

# Gaia

*Diosa griega de la tierra*

ISSN 1609-3844



---

## Taxonmanía

---



---

Núm. 9

Mes Noviembre

Año 2008

---

# Taxonmanía

**Jorge Luís Fontenla, PhD**

(Museo Nacional de Historia Natural,

La Habana, Cuba

[libelula@mnhnc.inf.cu](mailto:libelula@mnhnc.inf.cu))

*El mundo sangra mirando los crímenes que se cometen contra la naturaleza*

José Martí

*¿O me miran con tristeza y les doy pena, y acarician mis neuronas y mis venas?*

*¿Ustedes creen que estoy loco o que me fui del tema? Pregúntenle a ellos y a mis*

*ojos: escucharán, a través mío, algo que tiembla.*

Román Mazilli

***Oculus habent et non videbunt, aures habent et non audient, os habent et non loquentor<sup>1</sup>***

---

<sup>1</sup> <sup>1</sup> “Tienen ojos y no verán, tienen oídos y no oirán, tienen boca y no hablarán”. Del salmo “Salida de Israel”. Se aplica a quienes padecen de ceguera intelectual por cualquier motivo.

## LA BIODIVERSIDAD QUE SE EXTINGUE Y LOS TAXÓNOMOS QUE DESAPARECEN.

Este comentario se intitula “taxonmanía”, pero podría haberse llamado “biodiversidadmanía”, “taxonfilia” o alguna otra cosa por el estilo. De cualquier manera, estaría teniendo en mente a las especies, los taxones básicos de la diversidad biológica. Al respecto, WHEELER *et al.* (2004) nos alertan: “Nuestra generación es la primera en comprender plenamente la amenaza de la crisis de la biodiversidad y la última con la oportunidad para explorar y documentar la diversidad de especies de nuestro planeta. El gran reto biológico de nuestra era es construir un legado de conocimiento para un planeta que pronto será biológicamente diezmado”.

La diversidad biológica es el legado más antiguo de la humanidad. Somos la única especie capaz de apreciar este legado del cual también formamos parte. Simultáneamente, somos herederos, testadores y albaceas del patrimonio planetario. Cualquier fenómeno de la diversidad biológica tiene como referencia central a las especies. La disciplina de la biología que se dedica a explorar, descubrir, describir, nombrar, sistematizar, relacionar y clasificar las especies es la taxonomía. Por consiguiente, la taxonomía debería ser la disciplina referencial por excelencia para afrontar los problemas globales y locales que afectan la biodiversidad. Pero no es así. Intentemos comprender el por qué.

Vivimos en tiempos de paradojas y contrasentidos. La misma globalización que destruye al planeta también globaliza la preocupación por la destrucción del planeta. No sólo nos quedamos sin diversidad biológica, sin taxones, sino que nos quedamos sin conocer lo que desconocemos acerca de la biodiversidad.

Proliferan, lo cual es muy alentador, las reservas de la biosfera, los ecólogos, los biólogos moleculares y los programas de educación ambiental (por suerte no se llaman programas de educación medio-ambiental, pues daría la impresión de que serían únicamente para medio-educar a las personas en la conservación de la mitad del ambiente). Al mismo tiempo, acontece que van desapareciendo los

---

taxónomos.

WHEELER (2004) cree en la existencia de una conjunción de factores que señalan a este tiempo como el adecuado para un renacimiento de la taxonomía. Con toda justicia, Wheeler visualiza a tal disciplina como una ciencia excitante y no, como muchos piensan, un simple servicio de identificación para otros científicos. Tan sólo el considerar la necesidad de una identificación confiable de especies constituye una justificación más que notable para sustentar la taxonomía. A pesar de estas necesidades tan urgidas, la realidad de la taxonomía es otra muy diferente. Como expone WILSON (1999): “Se ha permitido que languidezca la taxonomía, mientras que otros campos importantes, como la biomedicina y la exploración espacial han florecido. Como el insuflado de vidrio y la manufactura de clavicordios, la taxonomía de muchas clases de organismos ha sido dejada en las manos de un pequeño número de especialistas valorados pobremente, quienes han tenido escasas oportunidades de entrenar a sus sucesores”. WILSON (2004) subraya que apenas existen 6000 taxónomos en el mundo. Tal cifra representa sólo una diminuta fracción de la comunidad de biólogos como un todo. Así, la taxonomía permanece como una de las disciplinas más débiles y menos financiadas de la biología.

De igual modo, RAVEN (2004) lamenta el doble hecho de la gran escasez de taxónomos y del número insuficiente de personas que están siendo entrenadas. En contraste, la cifra de estudiosos explorando variados aspectos de la biodiversidad es mucho mayor de lo que haya sido jamás. Por su lado, GODFRAY y KNAPP (2004) revelan una paradoja. La taxonomía “tradicional” es más barata que la biología molecular, lo cual podría ser una ventaja. Pero, al mismo tiempo, se tiende a pensar que tiene menos calidad y que prácticamente no necesita soporte económico. La taxonomía también se percibe como un sistema de conocimiento maduro que no se mueve al ritmo de otras disciplinas o subdisciplinas de la biología, como la genética molecular o la ecología. Muchos ven la taxonomía como una disciplina meramente descriptiva, incluso narcisista y autoritaria, ajena así a los preceptos de falsabilidad, predictabilidad de hipótesis y de experimentación que caracterizan a las ciencias “verdaderas”.

Semejante estado de opinión es muy preocupante, al enajenar y escindir innecesariamente la taxonomía “conceptual” de la taxonomía “tecnológica”. Por otra parte, ignora por completo el contenido teórico hipotético-deductivo y relacional de las hipótesis modernas de clasificación y nomenclatura.

CRISCI (2006) subraya que la taxonomía suministra el sistema de referencia más básico y de más amplio espectro de la biología. Es el más básico porque cualquier acción respecto a un organismo necesita ante todo su identificación y clasificación. Es también el más amplio al encargarse de reunir y resumir todo el conocimiento disponible: morfológico, geográfico, ecológico, genético, molecular, fisiológico etc. La era de la sistemática molecular y una serie de secuelas concomitantes, amenazan la existencia misma del imprescindible sistema de conocimientos que representa la taxonomía. Crisci expone las siguientes amenazas:

1. Desbalance de perspectivas y acciones donde se favorece la reconstrucción filogenético-molecular a expensas de la taxonomía, ignorando a la misma como un sistema de conocimiento.
2. Programas estrechos de investigación que ignoran muchos aspectos de la biología y fragmenta el conocimiento sistemático.
3. Educación no armónica de las nuevas generaciones de sistemáticos.
4. Depreciación de las colecciones biológicas como parte de una tendencia más amplia que se aleja del conocimiento de la biología de los organismos.
5. Ralentización del trabajo taxonómico, lo cual afectará la conservación de la biodiversidad.
6. Clima intelectual desfavorable al desarrollo de la taxonomía como ciencia.

Basados en Crisci, desarrollemos brevemente estas ideas.

1. **Desbalance**... La taxonomía se desacredita al malentenderse cómo trabaja, al asumirse que sólo es descriptiva. La taxonomía requiere descripción, eso es parte del dar a conocer nuevos organismos para la sociedad. También es descriptiva la revisión y actualización del conocimiento taxonómico. Por otra parte, los análisis moleculares son descriptivos, pues describen secuencias de bases. Sin embargo, no se valoran de igual manera. Como sistema de conocimiento, la taxonomía es un sistema teórico, con profundo contenido y rigor empírico y epistemológico. La práctica taxonómica requiere tanto de experiencia de campo y laboratorio como

de una educación y entrenamiento en la capacidad de *distinguir* y de *observar*, capacidades que resultan pilares para cualquier ejercicio en la ciencia.

El quehacer de la taxonomía incluye la clasificación, y un sistema de clasificación biológica es un sistema de hipótesis, no de meras descripciones mecánicas. La ubicación de un organismo en un sistema clasificatorio es una proposición de relaciones históricas, la cual predice que otros organismos por descubrir en el futuro con características semejantes compartirán un mismo antecesor común. El énfasis desmedido en las relaciones moleculares ha sido al costo de la pérdida de interés en la taxonomía general.

Otro aspecto relacionado es la sobrevaloración y dependencia del índice de citación científica (science citation index) o “factor de impacto”. La moda de la biología molecular crea relaciones de poder (económico, social, editorial) que se auto-refuerzan de continuo. La consecuencia es que estos estudios se hacen más “vistosos”. Sin embargo, tal perspectiva miope ignora por completo el hecho de que los estudios de taxonomía general tienen más larga vida y la posibilidad de ser más útiles y vigentes en el futuro que los estudios moleculares o ecológicos.

La interpretación de las filogenias moleculares suele variar según las secuencias moleculares que se analizan. Por su lado, las interpretaciones ecológicas se modifican al cambiar la misma realidad ecológica y las herramientas analíticas utilizadas.

**2. Programas estrechos...** Se enfatiza en el nivel molecular y no en el organismo. Ese es el discurso dominante. Se trata de molecularizar la taxonomía usando unos pocos o un único sitio del genoma. Con ello se pretende descubrir, caracterizar y distinguir especies o asignar individuos no identificados a alguna especie provisional. Esta modalidad es desaconsejable por razones tanto prácticas como teóricas. Las propiedades morfológicas, anatómicas, ecológicas y conductuales pueden estar de alguna manera representadas en el nivel molecular, pero son propiedades *emergentes*. Es decir, requieren ser estudiadas en su propio nivel de expresión biológica, no se recobran en las moléculas. Sin embargo, a ello no se le dedica ni mucho tiempo ni dinero.

Toda esta situación constituye un típico enfoque fragmentario-reduccionista hacia

los problemas de la naturaleza. Crisci establece una analogía con la visión humana. La visión del detalle la tenemos en una pequeña porción de la retina, la fovea. Si ésta es destruida, perdemos los detalles, pero permanece la visión general, que se fragua en la periferia de la retina. Sin embargo, si la periferia retinal es dañada, tampoco es posible identificar los detalles, los cuales pierden todo sentido. La sistemática taxonómica, con su énfasis en lo molecular, se encuentra perdiendo su indispensable contexto panorámico, su visión general, sin la cual tampoco es posible percibir los detalles.

3. **Educación no armónica...** Crisci contrasta el panorama actual con lo que SOKAL y ROHLF (1970) llamaron "el ignorante inteligente". Estos investigadores se preguntaron si la diferencia entre diferentes hipótesis de relaciones se debía más a la dificultad de seleccionar caracteres apropiados o a procesar información extensa y compleja. Si lo primero es cierto, entonces es importante la experiencia profunda en un grupo dado de organismos. Si lo segundo es lo fundamental, entonces cualquiera sin experiencia pudiera procesar los caracteres apropiados y proponer hipótesis satisfactorias. En otras palabras, cualquier ignorante en el grupo bajo estudio, pero entrenado en coleccionar muestras y en técnicas de computación, sería preferible a un experimentado taxónomo.

Al parecer, tal situación se está materializando a velocidades alarmantes. Medran nuevos sistemáticos especializados en reunir y procesar datos moleculares, pero sin un conocimiento real de los taxones y poca o ninguna instrucción en las faenas de la taxonomía. Ello significa desconocimiento y despreocupación por el trabajo con colecciones biológicas, por la identificación y descripción de taxones, por el conocimiento de caracteres morfológicos "gruesos" y "finos", y por el manejo y construcción de claves. Por consiguiente, nos encontramos ante una incapacidad de distinguir, diferenciar y relacionar taxones.

4. **Depreciación...** Es la subestimación del valor informativo de las colecciones: de los colectores de organismos, de sus localidades, de sus tiempos, del cambio en la fisonomía de los paisajes, en fin, de la historia de los grupos y de sus áreas geográficas y de los seres humanos que han hecho la historia de la taxonomía. Existen artículos acerca de filogenias moleculares donde no se ofrece

información alguna sobre el material revisado y donde los editores acotan la información de los ejemplares testigos como “material suplementario”. Semejante práctica es anticientífica, al eliminar la posibilidad de repetir y contrastar los procedimientos y resultados.

5. **Ralentización...** Es el llamado “impedimento taxonómico”. Resulta un círculo vicioso donde se agrandan los vacíos en el conocimiento taxonómico debido a la escasez de especialistas, causada a su vez por la desvalorización de la taxonomía, de la incomprensión de su importancia real y del escaso o nulo financiamiento para su práctica.

6. **Clima intelectual...** La taxonomía, como toda actividad humana, se desarrolla en un contexto social. Los discursos dominantes (no por sus méritos, sino por su poder) crean una “espiral del silencio”. El clima de opinión depende de quienes hablan y de quienes permanecen callados. Un sector domina la escena pública, mientras el otro desaparece del escenario subyugado por el poder dominante. El predominio de lo molecular convence a muchos de su supuesta mayor efectividad. La falta de oportunidades de hacer valer una taxonomía más integral y holista refuerza la falsa impresión de que las perspectivas moleculares ostentan un mayor poder intelectual y soporte político del que verdaderamente tienen. Los editores de las revistas científicas con su visión sesgada hacia el “impacto” intensifican aún más lo crítico de esta situación.

No resulta infrecuente que los taxónomos, hasta en sus propias instituciones, sean tratados con ojeriza más o menos velada y subestimación más o menos sutil. Así, se va engendrando una amnesia histórica, pues no es posible la aplicación de métodos tecnológicos sofisticados en la biología sin previamente conocer a los organismos sobre los cuales se aplican estos procedimientos. Tal conocimiento, a su vez, ha sido construido, acumulado y registrado a través de la historia de la taxonomía. De igual modo, se desarrolla y acrecienta una aguda ceguera selectiva donde se iguala avance tecnológico con progreso conceptual. La evolución del conocimiento es posible por la articulación e integración de ideas y quehaceres, por su contextualización, no a partir de bases reduccionistas y excluyentes.

## LAS BARRAS MOLECULARES

ANDRADE (2000) y ESCOBAR (2002) expresaron, preocupados, que la biología se desplaza hacia el determinismo y el atomismo genético. Asomémonos a este tema desde la perspectiva más particular de la taxonomía.

GODFFREY (2002) y BLAXTER (2004) defienden la idea de definir y diagnosticar especies mediante una secuencia molecular. O sea, mediante un sistema de código de barras (barcode). ¿Qué es este código de barras? HEBERT y GREGORY (2005) explican que el código de barras de ADN es un sistema designado para suministrar una identificación de especies rápida, segura y automatizada mediante el uso de regiones génicas cortas y estandarizadas, para de este modo fungir como etiquetas internas de las especies. La secuencia más utilizada es el COI (no es el Comité Olímpico Internacional, pero tiene una función muy semejante en la taxonomía). El COI es el gen para la síntesis de la enzima citocromo C oxidasa. BARRETT y HEBERT (2005) critican la taxonomía por descansar abrumadoramente en diferencias o semejanzas entre genitales, límites de determinación de especies y otras cosas semejantes. En vez de ello, proponen hacer lo mismo con el COI, sistema rector basado en un carácter único. TAUTZ *et al.* (2003) reconocen que la taxonomía enfrenta una crisis, pues cada vez hay menos especialistas disponibles. Estiman que el ADN debe ser el centro de un sistema de referencia taxonómico, aunque manteniendo la importancia de la información morfológica asociada con especímenes completos. En su criterio y del mismo modo que en la taxonomía tradicional, el objeto de referencia esencial en la taxonomía del ADN sería el ejemplar tipo. No obstante, después estipulan que uno debe estar preparado, en aras de la taxonomía del ADN, para dañar o destruir los ejemplares si ello fuera necesario. Por supuesto, antes se podría fotografiar a dichos ejemplares, lo cual no deja de ser un consuelo.

En palabras de MALLETT y WILLMOT (2003), el código de barras genético viene a ser lo mismo que su análogo en los supermercados. No resuelve el problema de las identificaciones, al basarse en un único carácter. Un gen en particular pudiera

no resultar informativo cuando las especies están muy estrechamente relacionadas. Estas especies suelen exhibir secuencias génicas idénticas o casi idénticas y su distinción requiere del análisis de diferentes regiones del genoma. La coalescencia genética fija con frecuencia alelos divergentes y también ocurre permanencia de polimorfismos, lo cual distorsiona las interpretaciones. Por su lado, MARSHALL (2005) resume que muchos no están convencidos que el código de barras funcione para todos los grupos.

TAUTZ *et al.* (2003) coinciden en lo esencial con lo anterior. Señalan que algunas regiones del genoma son más útiles que otras y afirman que los genes más usados en la taxonomía no son particularmente adecuados para diferenciar especies muy afines. Otros genes divergen muy rápidamente, pero entonces no son convenientes para determinar relaciones entre categorías superiores. El gen codificador del citocromo B mitocondrial es útil para ambas tareas, pero puede ocurrir transferencia mitocondrial entre especies muy cercanas genealógicamente. De igual modo, copias de genes mitocondriales son frecuentemente transpuestas al núcleo, creando así una confusión potencial.

En sentido general, Tautz y colaboradores aconsejan emplear diferentes secuencias para asignar algún estado taxonómico a los especímenes analizados. Dicho procedimiento también detectaría híbridos. Estos autores avizoran la probabilidad de que, según los grupos, así serán las secuencias moleculares analizadas, pues no parece necesario un acuerdo universal acerca del tipo de moléculas y genes a ser secuenciados.

Por su lado, BEARDSLEY (2005) sintetizó las ideas de una reunión efectuada en Londres en febrero del 2005. En el cónclave se reiteró que las especies hermanas o, en general, especies muy relacionadas, son usualmente las más importantes para una identificación adecuada, pero son justamente esas las que tienen mayores problemas con el sistema COI. En adición, el COI no parece desempeñarse muy bien con las plantas. También fue resaltado que los linajes de genes suelen tener historias independientes de la historia de las especies.

Beardsley no comparte la idea de crear definiciones provisionales de nuevas especies por el sistema COI. Para dicha autora, “un marcador estándar de

especies es excitante, siempre y cuando se pruebe su correspondencia con descripciones y clasificaciones formales... El COI desestima el contexto evolutivo de las especies". El proyecto de barcoding se inserta en un "Consortio por el Código de Barras de la Vida". En el criterio de algunos, esta iniciativa es excesivamente costosa y se encuentra "acumulando la vida en montones", dejando sin fondos a la taxonomía. Ello alude a la acumulación de información molecular, pero sin un conocimiento real de los organismos dentro de un contexto evolutivo-ecológico. Otro participante del conclave, D. Rubinoff, declaró: "La naturaleza es enmarañada, la identificación por un único carácter a través del código de barras es como retornar a las edades oscuras".

La taxonomía del COI significa reducir toda la complejidad de un organismo a su identificación por una parte infinitesimal de su genoma, exponen LIMBSCOMB *et al.* (2003). No existe ninguna razón creíble –prosiguen- para dar mayor peso a un único carácter genético, en contraposición con descripciones basadas en un gran número de datos y del análisis comparativo entre taxones. Las hipótesis taxonómicas predicen una distribución de características en un grupo de organismos. El ADN por sí mismo no es más que un patrón de semejanza entre secuencias de bases moleculares.

De modo coherente, WILL y RUBINOFF (2004) argumentan que los códigos de barra de ADN no pueden reemplazar la morfología para la identificación y la clasificación. Las historias de genes particulares pueden no coincidir con la historia de la especie, es decir, con la historia de todo su sistema génico. WHEELER *et al.* (2004) reafirman que el análisis morfológico es imprescindible en el estudio de los fósiles y para inspirar la búsqueda de explicaciones causales. Por otra parte, la información visual de formas y estructuras es ideal para la Web, para la consulta y comunicación universal entre taxónomos, pero todo ello ha sido enmascarado y distorsionado por el auge de lo molecular. Estos últimos autores concluyen que la confrontación de múltiples datos es lo más adecuado, así como la realización de monografías, revisiones y la facilitación de información virtual sobre floras y faunas.

WIENS (2005) opina que la morfología supervisa los resultados moleculares en la

“realidad”. Una vez más, enfatiza la existencia de resultados incongruentes entre árboles de genes y árboles de especies, sin contar con el hecho de que diferentes sitios moleculares pueden resultar en diferentes filogenias. Wiens considera –muy acertadamente en mi juicio- que si los sistemáticos no son capaces de identificar taxones depositados en colecciones, observados en el campo o mediante claves, en fin, a través de la práctica usual de la taxonomía, entonces la disciplina perdería su razón de ser y su utilidad básica. Wiens tilda de absurdo el reclamo de no utilizar la morfología para construir filogenias. Lo importante es el refinamiento de las metodologías y el realizar pruebas rigurosas de contrastación de resultados. Según Wheeler (2004), las filogenias moleculares no mejoran ni la clasificación ni la nomenclatura. La filogenia no puede estar divorciada de la taxonomía; ello socava la seguridad y el contenido informativo del lenguaje de la biología. El conocimiento taxonómico es esencial para una investigación biológica creíble. Sin el conocimiento de fondo sobre morfología, ecología y conducta, las filogenias moleculares tendrían un interés escaso o nulo para la ciencia. En su criterio, los filogenetistas moleculares se encuentran, en esencia, dilapidando el capital intelectual acumulado por los morfólogos desde el siglo XVI. Wheeler concluye que el código de barras de ADN es una herramienta potente para la identificación de especies, pero resulta un enfoque pobre para el descubrimiento y descripción de especies no conocidas y no descritas previamente.

BLAXTER (2004) ha llegado a proponer el reemplazo de los estudiosos de la taxonomía por técnicos, pues la formación de taxónomos profesionales es cara y lenta, y además cada taxónomo en particular sólo es capaz de conocer en toda su vida útil una diminuta fracción de la biodiversidad. Por el contrario, para Wheeler (2004) –y asumo que de igual modo para la mayoría de los biólogos razonables- tal situación es un incentivo más que suficiente para entrenar taxónomos, no para descansar exclusivamente en una tecnología teóricamente vacua.

En resumen y tal y como WHEELER (2005) explícita, la taxonomía no existe para preguntar ¿cuál es esta especie?, sino para explorar la biodiversidad. La taxonomía estudia la biodiversidad, identifica y relaciona especies, analiza sus distribuciones, relaciones, caracteres complejos y propone hipótesis clasificatorias.

A través de estas singladuras de exploración y descubrimiento, de conocimiento relacional, la taxonomía puede ser capaz de responder esa pregunta cuando la misma sea formulada de manera pertinente. Wheeler reitera que el código de barra es tan sólo una herramienta de identificación, posible únicamente por el conocimiento previo de hipótesis contrastadas o enunciadas a través de la praxis taxonómica. De igual modo, MEYER y PAULAY (2005) enfatizan que el procedimiento del código de barras necesita de sólidas bases taxonómicas.

Por su lado, DAYRAT (2005) aboga por una taxonomía integrativa, la cual incluya filogeografía, morfología comparativa, genética poblacional, ecología, desarrollo, conducta etc. WHEELER (2005) defiende también esta perspectiva. La taxonomía debe tener un enfoque integrativo y analizar múltiples caracteres, no sólo unos pocos marcadores genéticos. De otra manera, no existiría ninguna diferencia con el ya hace mucho tiempo desechado enfoque fenético, es decir, con una excursión hacia la futilidad.

Resulta irónico, comentan EBACH y HOLDREGE (2005), que el código de barras de ADN es muchas veces visto de importancia central en el esfuerzo por proteger la biodiversidad. La implicación parecería ser que únicamente números enormes de especies catalogadas, cada una con su secuencia exclusiva de ADN mitocondrial, motivará a los seres humanos para ganar, al fin, respeto por la vida; pero esta perspectiva no nos dice nada acerca de las criaturas que supuestamente debemos proteger. Tendría mucho más sentido invertir recursos en conocer mejor a los organismos completos y a sus ecologías.

LIPSCOMB *et al.* (2003) afirman con vehemencia: “Relegar la taxonomía, rica en teoría y conocimiento, por una industria de servicio de alta tecnología, sería un decidido paso atrás para la ciencia”. La disciplina debe adoptar aún más las ventajas de la informática, la digitalización y las técnicas de ADN para mejorar su praxis y su epistemología, no para ser desplazada por estos avances tecnológicos. Dichos autores, junto con WHEELER (2004), sugieren crear bancos de imágenes digitales de estructuras morfológicas complejas, semejantes al GenBank para secuencias moleculares. Así, los biólogos de campo podrían, mediante computadoras inalámbricas, identificar organismos *in situ*. También abogan por la

descripción de especies, la realización de monografías y la confección de claves en la Red, no necesariamente en revistas.

**LA NOMENCLATURA TAXONÓMICA Y EL PHYLOCODE**  
(<http://www.phylocode.org>).

Entre los objetivos fundamentales de la taxonomía se encuentran la clasificación y la nomenclatura. La *clasificación* comprende dos actividades básicas: el agrupamiento de entidades en *clases*, y el ordenamiento de estas clases en un *sistema jerárquico* (MAYR y BOCK, 2002). Una clasificación natural debe tener en cuenta las relaciones genealógicas, es decir, las relaciones de ancestría-descendencia común. Un sistema de nomenclatura es un grupo de convenciones que especifican y regulan la aplicación y el uso de los nombres. De manera superficial, se declara con frecuencia que la taxonomía tradicional no es un sistema de clasificación-nomenclatura evolutiva, pues la división en clases tiene un significado esencialista. ¿Tiene algún sentido esta consideración? Razonemos al respecto.

Para Platón y Aristóteles y, por consiguiente, para Linneo, clasificar era ubicar en clases, situar a las entidades en su lugar ontológico. Este lugar comprendía dos elementos lógicos: “el género próximo” y la “diferenciación específica”. Aristóteles precisó que los géneros eran atributos esenciales aplicados a una pluralidad de cosas que diferían entre sí específicamente. Así, el binomio nomenclatural linneano para designar a la categoría taxonómica basal, la especie, emerge directamente de una cosmovisión esencialista y fijista. De este modo, la ubicación en clases de las entidades no tiene que ver con sus relaciones de ancestría, de su historia, sino de sus atributos esenciales, inmanentes y eternos.

Sin embargo, la taxonomía moderna no es esencialista. Como reconoce Winsor (2003), el esencialismo de Platón, Aristóteles y seguidores requería de definiciones, las cuales debían delimitar la esencia de las clases. La esencia eran propiedades y características inmanentes, siempre presentes en los miembros de una clase. Las clases taxonómicas son *politéticas*, al demarcarse por una serie de características que no se encuentran necesariamente en todos sus miembros y, de estar presentes, tampoco tienen que estar expresadas de la misma forma.

Por ejemplo, los ofidios pertenecen al taxón Tetrapoda, pero carecen de extremidades. Los cetáceos, también tetrápodos, presentan tanto pérdida como transformación de extremidades ambulatorias en aletas. La inmensa mayoría de los Chordata sólo exhibe el notocordio en sus estados embrionales. El hecho de estar la clasificación genealógica basada en el concepto de *monofilia* elude el esencialismo y, como una consecuencia natural, las clases taxonómicas suelen ser politéticas.

Existen dos perspectivas relacionadas con el concepto de monofilia: la darwiniana y la hennigniana. Un taxón monofilético (*sensu* Darwin) es aquel que comprende los descendientes de un antecesor común más reciente (ACMR). La monofilia *sensu* HENNIG (1966) u *holofilia*, es aquella condición que contiene a *todos* los descendientes de un ACMR, incluyendo a este último. Ello establece dos filosofías distintas en la clasificación taxonómica y en la manera de concebir el desarrollo de los procesos evolucionarios.

La práctica usual de la taxonomía cladista no admite la delimitación de taxones parafiléticos. Un taxón parafilético es aquel que contiene sólo una parte de los descendientes de un antecesor común a todos los miembros del taxón. Sin embargo, es posible distinguir dos clases de taxones parafiléticos. En uno de los casos, el taxón parafilético delimitado también delimita en el cladograma otro taxón parafilético. Este sería una interpretación errada de la realidad filogenética. En el otro caso, el taxón parafilético delimita un clado o grupo monofilético. En este último ejemplo, el taxón parafilético distinguido y delimitado sería un grupo monofilético *sensu* Darwin, o sea, un grupo natural, y constituiría así una clasificación legítimamente genealógica.

En el cladograma hipotético de las especies A-G (Fig. 1), es factible delimitar los taxones **1** (A-C), **2** (A-D) y **3** (D-G). El taxón **3** es monofilético (holofilético) y se origina a partir del ACMR marcado en el nodo **Z**. El taxón **2** es parafilético. Su ACMR es **X** y deja fuera a una parte de los descendientes de **X** (especies E-G). En otras palabras, delimita otro taxón parafilético (E-G). Este taxón es un artefacto taxonómico, no es un grupo natural. El taxón **1** sería parafilético por el concepto de holofilia, pero es monofilético *sensu* Darwin, pues delimita un taxón monofilético

(holofilético) en el cladograma (D-G). Estas relaciones indican que el ACMR del taxón **3** (**Z**) se originó a partir de **Y**. En conclusión, el taxón **1** constituye un grupo natural y sus especies pueden ser perfectamente distintas, morfológica y ecológicamente, del taxón que origina (taxón **3**).

Prácticamente con cada análisis filogenético se revela que unos grupos se originan dentro de otros grupos (PEARSE, 1998). Tal es el caso de Reptilia, que originaron a aves y mamíferos o el de Artiodactyla, antecesor de Cetacea o Rotifera de Acantocephala, Turbellaria de otros platelmintos, y otros muchos casos posibles de encontrar en la literatura. En palabras de PEARSE (1998), los taxones parafiléticos “ofrecen una perspectiva fascinante para el desciframiento de los patrones evolucionarios”.

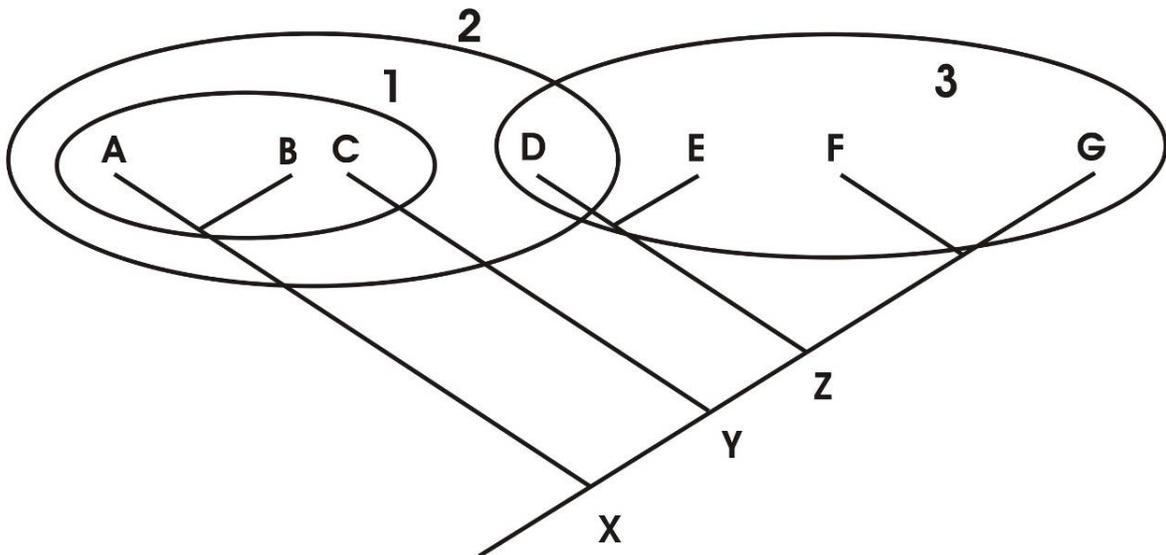


Fig. 1. Relaciones de holofilia, monofilia y parafilia entre los taxones **1**, **2** y **3**. Ver texto. **X**, **Y** y **Z** son antecesores comunes hipotéticos.

En la nomenclatura cladística, estos taxones no son aceptados, o son definidos en términos de exclusión, como un no-grupo. Por ejemplo, de QUEIROZ y GAUTHIER (1990) definieron Reptilia como “el ACMR de Mammalia y Aves, excepto Mammalia y Aves”. Así, Reptilia es tratado como subordinado a su descendencia, lo que genera confusiones y visiones extremistas y distorsionadas sobre la evolución. De igual modo, sugiere la impresión de que la descendencia tenga efectos retroactivos sobre sus antecesores, lo cual no tiene sentido (MAYR

y BOCK, 2002).

MAYR y BOCK (2002) plantearon que todas estas variantes de enfoques cladista-filogenetistas no son sistemas de clasificación, sino de ordenamiento, pues sólo se ocupan de la determinación de clados. Estos clados no satisfacen muchas veces la condición de clases. A este sistema de ordenamiento le denominaron *cladificación*. En la cladificación sólo es necesario satisfacer, como enfatiza DE QUEIROZ (1997), el principio de descendencia para la delimitación de taxones. Según subrayan Mayr y Bock, una clasificación darwiniana es tan genealógica como una cladificación, excepto que es una genealogía de grupos (monofiléticos) y no necesariamente de clados (grupos holofiléticos). La delimitación de clases tiene en cuenta la compartición de homologías y los resultados del proceso de la evolución. De esta manera, es posible clasificar a las aves y a los mamíferos como grupos diferentes de los reptiles y reconocer a estos últimos como un taxón con personalidad propia.

De acuerdo con KNOX (1998), la clasificación cladista es un *oximorón* (sistema torpe y contradictorio), porque carece por completo del concepto de clase necesario para construir una clasificación. Si la evolución es descendencia con modificación, es decir: diversidad + genealogía + ecología; entonces la clasificación darwiniana es también una clasificación evolucionaria. Por su parte, HULL (2001) asevera que la clasificación basada exclusivamente en clados no es funcional, debido a que las relaciones estarían en estado de flujo según el cladograma. De hecho, en un conjunto de cladogramas igualmente parsimoniosos la topología de los clados es diferente. Para Hull, lo funcional en una clasificación son los caracteres. Los caracteres no fluyen y admiten una parafilia "natural", o sea, una monofilia darwiniana. Los caracteres pueden ser integrados en un sistema filogenético-linneano. En realidad, un cladograma no es más que una representación jerárquica de la distribución de caracteres entre un conjunto de taxones.

HORANDL (2006) expone que los taxones definidos por monofilia estricta (holofilia) pueden dividir artificialmente grupos monofiléticos más viejos por el origen de sus descendientes, o forzar juntos grupos de descendientes dentro de

partes de grupos más viejos. Estos grupos no serían más naturales que los parafiléticos del primer tipo visto arriba. Un ejemplo clásico es la escisión de los reptiles tradicionales y el concepto de dinosaurios aviares para las aves. El sistema de clasificación linneano-darwiniano –subraya Horandl- refleja mejor la diversidad y complejidad de los procesos evolutivos.

En la nomenclatura filogenética (PhyloCode) los nombres son libres, al no encontrarse asociados a una jerarquía, a un rango taxonómico. Los nombres se definen según la posición del taxón nominado en un cladograma de referencias (resumen y referencias en FONTENLA, 1999, 2004). DE QUEIROZ (2006) expone que la taxonomía tiene que ver con taxones, mientras la nomenclatura con sus nombres, siendo de este modo independiente de la taxonomía. Así, la composición de taxones correspondiente a un nombre sólo variaría cuando cambiase la filogenia de referencia. De Queiroz y seguidores han insistido que ello promueve mayor estabilidad taxonómica con relación al sistema de rangos tradicional. Sin embargo, las topologías de los cladogramas, sobre todo los basados en análisis moleculares, son más propensas al cambio que las fluctuaciones de los taxones dentro de un sistema de categorías.

LAURIN *et al.* (2005) también defienden al PhyloCode como un sistema superior para suministrar sentido y estabilidad en el nombramiento de los taxones. El PhyloCode puede nombrar clados individualmente sin cambiar los rangos.

Argumentan que en el sistema tradicional los nombres son susceptibles de cambiar no sólo como resultado de revisiones filogenéticas, sino por cambios puramente subjetivos en los rangos taxonómicos.

Aquí disiento por partida doble. El PhyloCode no puede ni cambiar ni dejar de cambiar rangos porque, sencillamente, no reconoce rangos. Por otra parte, ningún cambio en el sistema tradicional, es “puramente” subjetivo. Los cambios no se hacen por capricho o debido a que el taxónomo desee entretenerse. Los cambios se hacen siguiendo una racionalidad, una argumentación. Si el cambio no tiene sentido o está pobremente argumentado, representa un pobre ejercicio de práctica taxonómica. La taxonomía tradicional, como sistema de conocimientos, no es ni pobre, ni caprichosa. La mediocridad posible no reside en la taxonomía, sino en

sus practicantes. Existen taxónomos mediocres del mismo modo que existen músicos, escritores, investigadores o actores mediocres.

Como precisa BENTON (2000), la nomenclatura tradicional asocia un nombre a un rango, lo cual genera potencialmente inestabilidad por diferencia de criterios en un momento de reajustes. Por otra parte, el PhyloCode pierde información y genera inestabilidad por diferencias entre hipótesis filogenéticas.

NIXON *et al.* (2003) no creen que el sistema tradicional sea esencialista. En sus palabras, el PhyloCode invita al caos y con tal sistema uno necesita únicamente un buzón para recibir algún material, extraer un poco de ADN, correr el PAUP y comenzar a nombrar toda la miríada de clados que es dable encontrar en un cladograma. Ni siquiera uno tiene que ser capaz de identificar ninguna de las especies en los clados nombrados. Quizás –espetan- este es el objetivo real del PhyloCode. Por su lado, ALEXANDER (2002) decide que es difícil imaginar el PhyloCode como una alternativa viable respecto al sistema tradicional, mientras WHEELER (2004) endosa que lo que el PhyloCode dice hacer, pues no necesita ser hecho, y lo que dice que hace, entonces no lo hace.

Otra propuesta consiste en la supresión de la nomenclatura binomial para las especies. Por ejemplo, SCHANDER y THOLLESSON (1995) consideran que cualquier especie, verbigracia, *Polycera quadrilineata*, pudiera ser referida como Polycera Quadrilineata, Nudibranchia Quadrilineata, Gastropoda Quadrilineata, o cualquier otra posible combinación para suministrar información acerca de la filogenia de referencias, como podría ser Gastropoda Polycera Quadrilineata. En su expresión uninomial, *Polycera quadrilineata* (Miller, 1776), sería Quadrilineata Miller, 1776.

GRAYBEAL (1997) sugiere unir los nombres genéricos y específicos. Así, *Clanopodium vulgare* sería clanopodiumvulgare. CANTINO *et al.* (1999) propugnan una serie de variantes nomenclaturales. Por ejemplo, la golondrina *Sturnus vulgaris*, podría pasar a *vulgaris*, o si este nombre ya está asignado a otra especie, entonces se escribiría *vulgaris2*, *vulgaris3*, etc. También sería factible *Sturnus vulgaris2*, *Sturnus/vulgaris2*, (*Sturnus*)/*vulgaris2*, *vulgaris2* (*Sturnus*) ó *Sturnus: vulgaris2*.

Sin comentarios.

Para BENTON (2000), el binomio nomenclatural es informativo de relaciones. Si la información del género se pierde, entonces los nombres son entidades abstractas sin significado alguno a menos de estar asociados a un cladograma de referencia. La tarea primordial de la taxonomía es crear un sistema utilitario y estable, basado en grupos monofiléticos sensu Darwin. WHEELER (2004) declara algo semejante y, en adición, pronostica que el sistema de clasificación y nomenclatura tradicional estará en amplio uso aún mucho después que el PhyloCode no sea más que una nota curiosa sobre la historia de la taxonomía.

Lo cierto es que toda la enorme información taxonómica sobre la biota conocida del planeta se encuentra en nomenclatura binomial. No tendría ningún sentido abolirla. Por otro lado, una posible reestructuración de la información traería aparejado un tremendo esfuerzo y tiempo invertidos para sólo generar caos y confusión. Al divorciar el PhyloCode la nomenclatura de la taxonomía, los nombres se estabilizan en un sentido metafísico<sup>1</sup>, sin referencia a un taxon en particular. El resultado es un producto esencialista, justamente lo contrario a lo postulado por sus paladines.

GODFRAY y KNAPP (2004) realizan una serie de reflexiones, de las cuales expongo un resumen. La liberación de rangos taxonómicos desecha al mismo tiempo la información y el marco referencial contenido en dichos rangos. Por ejemplo, un ecólogo puede trabajar con claves o ilustraciones a nivel de familia en grupos dificultosos como los coleópteros. El binomio género-especie resulta utilísimo en guías de campo, enciclopedias alfabéticas etc. Reinventar la nomenclatura sería alienar a la mayoría de la gente que usa la taxonomía. Muchas veces los taxónomos son vistos por otros colegas como personas que hacen un trabajo valioso, pero con el hábito irritante de cambiar nombres sin ningún propósito aparente. Pudiéramos imaginarnos cómo sería la imagen de la taxonomía de reajustarse el sistema nomenclatural completo.

Godfray y Knapp se preguntan: ¿Qué quiere la gente de la taxonomía? Y a continuación se responden: clasificaciones y posibilidades de identificación

estables, asequibles, informativas y además filogenias confiables. ¿Qué no quiere la gente de la taxonomía? A esta pregunta contestan así: seguramente cambio por amor al cambio. Luego de este intercambio concluyen: ambos deseos resultan compatibles con el sistema tradicional, no con el PhyloCode.

Como sostiene HULL (2001), clasificar es un ejercicio que comprende tanto nombrar como clasificar. En el sistema linneano, los nombres tienen el conflicto de la estabilidad con su contenido filogenético o informativo. En el PhyloCode, los nombres mantienen su estabilidad no obstante cualquier cambio, porque se encuentran divorciados de todo contenido filogenético. La nomenclatura y la taxonomía en este sistema se encuentran completamente desunidas. Desde este punto de vista, el PhyloCode no representa en absoluto un sistema de clasificación. El propósito de la nomenclatura es servir a la taxonomía. Si la taxonomía de un grupo se encuentra en flujo, así será su nomenclatura. Hull considera que es imprescindible nombrar tanto las especies como las categorías superiores. De no contar con algún marco de referencia categorial para un taxón, no sería posible comunicar conocimiento acerca del mismo.

No debemos perder la perspectiva de percibir la taxonomía como un sistema de conocimiento integrado de nomenclatura y clasificación. La taxonomía debe comunicar información sobre clases nominadas. La clasificación es un sistema relacional. Si los nombres de las clases determinadas (taxones) no se encuentran dentro de un marco relacional adecuado, la información estaría mutilada y confusa. En conclusión, la taxonomía conforma un sistema donde el acto de nombrar y el acto de clasificar no pueden estar desunidos, sino, por el contrario, deben estar articulados coherentemente. La taxonomía es un sistema de nomenclatura↔clasificación.

### LA TAXONOMÍA Y LA “TERCERA CULTURA”.

En 1959, C. P. Snow escribió el libro “Las Dos Culturas”. Su mensaje principal fue el llamar la atención sobre la visión dualista y disyuntiva de la cultura, escindida entre las ciencias “puras” por un lado y los “intelectuales” o representantes de las humanidades o ciencias antropológicas por el otro. Los científicos no eran considerados intelectuales. Todavía hoy día muchos lo ven así. La raíz de este dualismo es profunda y antigua, anclada en el mismo corazón de la modernidad; tiene que ver con el gran legado de Bacon, Descartes, Newton y otros tantos ilustres pensadores que vivieron entre los siglos XVII y XVIII. Ellos nos legaron una manera de hacer ciencia y de ver el mundo.

La Modernidad nos legó un Método: el análisis reduccionista de los sistemas, la disyunción y el dualismo entre lo objetivo y lo subjetivo, el conocimiento como representación y símbolo, la pretensión de un acceso privilegiado al conocimiento objetivo de la naturaleza. Como NAJMANOVICH (2002) nos alerta, hemos vivido bajo el “hechizo del método”.

LEVINS y LEWONTIN (1985) denunciaron hace más de 20 años una tendencia aún más intensificada en nuestros días: “El enorme éxito del método y la visión cartesiana de la naturaleza, resulta en parte de un camino histórico de menor resistencia. Los problemas que sucumben al ataque se persiguen con mayor vigor, precisamente porque ahí funciona el método. Otros problemas y otros fenómenos se dejan de lado, alejados de la comprensión por el compromiso a favor del cartesianismo...Así, los problemas que plantea la comprensión del desarrollo embrionario y psíquico, o la estructura y función del sistema nervioso central permanecen más o menos en el mismo estado insatisfactorio en que se hallaban hace cincuenta años, mientras los biólogos moleculares van de triunfo en triunfo describiendo y manipulando genes”.

De manera similar, CAPRA (1996) discurre: “Este triunfo de la biología molecular derivó en la creencia generalizada de que todas las funciones biológicas pueden ser explicadas en términos de estructuras moleculares y mecanismos. De este

modo, la mayoría de biólogos se han convertido en fervientes reduccionistas, ocupados en detalles moleculares. La biología molecular...se ha convertido en un omnipresente y excluyente modo de pensar que ha conducido a una grave distorsión en la investigación biológica. Mientras los biólogos son capaces de conocer la estructura precisa de unos pocos genes, saben muy poco de los modos en que dichos genes se comunican y cooperan en el desarrollo de un organismo... Si bien es cierto que todos los organismos vivos están hechos en última instancia de átomos y moléculas, son *algo más* que átomos y moléculas”.

Por su lado, GOULD (2002) consignó: “Por consiguiente, los organismos deben ser explicados como organismos, y no como una sumatoria de genes... El fallo del reduccionismo no marca el fallo de la ciencia, sino solamente el reemplazo de un conjunto de asunciones inoperantes en última instancia por estilos de explicación más apropiados que estudien la complejidad a su propio nivel y respete la influencia de historias únicas”.

Hoy se habla de desarrollar una “tercera cultura”, es decir, un conocimiento articulante entre lo científico y lo humanístico. La demanda consiste básicamente en terminar con la visión disyuntiva-dualista y reduccionista que nos legó la ciencia de la modernidad, todavía hoy con férula planetaria. Se intenta buscar una articulación entre lo social, lo psíquico y lo físico-biológico. La pretensión es reconocer lo antropológico en las ciencias de la naturaleza (el marco social y psíquico de la investigación) y las manifestaciones físicas comunes para muchos fenómenos sociales y psíquicos. Significa también un llamado al análisis de los sistemas como globalidades integradas, no valorarlos en exclusiva desde la perspectiva de una sola o de unas pocas de sus partes.

MICULECKI (2001) resume que la ciencia “dura” o ciencia “fuerte” es el paradigma de la dinámica mecanicista newtoniana, construido sobre el reduccionismo y el dualismo de Descartes. Esta situación es semejante a la existente entre la taxonomía “molecular” y la taxonomía “tradicional”, donde se observa un cisma, en lugar de una articulación natural y coherente. Tal articulación y coherencia sería el cumplimiento de la “tercera cultura” en la taxonomía. Esta vía es también una instancia para terminar con la ilusión desatinada, con las idolatrías mentales.

## LA TAXONOMÍA Y LOS ÍDOLOS DE LA MENTE.

La taxonomía y los taxónomos están sufriendo las consecuencias de la gran idolatría de nuestros tiempos, de las ilusiones no pertinentes, de los seres y fantasmas mentales, de los ídolos de la tribu y de la cueva, del mercado y del teatro. Los viejos ídolos de la modernidad se rejuvenecen y reaniman con las ofrendas contemporáneas, cotidianas y pingües, ante sus altares.

Para una mejor comprensión, escuchemos a MORIN (1999): “El conocimiento conlleva siempre el riesgo del error y la ilusión, del vacío del conocimiento pertinente. Para que el conocimiento sea pertinente se debe integrar el objeto en su contexto, en su globalidad. El mayor error sería subestimar el problema del error; la mayor ilusión sería subestimar el problema de la ilusión... La racionalidad crítica sobre los errores e ilusiones de las creencias, doctrinas y teorías es el mejor baluarte contra el error y la ilusión. Sin embargo, la racionalización toma las mismas fuentes de la racionalidad, pero constituye una de las fuentes de errores y de ilusiones más poderosa... Un sistema de ideas que obedece a un modelo mecanicista y determinista para considerar el mundo no es racional sino racionalizadora. La verdadera racionalidad... dialoga con una realidad que se le resiste... Es el fruto del debate argumentado de las ideas y no la propiedad de un sistema de ideas”.

MORIN (1993) nos enseña a distinguir entre lo racional y lo racionalizado: “La racionalidad es el camino que avanza y rectifica, reconoce sus faltantes y sus yerros; descubre nuevas zonas... La razón es abierta al accidente y la sorpresa, a la ignorancia misma. La racionalización es la etapa imperialista de la razón desbocada y autosuficiente; razón que, contra lo previsto, desde sus orígenes consagradorios ha sido habitada por sus propios mitos y desequilibrios”. Del mismo modo, la biología evolutiva de nuestros días ha nutrido el mito del gen egoísta y la metáfora de los organismos como robots. Ilusiones ancladas, consciente o inconscientemente, en el más puro pensamiento cartesiano. Así, el pensamiento molecular puede establecer discursos de poder racionalizantes.

Karl Marx consideró que la mente producía “seres independientes dotados con cuerpos particulares en comunicación con los humanos y entre ellos”. De manera coherente, MORIN (1999) reconoce que se ha constituido un mundo psíquico relativamente independiente donde se fermentan necesidades, sueños, deseos, ideas, imágenes y fantasmas. Tal mundo virtual se infiltra en nuestra visión o concepción del mundo exterior. Nos llenan de ilusiones y de errores, de seres fantasmagóricos.

Mucho antes que estos pensadores, Francis Bacon, en la tercera década del siglo XVII, había realizado una clasificación singular de impedimentos mentales o falacias intelectuales, a las cuales llamó “ídolos que invaden las mentes de las personas”. Un ídolo de la mente es una fijación psicológica, una poderosa realidad virtual, a través de la cual se traduce la realidad objetiva. Percibo una insoslayable vigencia y analogía entre esta idolatría mental con la situación actual de la taxonomía, rodeada por un marco hostil psico-social. La humanidad no ha cambiado mucho en su condición idólatra. Repasemos así los veteranos ídolos de Francis Bacon y comprobemos su actualidad.

### **LOS ÍDOLOS DE LA TRIBU (DE LA NATURALEZA HUMANA)**

Son los ídolos globales de nuestra gran “tribu” o raza y se expresan como tendencias comunes de exageración, distorsión y desproporción. La comprensión humana es como un espejo grotesco, que distorsiona y deforma la naturaleza de las cosas al mezclar su propia naturaleza en el reflejo. De este modo, las personas son afectadas por lo que desean creer y por lo que esperan ver. Siempre se buscan patrones y evidencias que soporten sus conclusiones. Existe la tendencia a simplificar las cosas y a generalizar. Por lo general, las emociones dominan las razones. En la taxonomía están prevaleciendo los habitantes de una tribu, la tribu de los reduccionistas tecno-científicos.

La realidad también tiende a interpretarse desde los prismas particulares de oficios o profesiones. Cuando Jesús toma el pan y el vino y le dice a sus discípulos: “Tomad esto en conmemoración mía, porque es mi cuerpo y mi sangre”, un psicoanalista como Sigmund Freud lo imagina como un psicópata masoquista. Sin embargo, un biólogo, THOMPSON (1992), lo describe como un poeta soñador

con una visión ecológica de la vida que, a través del mito y el símbolo, expresa que toda vida es alimento para otro.

### **LOS ÍDOLOS DE LA CUEVA (DE LA CONSTITUCIÓN INDIVIDUAL)**

Las personas ven las cosas sobre las bases de su conocimiento especial y opiniones, intereses y pasiones particulares. Las mentes son como cavernas. Cada cueva tiene su propia vida, su propio ambiente, su propio desarrollo y evolución. Los pensamientos vagan por ella y se modifican en dependencia de la educación, el temperamento, el hábito, el ambiente y los azares. Estos ídolos son influidos por las conversaciones que mantienen los sujetos y sus lecturas, y por el criterio de las autoridades que se estiman más veraces o que el individuo admira más. Un grupo de individuos favorecen el todo con la exclusión de las partes y viceversa. Es decir, algunas personas son reduccionistas y otras holistas.

### **LOS ÍDOLOS DEL MERCADO (DE LAS PALABRAS)**

Son ídolos procedentes de las palabras, las cuales suelen ser malentendidas, mal usadas o utilizadas con diferentes sentidos e intenciones. Según su valor de uso, como los productos en un mercado, las palabras tienen un significado variado que se desvalorizan o encarecen según las circunstancias socio-culturales. Las palabras se imponen por el consenso entre la gente, y eso puede darles un valor distorsionado, como sucede con las jergas. Es también el obtener, por medio del discurso elocuente, un objetivo manipulado a través de la impresión de los escuchantes y no por la profundidad del pensamiento expuesto.

La biología está plagada de ídolos del mercado, de íconos con valor fluctuante. ¿Ejemplos?, el nicho, la lucha por la existencia, la competición excluyente, el gen egoísta, el código de barras. Es justamente lo que está ocurriendo con la sistemática molecular y la depreciación de la taxonomía. Por su valor en el mercado, por la propaganda, prevalece el poder de discurso de aquella.

### **LOS ÍDOLOS DEL TEATRO (DE LOS FILÓSOFOS ACEPTADOS)**

Son ídolos emanados del darle valor a determinadas apariencias externas, pero que no son las realidades en sí, como cuando una persona escenifica un personaje. Estos obstáculos a la comprensión surgen de sistemas de filosofía, religiones, tradiciones, políticas o educación. Es la aceptación sin cuestionamiento

de ideas debido a la credulidad ingenua, por apego a la tradición, o bien por negligencia o ignorancia. Es también un resultado de la imposición de ideas mediante el uso del poder político o económico. Son sistemas que representan mundos de su propia creación en un escenario irreal, construido al efecto. Los ídolos del teatro son también ídolos paradigmáticos, de ideas profundamente arraigadas en el ámbito de los distintos saberes. Representa, en definitiva, el poder de los paradigmas vigentes. Vivimos en grandes puestas en escena de la biología molecular y de depreciación de las actuaciones de la taxonomía como sistema general integrado de conocimiento.

### LA TAXONOMÍA COMO CIENCIA-ARTE

Se habla de un principio de ciencia-arte como consecuencia del pensamiento transdisciplinar y articulante que demanda la “tercera cultura”. Novo (2002a) nos recuerda que el artista es aquel que pone orden en un cosmos desordenado. Esa es la tarea de la taxonomía. SIMPSON (1961) expresó que la clasificación debe ser un *arte* útil. MAYR y BOCK (2002) admitieron que la idea de la clasificación como arte resulta conflictiva con la opinión generalizada de su “objetividad”. Pero la objetividad nunca está garantizada. Las filogenias son “objetivas” porque son resultado de un proceso natural-histórico: la evolución. Pero cualquier hipótesis filogenética conlleva incertidumbre. Los taxónomos, siguiendo determinados métodos y principios, construyen hipótesis filogenéticas probables, pero nunca tenemos la certeza de que dichas hipótesis sean las “verdaderas”.

En la distinción de todo sistema siempre alienta un principio de incertidumbre y tal incertidumbre es un principio de *arte* (MORIN, 1993). La taxonomía confronta la incertidumbre de la realidad posible de las hipótesis de relaciones que enuncia. La taxonomía representa el arte de inferir las relaciones que conforman la organización de un sistema; en este caso, las relaciones entre organismos en un sistema de clasificación filogenética. Las clasificaciones no están dadas en un cladograma, sino que se construyen a partir del mismo sobre la base de la interpretación que acerca de ese grupo en particular tengan los taxónomos. Vale acotar aquí la conocida frase del célebre filósofo Friedrich Nietzsche, “no existen hechos, sólo interpretaciones”.

Richard P. Feynman, Premio Nobel de Física, afirmó que la ciencia sólo tiene respuestas aproximadas y creencias posibles con grados diferentes de aproximación, pero nunca podemos estar absolutamente seguros de algo. En la ciencia, como en el arte, lo posible asoma a través de la exploración, del misterio del descubrimiento. Ambos sistemas de conocimiento expresan una actitud de duda ante lo creado, ante los sistemas de ideas y creencias establecidos. De la única certidumbre que no se duda es de la certeza de la provisionalidad de la certidumbre. La ciencia y el arte aceptan la incertidumbre de la realidad, se nutren de la realidad de la incertidumbre.

Por otra parte, SÁNCHEZ (1999) nos dice: “El arte, por su variabilidad inmensa, por su radical libertad, se resiste a una definición. Del arte sólo cabe inquirir qué hace, y no qué es, porque el arte es un dispositivo de resistencia y así asume el deber de resistirse a que lo identifiquen...Por su variabilidad, reactividad y complejidad, la obra de arte produce un quiasmo. Es decir, cruza dos movimientos complejos: yo sé lo que quiero decir (un porvenir inscrito en el pasado), pero no lo sabré hasta que no lo haya dicho (un pasado inscrito en el porvenir). El arte permite una reflexión sin concepto, pero a partir de la apariencia del concepto, donde accedemos a la asociación libre, a la contingencia y aun a la indeterminación, pero en un contexto de sentido inagotable”.

Lo anterior nos conduce, de manera irresistible, a pensar en la especie, el taxón basal, que se resiste a cualquier definición única, a cualquier concepto constrictor, pero que no es posible distinguirla fuera de los conceptos, de su organización y de su estructura como meta-sistema poblacional, genealógico, de su realidad ecológica y espacial. No existe ningún concepto que nos permita establecer una distinción taxonómica, no existe un concepto que lleve por sí mismo a un sistema de clasificación biológica. Pero no es posible distinguir y clasificar enajenados de conceptos, los cuales articulan el proceder práctico con los procesos generativos del pensamiento. No es fuera de los conceptos, pero tampoco dentro de un concepto, como podemos aprehender las realidades complejas, que por ello también devienen perceptibles como un evento de arte.

NOVO (2002a), nos dice que la ciencia estudia lo visible, mientras el arte es la

intuición de lo invisible. La intuición es originaria, genésica; el conocimiento y las distinciones que construimos y realizamos devienen experiencias estéticas y por consiguiente también artísticas. Del mismo modo, cuando un taxónomo distingue o describe una especie, cuando sistematiza y clasifica, también se encuentra realizando un ejercicio intuitivo de la realidad. Se encuentra intuyendo y asimilando lo “invisible”, es decir, la organización, los ocultos, pero no por ello menos reales, vínculos genealógicos embebidos en un sistema histórico de ancestría-descendencia, de un sistema de linajes, de los cuales el observador sólo percibe una parte pequeña, posiblemente ínfima.

Como expone CASANOVA (2004), el conocimiento del futuro se basa en “la historia de la construcción de sentidos”. Ningún sistema de conocimiento alternativo se puede construir sin ello. Al respecto, el premio Nobel Ilya Prigogine enunció: “Las ciencias como narrativas corresponden a la historia de la construcción de sentidos y a la construcción de relaciones estructuradas en torno a metas con la investigación y aplicación de medios y medidas para alcanzar objetivos”.

La taxonomía se ajusta a tales requerimientos. El taxónomo se encuentra, ante todo, construyendo sentido basado en el conocimiento previo y en el suyo propio, en su intuición, embebido en un sistema de conceptos con múltiples asociaciones de sentido. La nomenclatura es la ciencia y el arte de buscar nombres para grupos naturales de organismos. No debe ser un ejercicio racionalizado como propone el PhyloCode, sino un arte racional, con búsqueda en un sentido relacional. Ante el distinguir, clasificar y nombrar, el taxónomo pudiera decir como el poeta-cantor Silvio Rodríguez:

*Estoy buscando una palabra en el umbral de tu misterio  
Estoy buscando melodía para tener como llamarte*

La ciencia y la sociedad actuales se caracterizan por el reforzamiento de fronteras, desafiantes de la unidad de lo real, lo cual conlleva a la pérdida del sentido de la totalidad (NOVO, 2002b). La demarcación de fronteras por parte de la ciencia ha convertido a la naturaleza en el “medio-ambiente”; por consiguiente, en algo externo a los seres humanos, que somos resultado y parte de la naturaleza. El

medio-ambiente es una esperpéntica ultra-redundancia que indica algo doblemente externo y extraño a nosotros; es una dicotomía dicotomizada, una dualidad dualista. En otras palabras, se pierde el sentido de totalidad o globalidad sistémica entre los seres vivos y sus ámbitos de relaciones, de la unidad sistémica organismo-entorno (LAVANDEROS y MALPARTIDA, 2001; FONTENLA, 2003).

Es necesario terminar con las creencias del determinismo mecanicista y sus sistemas simples movidos por una fuerza principal (CASANOVA, 2004). Ciertas infraestructuras explican determinadas propiedades del sistema, pero no por ello el resto del sistema deja de ser significativo o tiene un carácter puramente pasivo. Es imperioso unir lo que fue separado por el dualismo del mecanicismo, pero también por la retórica dominante actual de paradigmas mecánicos-cibernéticos ante una visión más amplia que incluya a unos y a otros. El pensamiento crítico de las actuales disciplinas intelectuales se enfrenta a disciplinas opresivas teórica y metodológicamente. Ello implicará la construcción de disciplinas liberadoras, que deberán articular distintas especialidades del saber y escapar al saber hegemónico.

Casanova nos ubica en contextos epistemológicos alternativos de la actualidad: “Las teorías generales y los sistemas filosóficos contemporáneos (se refiere a las llamadas nuevas ciencias o ciencias de la complejidad) no sólo buscan las relaciones y las articulaciones de unas disciplinas con otras, sino las relaciones de las partes con el todo, de lo particular con lo universal. La disciplina como autoritarismo puede convertirse en un ‘aprendizaje de la ignorancia’ y en un freno al enriquecimiento de las especialidades y a la cultura en general. La palabra ‘disciplina’ evoca los problemas del poder establecido, pero también del poder alternativo”. En síntesis, lo que se propone es transgredir las fronteras generadoras de disyunciones y extrañamientos, como también propugnan otros pensadores (Verbigracia: MORIN, 1999; NOVO, 2002a; CIURANA, 2001).

Casanova subraya: “La interdisciplina es una de las soluciones que se le da al problema mucho más profundo de la unidad entre el ser y el saber”. En realidad, la solución sugerida sería lo transdisciplinar, debido a su carácter articulante. Lo interdisciplinario no necesariamente articula, puede constituirse en una simple

adición. La unidad entre el ser y el saber implica a su vez el reconocimiento de que *somos más de lo que sabemos*. Esta es una frase común, pero es también un principio de arte, al incluir la percepción, la sensibilidad, la intuición, la capacidad de articular realidades, incluso realidades opuestas.

Por ejemplo, Santo Tomás de Aquino expresó: “La justicia sin misericordia es la crueldad, la misericordia sin justicia es la madre de la disolución”. El conflicto radica en que la justicia niega a la misericordia y la misericordia se contrapone a la justicia. El problema no tiene solución, pero la sabiduría logra conciliar y trascender el conflicto (THOMPSON, 1992). Sin embargo, la sabiduría no es un puro saber acumulado. El ejercicio de la sabiduría es también un ejercicio del ser, de la experiencia, de las valoraciones oportunas. En cuanto a la justicia, es posible saber mucho y no ser justo, mientras es posible ser justo con independencia de ser o no sabio.

¿Qué se nos presenta cómo fundamental?, pues una articulación entre lo epistemológico y lo axiológico, donde el saber está anclado en las valoraciones y las valoraciones no son posibles sin un *saber cómo*. Por eso siempre somos más de lo que sabemos. El ser humano es siempre un ser valorativo, aunque no siempre sabio. El ser es una condición más axiológica que epistemológica. La taxonomía detenta de igual modo un fuerte sentido axiológico, al recurrir constantemente a lo valorativo, a la razón crítica, a la distinción oportuna, para poder ejercer su saber de manera adecuada.

En otras palabras, es necesario “indisciplinar” las disciplinas para, disciplinadamente, construir un conocimiento transdisciplinar, articulante y liberador. La tendencia actual reduccionista-mercantilista de la taxonomía es un retroceso peligroso e infortunado para esta rama de la biología. Se pierde el sentido de totalidad de la taxonomía como sistema y de las moléculas de ADN como componentes del organismo. En la ontología sistémica, los componentes o partes pueden llegar a ser incidentalmente más que el todo, puesto que el todo es insuficiente. Las partes pueden ser capaces de llegar a subvertir y desorganizar al todo. El todo no puede “controlar” a todos y cada uno de sus componentes. Determinados procesos en componentes o subsistemas pueden desencadenar la

desorganización del todo o globalidad sistémica.

No obstante, si las partes engullen o disipan a la globalidad que las contiene como partes, podrían de igual modo desaparecer estas partes al diluirse la globalidad sistémica que las integra. Lo mismo le podría ocurrir a la taxonomía de disolverse su globalidad como sistema de conocimiento, de resultar una acumulación desmedida de praxis y conocimiento sobre tan sólo una de sus partes, la biología molecular. Otra consecuencia posible sería el estancamiento o desaparición de la propia práctica taxonómica basada exclusivamente en el análisis molecular, al encontrarse sin un marco epistemológico-axiológico de referencias más amplio.

GODFRAY y KNAPP (2004) exponen una idea muy coherente con el sentido de la articulación y lo transdisciplinar. En sus palabras, la taxonomía necesita de *sincretismo*, de optar por la elección de lo mejor de diferentes filosofías y observancias. La alternativa sería escisión y caos. En mi criterio, debemos visualizar la taxonomía como un cuerpo de conocimiento y comunicación sobre la biodiversidad. A su vez, la taxonomía estudia sistemas: los taxones. Como insiste Morin (1999), para que el conocimiento sea pertinente se debe integrar el objeto en su contexto, en su globalidad. Un organismo es una globalidad que integra moléculas y formas, ecología e historia. Un taxón es un sistema histórico en el tiempo y el espacio. La taxonomía “tradicional”, pero necesariamente evolucionada, debe pasar a una posición y discurso de poder alternativo, a una ‘tercera cultura’, a un sincretismo articulante entre el gen y la forma y entre la forma y su entorno. También entre la ciencia y el arte.

La taxonomía debe, como es lógico e imprescindible, evolucionar en la era de las moléculas de ADN y la globalización de la información. Por otra parte, también debe mantener su identidad, respetando la dialéctica-dialógica del cambio: *no cambiar para poder cambiar y cambiar para no cambiar*. La solución es la racionalidad crítica, no la racionalización desbocada, convertida, por su desenfreno, en irracional.

RAVEN (2004) vaticina que nada podrá sustituir a un naturalista de campo. No importa cuánto se pueda hablar de identificaciones instantáneas de ADN, claves digitales y otras cosas semejantes. Si no existen personas capaces de identificar y

encontrar en la naturaleza a los organismos, de nada valdrá toda la tecnología existente o imaginada. GODFRAY y KNAPP (2004) enfatizan una vez más que la taxonomía no es un servicio técnico de soporte para el resto de la biología, sino una ciencia que avanza a través de la prueba de hipótesis acerca del estado de los taxones y sus relaciones filogenéticas. No obstante, ello por sí mismo no le garantiza fondos, su supervivencia misma. La taxonomía tiene que mostrar su relevancia; pero no sólo aquella asumida de su teoría y práctica, sino de su utilidad real en otros campos, como en la ecología, la agricultura y la salud.

WHEELER *et al.* (2004) concluyen que la taxonomía merece ser una ciencia a gran escala internacional. Su objetivo de descubrir, describir y clasificar las especies de nuestro planeta la asegura para cualificar como una ciencia destacada. La infraestructura global cibernética e informática le garantizaría un futuro muy prometedor. GODFRAY y KNAPP (2004) consideran que mediante la Web es posible vincular el sistema linneano con jerarquías filogenéticas y así integrar sus bondades respectivas. La identificación molecular no tiene que estar en oposición con la sistemática en su práctica usual. La Internet debe ser utilizada para reforzar la taxonomía y fusionar los enfoques modernos moleculares con la morfología tradicional.

WHEELER (2004) exhorta a los museos de historia natural para jugar un papel decisivo en la supervivencia de la taxonomía. De manera muy acertada, Wheeler razona que, si la taxonomía se encuentra tan mal comprendida por muchos biólogos profesionales, entonces resulta virtualmente invisible para el público. Estos museos, más allá de conservar colecciones y conducir investigaciones, deben ser también centros de educación formal y pública con relación a la disciplina, de exponer su importancia social. Los taxónomos individuales y los museos deben tener claridad de visión y coraje de propósito para permitir y desarrollar la supervivencia y evolución imprescindibles de esta disciplina fundamental. El amor a la taxonomía debe ser así un firme amor de amantes, tal y cómo emplaza el lirismo de Silvio Rodríguez:

*La cobardía es asunto de los hombres, no de los amantes.  
Los amores cobardes no llegan a amores, ni a historias. Se quedan allí.*

*Ni el recuerdo los puede salvar. Ni el mejor orador conjugar.*

## Notas

1. Me parece importante enfatizar que el sistema taxonómico tradicional, en su enfoque moderno, no es metafísico ni esencialista como muchas veces se le imputa, mientras que un sistema alternativo como el PhyloCode sí puede llegar a serlo.

La metafísica es un saber que va más allá de lo físico, del conocimiento práctico sobre la naturaleza. Su objeto es el *ser*, es decir, el concepto más fundamental y general posible. El ser es todo lo que existe. La metafísica concibe al ser como ser, con independencia de lo ser particular en un contexto particular. La metafísica trata esencias, principios básicos e inmutables. La ciencia no trata con “esencias”, sino con relaciones entre “cosas” y procesos; descubre regularidades y orden entre esas relaciones y sus circunstancias, sus contextos, entornos y ambientes, e inquiera en su historia. Ese es el *modus operandi* del sistema de clasificación y nomenclatura biológica.

La metafísica distingue entre “ente” y “ser”, indagando en el ser del ente. Por supuesto, el sentido de cada término depende de la perspectiva filosófica. Ente es *lo que es* -las cosas en cuanto son- mientras el *ser* se refiere a *que algo es*. Los entes son aquello en lo cual distinguimos atributos o propiedades. El *ser* no es más que *el acto de ser* o, mejor aún, *el estar siendo*, la existencia participada, relacional. El ser está en todos los entes, pero no se identifica plenamente con ninguno de ellos, ni ningún ente en particular sería el SER. El ser, como SER, es una esencia inmanente y omnipresente, acontextual. Por ejemplo, Dios sería el SER, en el sentido pleno y completo de ser. Dios es metafísico. Su nombre denota a una esencia inmanente, en un marco de referencia tan general y universal que deja, por esa misma razón, de ser referencia para cualquier cosa concreta.

Con un enfoque físico, científico, el ser, la existencia, estaría presente en todos los entes, pero cada ente tiene su ser, su *siendo* particular, sus relaciones contextuales, su propio entorno. Esto es fundamental, porque elude la metafísica y

# Gaia

**Biodiversidad, medio ambiente y sociedad, 2008, No. 9.**

nos ubica en el ámbito de la ciencia, al plantear que el *ser* no es una propiedad esencial-universal, sino relacional y contexto-dependiente. Así, un taxón a cualquier nivel jerárquico denota un conjunto de relaciones particulares, no universales.

De este modo, tenemos lo *óntico* y lo *ontológico*. Lo óntico se asocia al *ente* y lo ontológico al *ser*. Se dice que lo empírico opera en lo óntico y lo ontológico en lo metafísico. El ente son las cosas en cuanto son y el ser es la comprensión de la existencia de estas cosas porque son y existen. La diferencia ontológica es la comprensión del ser del ente, de su *siendo*. En biología, la *ontología* estudia el desarrollo de los seres vivos, la evolución de ese desarrollo. Pero ello nada tiene que ver con la metafísica. Por el contrario, el desarrollo ontológico de los seres vivos puede ser sometido a todo tipo de experimentación y manipulación. Vista así, la ontología no es metafísica, sino completamente científica. Estudia el desarrollo del ser en cada estado de los seres en tanto entes, distinguiendo sus características y relaciones como objetos *que son o están siendo*.

Un taxón es un ente histórico. Su nombre es una etiqueta que denota una relación genealógica a un nivel dado de inclusividad. La propiedad básica ontológica de cualquier taxón es la relación histórica entre sus miembros. Por ello, resulta fundamental un sistema clasificatorio que ubique a los taxones en un marco referencial de relaciones históricas de niveles crecientes de inclusividad, a partir de la notación binomial específica. El sistema tradicional contextualiza el nombre del taxón en un sistema de clasificación relacional e informativo. Nos lo muestra como una entidad con determinadas propiedades relacionales. Un nombre adjudicado sin estas referencias de génesis y forma deviene una entidad flotante, metafísica.

**REFERENCIAS.**

- ALEXANDER, J. 2002. *The future of biological taxonomy? Does the PhyloCode offer a viable alternative to the traditional Linnaean taxonomy?* BSC applied Biology, Imperial College of Science, Technology, and Medicine. April, 2002.
- ANDRADE, E. 2000. *Los demonios de Darwin. Semiótica y codificación biológicas.* Bogotá. Universidad Nacional de Colombia.
- BARRETT, R.D.H. & P.D.N. HEBERT. 2005. Identifying spiders through DNA barcodes. *Can. J. Zool.* 83:481-491.
- BEARDSLEY, S. 2005. Bending to barcodes. *Scien. Amer.* May, 2005:26-27.
- BENTON, M. J. 2000. Stems, nodes, crown clades, and rank-free lists: is Linnaeus dead? *Biol. Rev.* 75: 633-648.
- BLAXTER, M.L. 2004. The promise of a DNA taxonomy. *Phil. Trans. R. Soc. Lond.* 359:669-679.
- CANTINO, P.D., H.N. BRYANT, K. DE QUEIROZ, M. DONOGHUE, T. ERICKSSON, D.M. HILLIS & M.S.Y. LEE. 1999. Species names in phylogenetic nomenclature. *Syst. Biol.* 48:790-807.
- CAPRA, F. 1996. *The web of life.* Anchor Books, NY.
- CASANOVA, P.G. 2004. *Las nuevas ciencias y las humanidades. De la Academia a la Política.* Anthropos. Editorial complutense. Madrid.
- CIURANA, E.R. 2001. *Antropología Hermenéutica (Sobre Dilthey, Heidegger y Gadamer).* Instituto Internacional para el pensamiento complejo. USAL, El Salvador.
- CRISCI, J.B. 2006. One-Dimensional Systematist: Perils in a Time of Steady Progress. *Syst. Bot.* 31:217-221.
- DAYRAT, B. 2005. Towards integrative taxonomy. *Biol. J. Linnean Soc.* 85:407-415.
- DE QUEIROZ, K. 1997. The Linnean hierarchy and the evolutionization of taxonomy, with emphasis on the problem of nomenclature. *Aliso* 15:125-144.
- DE QUEIROZ, K. 2006. The PhyloCode and the Distinction between Taxonomy

and Nomenclature *Syst. Biol.* 55:160-162.

DE QUEIROZ, K. & J. GAUTHIER. 1990. Phylogeny as a central principle in taxonomy. Phylogenetics definition of taxon names. *Syst. Zool.* 39:307-322.

EBACH, M.V. & C. HOLDREGE. 2005. More Taxonomy, Not DNA Barcoding *BioScience* 55:822-823.

ESCOBAR, J. 2002. Bioética y comprensión sistémica de la vida. *En: Bioética para la sustentabilidad.* (Ed. J. R. Acosta) Publicaciones Acuario. Centro Felix Varela. La Habana. pp:125-135.

FONTENLA, J.L. 1999. Sobre definiciones taxonómicas y táxones parafiléticos. *Cocuyo* 9:29-36.

FONTENLA, J.L. 2003. La complejidad en la biología. *Cocuyo* 13:49-55.

FONTENLA, J.L. 2004. La ciencia-arte en la perspectiva de la complejidad: un reto para la clasificación biológica. *Avicennia* 17:1-12.

GODFRAY, H. C. 2002. Challenges for taxonomy. *Nature* 417:17-19.

GODFRAY, H.C.J. & S. KNAPP. 2004. Introduction. One contribution of 19 to a Theme Issue "Taxonomy for the twenty-first century". *Phil. Trans. R. Soc. Lond.* 359:559-569.

GOULD, S.J. 2002. *The structure of evolutionary theory.* Harvard University Press. Cambridge, Massachusetts.

GRAYBEAL, A. 1995. Naming species. *Syst. Biol.* 44:237-250.

HEBERT, P.D.N. & T.R. GREGORY. 2005. The Promise of DNA Barcoding for Taxonomy. *Syst. Biol.* 54:852-859.

HENNIG, W. 1966. *Phylogenetics systematics.* University of Illinois Press, Urbana, 263 p.

HORANDL, E. 2006. Paraphyletic versus monophyletic taxa-evolutionary versus cladistic classifications. *Taxon* 55:564-570.

HULL, D.L. 2001. The Role of Theories in Biological Systematics. *Stud. Hist. Phil. Biol. Biomed. Sci.* 32:221-238.

KNOX, E.B. 1998. The use of hierarchies as organizational models in systematics. *Biol. J. Linn. Soc.* 63:149-159.

LAURIN, M., K. DE QUEIROZ & P.D. CANTINO. 2005. Sense and stability of

- taxon names. *Zoologica Scripta* 35:113-114.
- LAVANDEROS, L. & A. MALPARTIDA. 2002. *La organización de las unidades Cultura-Naturaleza: Hacia una concepción relacional de la cognición*. Editorial Universitaria UTEM.
- LEVINS, R. & R.C. LEWONTIN. 1985. *The dialectical biologist*. Harvard University Press. Cambridge. Massachusetts, 303 p.
- LIPSCOMB, D., N.I. PLATNICK & Q.D. WHEELER. 2003. The intellectual content of taxonomy: a comment on DNA taxonomy. *Trends Ecol. Evol.* 18:65-66.
- MALLET, J. & K. WILLMOTT. 2003. Taxonomy: renaissance or Tower of Babel? *Trends Ecol. Evol.* 18:57-59.
- MARSHALL, E. 2005. Will DNA bar codes breathe life into classification? *Science* 307:1037.
- MAYR, E. & W.J. BOCK. 2002. Classifications and other ordering systems. *J. Zool. Evol. Research* 40:169-194.
- MEYER, P.C. & G. PAULAY. 2005. DNA Barcoding: Error Rates Based on Comprehensive Sampling. *PLoS Biology* 3:1-10.
- MEYER, P.C. & G. PAULAY. 2005. DNA Barcoding: Error rates based on comprehensive sampling. *PLoS Biology* 3:1-10.
- MICULECKI, D.C. 2001. The emergence of complexity: science coming of age or science growing old? *Computers and Chemistry* 25:341-348.
- MORIN, E. 1993. *El método. La naturaleza de la naturaleza*. Ediciones Cátedra. Madrid.
- MORIN, E. 1999. *Los siete saberes necesarios a la educación del futuro*. UNESCO, 1999. París.
- NAJMANOVICH, D. 2002. La complejidad: de los paradigmas a las figuras del pensar. *En: Primer Seminario Biental Acerca de las Implicaciones Filosófica Epistemológicas y Metodológicas de la Teoría de la Complejidad* Instituto de Filosofía, La Habana. [filosof@ceniai.inf.cu](mailto:filosof@ceniai.inf.cu).
- NIXON, K.C., J.M. CARPENTER & D.W. STEVENSON. 2003. The Phylocode is fatally flawed, and the Linnaean System can easily be fixed. *Bot. Rev.* 69:111-120.
- NOVO, M. 2002a. Descubrir, imaginar, conocer: Ciencia, Arte y Medio Ambiente.

En: Ciencia, Arte y Medio Ambiente. Ed (María Novo). Ediciones Mundi-Prensa, Madrid. pp:13-26.

NOVO, M. 2002b. Ecoarte: hacia un mestizaje de saberes. En: Ciencia, Arte y Medio Ambiente. Ed (María Novo). Ediciones Mundi-Prensa, Madrid. pp:45-60

Pearse, J. S. 1998. We are sponges: phylogenetic systematics is getting a tad silly. *Integrative Biology* 6:231-233.

RAVEN, P.H. 2004. Taxonomy: where are we now? *Phil. Trans. R. Soc. Lond.* 359:729-730.

SÁNCHEZ, R. 1999. *¿Qué hace el arte?*. Instituto Internacional para el pensamiento complejo. USAL. El Salvador.

SCHANDER, C. & THOLLESON, M. 1995. Definitions in phylogenetic taxonomy: critique and rationale. *Zool. Scr.* 24:263-268.

SIMPSON, G.G. 1961. *Principles of animal taxonomy*. Columbia University Press. New York

SOKAL, R.R. & F.J. ROHLF. 1970. The *intelligent ignoramus*, an experiment in numerical taxonomy. *Taxon* 19:305-319.

TAUTZ, D., P. ARCTANDER, A. MINELLI, R.H. THOMAS & A.P. VOGLER. 2003. A plea for DNA taxonomy. *Trends Ecol. Evol.* 18:70-74.

THOMPSON, W.I. 1992. Las implicaciones culturales de la nueva biología. En: Gaia. Implicaciones de la Nueva Biología. (Ed. W.I. Thompson). Editorial Kairos, Barcelona. pp:11-34.

WHEELER, Q.D. 2004. Taxonomic triage and the poverty of phylogeny *Phil. Trans. R. Soc. Lond. B.* 359:571–583.

WHEELER, Q.D. 2005. Losing the plot: DNA “barcodes” and taxonomy. *Cladistics*, 21:405-407.

WHEELER, Q.D., P.H. RAVEN & E.O. WILSON. 2004. Taxonomy: Impediment or Expedient? *Science* 303:285.

WIENS, J.J. 2005. The role of morphological data in phylogeny reconstruction. *Syst. Biol.* 53:653-661.

WILL, W.K. & D. RUBINOFF. 2004. Myth of the molecule: DNA barcodes for species cannot replace morphology for identification and classification. *Cladistics*,

20:47-55.

WILSON, E.O. 1999. Biological diversity. The oldest human heritage. New York State Museum.

WILSON, E.O. 2004. Taxonomy as a fundamental discipline *Phil. Trans. R. Soc. Lond.* 359:739.

WINSOR, M.P. 2003. Non-essentialist methods in pre-Darwinian taxonomy *Biol. Phil.* 18:387-400.

## Author's guide

All numbers of this review are monographic. The theme of each number is established by the Editorial Board

Articles are accepted which originate from empirical research or from theoretical or philosophical reflexions on the theme of the monography. Criteria for selecting articles for publication are as follows:

- Coherent internal logic.
- Logical relation between theme, objectives, methodology, and development.
  - Originality in theme or material presented.
  - Data relevant to theme.
- Analytical procedure clearly evident in material.
- All articles submitted must be unpublished.

Manuscripts for articles have the following characteristics:

Presented in 20 double-spaced pages or less (including bibliography and annexes of any kind). Font size 12 point, preferably Arial. Authors send articles to GAIA Editor on a disquette (Word or Word Perfect 5.1), together with a double-spaced paper printout.

Every article is accompanied by a brief abstract of its contents in Spanish and English (10 lines maximum) and a short Curriculum Vitae of the author (10 lines maximum). Footnotes are reduced to a minimum; bibliographic references in the text are written in parentheses, with author's surname in first place, followed by year of publication (for example: Pérez, 1996).

Notes, annexes, and bibliography are placed at the end of the article. In the bibliography authors are listed in alphabetical order of surname. Books are inserted as follows: surname/s and name of authors, year of publication followed by a period, title of opus in italics, editorial, city of publication and number of pages (for example: Pérez, A.M. 1994. *Variabilidad en moluscos gastrópodos*. Editorial UCA, Managua. 64 p.)

Articles are listed as follows: author's surname/s and names, year of publication followed by a period, title of article, name of publication in italics, volume, number and pages (for example: Pérez, A.M. & A. López. 1998. *Nuevos datos sobre la morfología y la distribución de Praticolella griseola en Nicaragua*. *Iberus*, 16(2):85-94.).

The inclusion of book chapters in the listing is done as follows: surname/s of author/s and authors' names, year of publication followed by a period, title of contribution, pages. Then in italics: surname/s of editor or compiler, editorial, city of publication (for example: Pérez, A.M. & A. López. 2001. *Listado preliminar de la malacofauna continental del Pacífico de Nicaragua*, pp. 100-200. En: Barrientos, Z. & J. Monge-Nájera (eds). *Malacología Latinoamericana*. Editorial de la Universidad de Costa Rica, San José.).

Articles will be judged and selected according to quality and compliance with editorial norms.

Authors may submit articles or request information on GAIA editorial norms at: Centro de Malacología / Diversidad Animal. Apartado postal 69. Managua. Nicaragua. Tel: (505) 267-0352 ext. 244. Fax: (505) 267-0106. E-mail: ampp@ns.uca.edu.ni