos artificiales podrían obtenerse estos híbridos y así comprobar la esterilidad o fertilidad de los mismos.

No me resisto a citar el ejemplo que solía utilizar en mis clases de Genética.

Se trata del caso de dos razas de perros: los chiguagua y los San Bernardo, con enormes diferencias en forma y tamaño, lo que hace imposible la cópula entre macho de una raza y hembra de la otra.

Pero se puede recurrir a la inseminación artificial con el cuidado de utilizar como donante de semen a la raza chiguagua y como hembra a la raza San Bernardo, ya que el cruzamiento recíproco no conduciría más que a la muerte de la pobre perrita chiguagua por reventón durante su embarazo. Estoy convencido de que tal híbrido resultaría fértil.

Resumiendo, a pesar de que todavía hay que seguir trabajando para lograr una definición de especie que convenza a las varias escuelas biológicas, tendremos que seguir utilizando delimitaciones morfológicas, genéticas, citológicas, cit químicas, etc., para definir una especie y poder entendernos al hablar del material biológico con el que estemos trabajando.

Muchas gracias.



Este texto, fotocompuesto en el Real Jardín Botánico (Madrid, CSIC)
por *Bernardo Fernández Alcázar* —con la colaboración de
César Jiménez y Raimundo Pradillo— y revisado por
Gabriel Páez de la Cadena, acabó de imprimirse,
gracias a la generosa ayuda de *Miguel*
Aramburu, en los talleres de *Grá-*
ficas85, en Vallecas (Madrid),
el día de San Ildefonso,
veintitrés de enero
de dos mil
cuatro





REAL ACADEMIA DE CIENCIAS EXACTAS, FÍSICAS Y NATURALES

Domicilio de la Academia:

Valverde, 22 y 24. 28004 Madrid (España)

Tel.: +34 91 701 42 30

Fax: +34 91 701 42 33