

CÓDIGO DE BARRAS DE ADN: PROBLEMAS CONCEPTUALES DE UNA ANALOGÍA CIENTÍFICA

DNA Barcode: Conceptual Problems of a Scientific Analogy

JULIO TORRES MELÉNDEZ ^a

<https://orcid.org/0000-0002-5732-5426>

jutorres@udec.cl

^aDepartamento de Filosofía, Universidad de Concepción, Concepción, Chile

Resumen

Se ha impuesto la imagen del código de barras para hacer referencia a una secuencia de ADN mitocondrial que es utilizada para medir la distancia genética entre poblaciones animales. Según la interpretación esencialista de esta analogía, este método de medición serviría, por sí mismo, no solo para la rápida identificación de ejemplares, o muestras fragmentarias, de especies previamente clasificadas, sino también para el descubrimiento de nuevas especies. Los taxónomos integrativos han rechazado este último uso del método del código de barras de ADN, dado que la complejidad biológica impide aplicarlo con precisión en eventos de especiación recientes. Argumentaré, sin embargo, que el método falla por razones conceptuales y no meramente empíricas. Aunque no existiera ese impedimento empírico, el código de barras de ADN no podría ser un método de descubrimiento de especies.

Palabras clave: Código de barras de ADN; Esencialismo; Concepto biológico de especie; Especiación ecológica; Descubrimiento de especies.

Abstract

The barcode image has been imposed to refer to a mitochondrial DNA sequence that is used to measure the genetic distance between animal populations. According to the essentialist interpretation of this analogy, this measurement method would serve not only for the rapid identification of specimens or fragmentary samples of previously classified species, but also, by itself, for the discovery of new species. Integrative taxonomists have rejected this latter use of the DNA barcode method, since biological complexity precludes its precise application in recent speciation events. I will argue, however, that the method fails for conceptual and not merely empirical reasons. Even if it wouldn't have any empirical impediment, the DNA barcode could not be a method of species discovery.

Key words: DNA Barcode; Essentialism; Biological Species Concept; Ecological Speciation; Species Discovery.

1. Introducción

Aunque no se niegue el efecto ambiental en la expresión genética, se asume comúnmente que tanto la explicación causal de los rasgos fenotípicos propios de una especie, como su identidad, residen básicamente en la microestructura genética de sus individuos (Devitt, 2008). Esta creencia parece contener la idea de que, si bien la identificación de las propiedades causales del genoma se determina empíricamente, el descubrimiento de la identidad biológica, en cambio, se obtiene analíticamente de la identificación de la secuencia de ADN de un organismo, como si la proposición que expresa que tales secuencias pertenecen a un determinado ejemplar contuviera también su adscripción específica. Causalidad genética e identidad estarían atadas metafísicamente, según este punto de vista, tal como lo estarían las propiedades microestructurales de un elemento químico y su identidad. Esta misma creencia, que se ha hecho popular, motiva la defensa del esencialismo biológico intrínseco (EBI), tal como lo admite unos de sus más relevantes proponentes (Devitt, 2008). De acuerdo con el EBI las propiedades esenciales de una especie son intrínsecas y de naturaleza genética. Ellas proporcionan un fundamento causal para las generalizaciones que podemos hacer respecto de la morfología, la fisiología y el comportamiento de las especies (Devitt, 2008, p. 352). Independientemente de las contingencias que pueden explicar cómo esas propiedades microestructurales se han adquirido en la historia de un taxón, tales propiedades cumplen la doble función de dar cuenta tanto de los rasgos fenotípicos de una especie como de la constitución de su identidad. De acuerdo con M. Devitt, los conceptos relacionales de especie que se han propuesto para explicar la identidad de una población, tal como el Concepto Biológico de Especie (CBE), solo establecen qué tipo de propiedad biológica define la categoría de especie (el grado de aislamiento reproductivo para el CBE), pero esas propiedades no determinan que un individuo pertenezca a tal o cual taxón (Devitt, 2008, p. 364). Esa determinación proviene justamente de la microestructura genética de los organismos. De ahí que los conceptos relacionales requerirían el supuesto de esencias intrínsecas. Esas esencias son las que explican la posesión de una propiedad relacional como es el caso del aislamiento reproductivo.

Devitt, recientemente, ha moderado su propuesta esencialista estrictamente intrínseca incorporando criterios históricos de identidad, para hacerla, presumiblemente, consistente con el paradigma darwiniano. Pero podría dudarse acerca de la profundidad con que ese criterio permea su esencialismo microestructural, dado que Devitt asume explícitamente que la historia de un taxón que tiene un rol constitutivo

para su identidad es la historia dependiente metafísicamente de la evolución de las propiedades intrínsecas de los organismos de ese taxón (Devitt, 2018a, 2018b). Creo que hay buenas razones para rechazar el concepto de historia evolutiva que incorpora Devitt en esta propuesta que supuestamente modera su posición inicial, pero mi objetivo aquí es examinar el compromiso de una determinada interpretación de la analogía científica de los *códigos de barras* de ADN con el EBI en su uso en la taxonomía biológica. Se ha empleado esta analogía para hacer referencia a ciertas porciones del genoma que servirían, según sus proponentes, para medir no solo la distancia genética entre poblaciones, sino también para el *descubrimiento* de nuevas especies exclusivamente sobre la base de la evidencia intrínseca obtenida. Pero esta idea es inconsistente no solo con los enfoques taxonómicos dominantes, sino también con las teorías biológicas que contienen una explicación del origen y la identidad de las especies. No se trata solo de la creencia de que hay una vinculación analítica entre la proposición que expresa la identidad de una especie y la proposición que describe la secuencia de ADN que constituye, supuestamente, el portador de su identidad codificada. Se trata de una confusión más profunda que está involucrada en la tesis según la cual las propiedades intrínsecas, de naturaleza genética, explican de manera esencial las propiedades relacionales que permiten establecer la identidad biológica de una especie. Si, por ejemplo, esas propiedades genéticas explican necesariamente el grado de aislamiento reproductivo, una propiedad que el CBE establece como criterio de identidad de la especie, entonces la identidad de la especie debería radicar en esas propiedades intrínsecas tal como explícitamente lo establece la tesis de Devitt en el campo filosófico de esta discusión. Mostraré que hay razones conceptuales para rechazar la interpretación esencialista de la analogía del código de barras de ADN, como también el supuesto de que el aislamiento reproductivo es necesariamente un efecto causal de propiedades intrínsecas de naturaleza genética.

2. La analogía esencialista del código de barras de ADN

El biólogo Paul Hebert y su grupo de investigación han introducido la imagen del código de barras de ADN para hacer referencia a una secuencia de ADN mitocondrial, el gen citocromo oxidasa subunidad 1 (*co1*), que en las especies animales sirve como indicador de distancia genética interespecífica (Hebert et al., 2004; Hebert et al. 2016)¹. Este

¹ Para las plantas terrestres, en cambio, se ha demostrado que no es útil como

gen se diferencia rápidamente en poblaciones que se han escindido recientemente dado que su tasa de mutación es mayor que la del ADN nuclear. Su éxito en la taxonomía depende de que la variación genética intraespecie sea siempre menor que la variación interespecie. De acuerdo, por ejemplo, con los procesos de estandarización de este método para vertebrados, cruzar el umbral de 2% de divergencia en el gen *co1* permitiría determinar que dos taxones desconocidos constituyen dos especies distintas (Hebert et al., 2003, p. 319). El gen *co1* supuestamente podría cumplir entonces una función análoga a la que cumplen los códigos de barras de los productos en un supermercado. El código de barras es una codificación digital universal que contiene la identidad de la mercancía y permite ser traducido por cualquier persona mediante un dispositivo lector. Eso es justamente lo que se propone en la primera publicación que da a conocer este uso del gen *co1*: “En un sentido muy real, estas secuencias pueden verse como ‘códigos de barras’ genéticos que están incrustados en cada célula” (Hebert et al., 2003, p. 313). La analogía, sin embargo, es, en sí misma, ambigua. Y de hecho se ha usado en dos sentidos. Hay una versión fuerte o esencialista de la analogía de acuerdo con la cual esta secuencia del genoma es capaz de proporcionar la identidad de una especie sin que se requiera de información adicional de naturaleza morfológica, o de algún otro tipo de propiedad biológica, que provea de evidencia acerca del grado de aislamiento reproductivo entre poblaciones estrechamente relacionadas o permita contrastar hipótesis acerca de relaciones filogenéticas. Consecuentemente con esta imagen, se ha llegado a sostener que la sola evidencia proporcionada por el código de barras de ADN debería servir también para el descubrimiento de nuevas especies sobre la base de ese acceso rápido a propiedades intrínsecas codificadas en una sección del genoma (Tautz et al., 2003; Blaxter, 2004; Bingpeng et al., 2018). Por ejemplo, de acuerdo con Blaxter (2004), usando el código de barras de ADN se puede obtener información acerca de la identidad individual y de la pertenencia grupal de un ejemplar biológico. Blaxter asume explícitamente que las agrupaciones, o unidades taxonómicas, proporcionadas por este método no necesitan coincidir con las unidades construidas sobre la base de otros principios taxonómicos no exclusivamente moleculares (Blaxter, 2004, p. 670). De ahí que se argumente que una ventaja del código de barras es que no requiere de taxónomos especializados

código de barras estas secciones del genoma mitocondrial debido a su lenta evolución en este grupo. Cumplen, sin embargo, esta misma función porciones del genoma de cloroplastos (Chase & Fay, 2009).

en métodos morfológicos tradicionales y con larga experiencia en el descubrimiento, la descripción y la identificación. Esto haría posible liberar a las instituciones de los costos sociales que implica la formación de científicos en una especialidad en declive y en vías de colapsar, dados los actuales imperativos para el reconocimiento de la biodiversidad global.² Efectivamente, este método, creado en 2003, ha conducido al desarrollo de un proyecto taxonómico internacional cuya expresión más relevante quizás sea la creación, en 2008, de *The Consortium for the Barcode of Life* (CBOL) que en su página web se propone como “una iniciativa internacional dedicada al desarrollo de códigos de barras de ADN como estándar mundial para la identificación de especies biológicas” y que declara tener como miembros a 130 organizaciones de más de 40 países. Las secuencias de códigos de barras son reunidas en la base de datos *Barcode of Life Data Systems* (BOLD), disponible en línea, como biblioteca de referencia, para ser usada en la identificación de códigos de barra de ADN de origen desconocido.³

Aquellos que hacen una interpretación débil o no esencialista de la analogía de los códigos de barras sostienen que la información taxonómica obtenida por el método debe ser respaldada por evidencia relacional proveniente de estudios morfológicos, etológicos, ecológicos y genéticos más amplios. El valor del código de barras de ADN reside en su utilidad para la conservación y el reconocimiento de la biodiversidad, dadas las posibilidades que ofrece para el rápido reconocimiento de ejemplares pertenecientes a especies previamente descubiertas cuando se dispone solo de muestras fragmentarias, o se trata de especímenes en estadios tempranos de desarrollo, de individuos provenientes de especies crípticas o de especies polimórficas.⁴ Y también sería útil para formular

² Recientemente se ha dudado de que esta sea una ventaja en el ámbito institucional para el código de barras de ADN. El desarrollo de nuevas tecnologías de inteligencia artificial para el reconocimiento de imágenes ha potenciado de una manera nueva la taxonomía morfológica, como también lo ha hecho la tecnología para la generación de imágenes 3D con rayos X (microtomografía computarizada o micro-CT) (Orr et al., 2020). La tecnología de reconocimiento de imágenes se ha incorporado a las plataformas de ciencia ciudadana, como es el caso de iNaturalist.org, y con esto se ha fortalecido la capacidad social para reconocimiento de la biodiversidad y posiblemente proporcione nuevos recursos a la biología conservacionista, especialmente en países pobres y con riesgos inminentes de pérdida de gran parte de su biodiversidad (Orr et al., 2020). Los códigos de barras a largo plazo pueden también resultar más onerosos que los enfoques tradicionales, si efectivamente se requieren, como sostienen sus críticos, nuevas revisiones taxonómicas de las especies diagnosticadas con este método (Cognato et al., 2020).

³ Cfr. <http://www.ibol.org/phase1/cbol/>

⁴ El método tiene también por cierto una gran potencialidad para el uso no

hipótesis acerca de la existencia de especies no descubiertas, sobre la base de la evidencia de que los códigos de barras de ejemplares desconocidos no concuerdan “con ninguna especie presente en la base de datos de referencia” (Paz et al., 2011, p. 163). De acuerdo con DeSalle (2006):

[...] el código de barras de ADN puede contribuir a refinar el descubrimiento de especies. Una vez que se establece un conjunto de códigos de barras para un grupo de organismos, se pueden examinar especímenes no identificados (es decir, especímenes problema [*query specimens*]). Con un sistema eficaz de identificación por ADN o código de barras, normalmente estos especímenes problema se identificarán con especies en función de los códigos de barras de una base de datos. No obstante, algunos de estos especímenes problema no serán identificados a nivel de especie. En estas situaciones, la información de la secuencia de ADN debería generar una señal de alerta acerca de la taxonomía existente. Los códigos de barras de ADN ofrecen, entonces, nuevas hipótesis acerca de la taxonomía del grupo (DeSalle, 2006, p. 1546).

Las nuevas hipótesis, continúa DeSalle, expuestas a contrastación, son el estímulo y el punto de partida para promover revisiones taxonómicas de un grupo en particular. En estos casos el código de barras permitiría llegar a una hipótesis sobre la base de una *inferencia a la mejor explicación* (Harman, 1965; Azcona, 2019). Esto es, un tipo de inferencia en donde el investigador “parte con un conjunto de datos e infiere la verdad probable de una hipótesis, sobre la base de que la hipótesis proporciona una mejor explicación de los datos que las hipótesis en competencia” (Okasha, 2000, p. 691). Una hipótesis obtenida o descubierta de esta forma debe ser sometida a ulteriores contrastaciones, como señala DeSalle, en el contexto de una *taxonomía integrativa*, es decir, un enfoque taxonómico que incorpora una pluralidad de evidencias (morfológicas, moleculares, conductuales o ecológicas, por ejemplo) que puede ser usada iterativamente (Yeates et al., 2011). Un método iterativo o de *iluminación* recíproca, contrasta hipótesis taxonómicas de especies identificadas por evidencia morfológica con especies diagnosticadas por códigos de barras [*DNA barcode species*] que luego, si es necesario, son

estrictamente taxonómico como ocurre, por ejemplo, con el control de plagas, la producción y comercialización segura de alimentos, la detección de adulteraciones de alimentos, la caza ilegal y el control del tráfico de productos elaborados con tejidos de especies protegidas (cfr. <https://ibol.org/impact/barcoding-applications/>).

también contrastadas con nuevos especímenes y caracteres adicionales. Este método iterativo puede ser entendido también como una serie de inferencias a la mejor explicación cuyo resultado posible es que algunas especies diagnosticadas originalmente por códigos de barras de ADN “sean validadas y otras sinonimizadas con especies conocidas” (Cognato et al., 2020, p. 13).

Si efectivamente los códigos de barras se incorporan a la investigación taxonómica como insumos de una argumentación que tiene la forma de una inferencia a la mejor explicación, entonces este método participa efectivamente en el descubrimiento taxonómico, pero lo hace de una manera muy distinta a la que presupone una interpretación esencialista del método: no permite por sí mismo, como veremos, el descubrimiento de especies, sino más bien el descubrimiento o la invención de hipótesis contrastables con otra evidencia acerca de la existencia de especies previamente desconocidas. Es probable que la comunidad científica haya advertido que las dificultades del código de barras de ADN, como pretendo mostrar, son más bien conceptuales y esto explicaría que se aluda ahora a su importancia de una manera claramente instrumental para los fines de la taxonomía integrativa. Su utilidad en el descubrimiento de especies radicaría “especialmente en grupos poco estudiados, ya que puede filtrar rápidamente las colecciones de especies presuntas, para que entonces puedan ser objeto de estudio taxonómico” (Hebert et al., 2016, p. 5). El código de barras de ADN es considerado ahora como un recurso para iniciar aceleradamente el trabajo taxonómico, pero no como un método que por sí mismo resuelva los problemas del descubrimiento de nuevas especies (Kekkonen & Hebert, 2014).

La versión débil de la analogía es entonces irreprochable y quizás, como se ha dicho críticamente, realmente no agrega nada nuevo a los métodos de la sistemática molecular (Will, Mishler & Wheeler, 2005). La versión fuerte de la analogía, en cambio, no puede ser sino el fruto de una confusión conceptual. Rubinoff et al. (2006) rechazan esta analogía justamente porque involucra una confusión de este tipo. Pretender, sostienen, que se puede establecer la identidad de un ejemplar desconocido por la sola identificación de sus rasgos intrínsecos, es decir, por el uso de métodos basados solo en la distancia genética, es confundir “identificación con definición”. Ahora bien, ¿cómo debemos entender esta crítica? Evidentemente, no se afirma que se pretenda usar el código de barras de ADN para, en sentido estricto, *definir* una determinada muestra, esto no tendría sentido. Expresaría una nueva confusión entre los conceptos de especie-taxón y especie-categoría (Mayr, 1982, p. 253). Los biólogos identifican un taxón, una entidad concreta,

espacio-temporalmente localizada, como una determinada especie, por medio de sus definiciones de la categoría de especie construidas sobre la base de propiedades relacionales tales como el grado de aislamiento reproductivo o la relación de ancestro-descendiente. Es por esto que deberíamos entender que Rubinoff et al. (2006) sostienen, más bien, que pueden utilizarse propiedades intrínsecas para identificar un ejemplar como perteneciente a una determinada especie, pero que estas no constituyen propiedades que puedan formar parte de la definición de especie bajo ningún concepto relacional de especie, dado el contexto evolutivo en el que se formulan estos conceptos. Con mayor precisión debería afirmarse entonces que no debe confundirse identificación con *descubrimiento* (una oposición que también se utiliza en Rubinoff et al., 2006)⁵. Una confusión que puede atribuirse a Hebert et al. (2004) cuando explícitamente sostiene que “[l]a concordancia general de los árboles [filogenéticos] de ADNmt con los árboles de especies, implica que en lugar de analizar el ADN a partir de especímenes identificados morfológicamente, podría ser usado de manera opuesta, es decir, para identificar especímenes analizando su ADN” (Hebert et al., 2004, p. 1657)⁶. Sin embargo, de acuerdo con Rubinoff et al., el código de barra de ADN permite identificar una muestra como perteneciente a una determinada especie, solo si previamente se ha descubierto esa especie determinando propiedades relacionales tales como su grado de aislamiento reproductivo respecto de poblaciones estrechamente emparentadas. No obstante esto, Rubinoff et al. (2006) agregan sorprendentemente: “No es realista pensar que *co1*, o cualquier otro

⁵ DeSalle y Goldstein (2019) han hecho una revisión de los resúmenes de 3.756 artículos publicados entre 2003 y 2018, acerca de cómo se ha interpretado el código de barras de ADN y de cómo se ha puesto en práctica en el trabajo analítico (taxonómico, conservacionista, forense, en biodiversidad, etc.). Se muestra en esta revisión que la terminología acerca de descubrimiento e identificación puede llegar a ser ambigua. La expresión “identificación de una especie” se usa a veces como sinónima de “identificación de un espécimen [*specimen*]” que puede no tener un sentido taxonómico, aunque puede ser usada también en el sentido taxonómico de “descubrimiento de una especie [*species discovery*]”. Pero asimismo tienen este último significado las expresiones: “descripción de una especie [*species description*]”, “diagnóstico [*species diagnosis*]”, “delimitación [*species delimitation*]”, “delineación [*species delineation*]”, “circunscripción [*species circumscription*]” y, puede agregarse aquí también la desafortunada expresión “definir una especie [*define species*]” que utilizan Rubinoff et al., (2006). DeSalle y Goldstein usan razonablemente “identificación” solo en el sentido de identificación de un espécimen y no en el sentido de descubrimiento de una especie.

⁶ El contexto taxonómico en que se encuentra esta afirmación muestra que la expresión “identificación de especímenes” debemos entenderla como aludiendo a un proceso de descubrimiento de especies (ver nota anterior).

sistema de un solo carácter, será suficientemente preciso para definir todas las especies” (Rubinoff et al., 2006, p. 2). Evidentemente esta afirmación no es consistente con la acusación de que la versión fuerte de la analogía del código de barras de ADN confunde identificación con descubrimiento. Es dudoso que se aluda aquí a una confusión conceptual que motive esta interpretación de la analogía, claramente se hace referencia a una imposibilidad fáctica: si existiera ese sistema de un solo carácter que reúna el requisito de precisión necesario, entonces sería posible que ese carácter determine esencialmente la identidad de cada una de las especies animales. Las especies vendrían *etiquetadas* de origen y entonces la interpretación esencialista de la analogía del código de barras no podría ser sino correcta.

Las críticas que, en una comunicación directa con diversos biólogos, se recogen en Holmes (2004) acerca de lo que he llamado “la analogía fuerte”, recorren también este mismo camino. Todas ellas coinciden en que se trata aquí de una cuestión acerca de la inexactitud del método en casos en que debería ser más útil, esto es, para discriminar entre especies estrechamente relacionadas o cuya identificación en base a criterios morfológicos es improbable (Holmes, 2004). Por ejemplo, en Hanner et al. (2011) se ha mostrado que el método del código de barras delimita solo 5 de 10 especies conocidas de pez espada y la explicación, por cierto, apunta al hecho de que las especies no discriminadas “son relativamente jóvenes en tiempo evolutivo” y que por ello no ha ocurrido la acumulación de mutaciones suficientes para el nivel de resolución del método (mejores resultados para 85 géneros de peces y una visión más optimista acerca del método en Bingpeng et al., 2018). Hebert responde al problema de la falta de resolución sosteniendo que su método tiene las mismas dificultades con las que se encuentran “las definiciones clásicas de una especie”, por ejemplo, como la que encuentra el CBE. Estos conceptos “deben retroceder” hacia criterios morfológicos, conductuales y ecológicos para decidir en la práctica si dos poblaciones alopátricas estrechamente relacionadas constituyen o no especies distintas (Holmes, 2004, p. 34). En esta misma situación estaría el método del código de barras de ADN (Ratnasingham & Hebert, 2013). Pero creo que esto es un error. El código de barras de ADN enfrenta dificultades de naturaleza muy distinta a la que enfrentan los conceptos relacionales de especie. Desde el punto de vista del CBE, la duda acerca de si dos poblaciones alopátricas estrechamente emparentadas constituyen las mismas especies es una duda acerca de si determinada diferencia fenotípica o genotípica está realmente asociada con la existencia de una comunidad reproductivamente aislada. Aunque no exista evidencia empírica para

responder a esta cuestión y para determinar qué rasgo podría constituir una barrera reproductiva entre las poblaciones, la situación conceptual es clara: si las poblaciones se pusieran en contacto, entonces el grado de aislamiento en la reproducción permitiría justificar si se trata de una o de dos especies. Hay aquí una relación entre, por un lado, una hipótesis empírica que afirma la existencia de una especie no descrita, sobre la base, por ejemplo, de evidencia morfológica y, por otro, un criterio independiente de naturaleza no morfológica que, en principio, apoyaría o refutaría esta hipótesis (el grado de aislamiento reproductivo). En cambio, sobre la base de la interpretación fuerte de la analogía del código de barras de ADN, para responder a esta misma duda acerca de esas poblaciones alopátricas, no hay evidencia independiente posible a la cual recurrir que permita la validación de la hipótesis o, más bien, no existe realmente ninguna hipótesis que correlacione este valor con la pertenencia a una determinada especie. Se pretende entonces con los códigos de barras que la distancia genética sea por sí misma el criterio de especie. Como se ha dicho: “Los problemas surgen cuando los llamados ‘códigos de barras’ se utilizan como construcciones arbitrarias neofenéticas en lugar de hipótesis constatables acerca de especies” (Valdecasas et al., 2008, p. 213). El biólogo evolucionista M. Lee ha visto con claridad que se trata aquí no solo de una cuestión empírica, de falta de precisión del método, sino de una cuestión conceptual que Lee expresa en términos de la imposibilidad de contrastar el enunciado “el organismo X pertenece a la especie Y”, si no se asume una definición de la categoría de especie que permita establecer los límites de la especie Y, como justamente ocurre, tal como he argumentado, en la taxonomía puramente molecular (Lee, 2003). Evidentemente, Lee no cree que el código de barras proporcione una definición de este tipo, pues se trata simplemente de una versión molecular del concepto fenético de especie, es decir, de un concepto basado en grados de similaridad que da como resultado agrupaciones biológicas meramente convencionales o subjetivas y no contrastables con información independiente respecto de esos grados de similaridad observados. La debilidad en la precisión o en la resolución empírica del método no es la causa por la que falla como método de descubrimiento, sino que más bien esta falta de precisión es una consecuencia de la carencia de una definición de la categoría de especie: “Ninguna cantidad de información acerca de un carácter –ya sea morfológico o molecular– puede producir estabilidad taxonómica si los límites de las especies son altamente lábiles y subjetivos” (Lee, 2004, p. 3). Lee por cierto no se refiere aquí a ninguna indeterminación ontológica entre las especies, sino simplemente a que

los métodos puramente moleculares establecen límites puramente convencionales. La clasificación a nivel de especie es meramente convencional en el sentido de que responde a una estipulación a la que se ha llegado por una correlación previa, en algún grupo relevante (por ejemplo, 200 especies del orden Lepidoptera en Hebert et al., 2003), entre la distancia genética interespecífica y los criterios taxonómicos tradicionales. Luego esta distancia genética es usada como patrón o medida convencional que constituye el umbral que deben cruzar otras poblaciones de especies putativas para ser efectivamente descubiertas como nuevas especies. Queda excluida a partir de aquí la contrastación del método con otros criterios taxonómicos y la clasificación obtenida es meramente convencional porque a este mismo patrón deben ajustarse todas las especies animales diagnosticadas con el método del código de barras de ADN.

Ahora bien, Rubinoff et al. (2006) parecen pensar de modo distinto a este respecto al suponer que cambiaría esta situación si existiera ese sistema de un solo carácter lo suficientemente preciso para *definir* todas las especies. En este caso el método del código de barras podría constituirse, por sí mismo, en un método de descubrimiento. El supuesto aquí es que ese carácter molecular, proveniente de una sección apropiada del genoma, constituiría la referencia del nombre vernáculo o científico de cada verdadera especie que la designaría entonces rígidamente como requiere el EBI. En contra de esta idea hay evidencia proveniente de los modelos ecológicos de especiación que muestra que esta posibilidad empírica no podría respaldar una interpretación esencialista del código de barras de ADN. Aunque existiera ese carácter que permitiera medir con precisión y alta resolución la distancia genética entre distintas poblaciones, ese carácter no constituiría la esencia de la especie, es decir, no designaría rígidamente a cada especie y, por esta razón, el código de barras no podría ser por sí mismo un método para el descubrimiento de nuevas especies.⁷ El problema, que constituye un contraejemplo para el EBI, es la existencia de casos en donde la distancia fenotípica es un mejor predictor de la identidad de un taxón que la distancia genética.

⁷ Podría sostenerse que si se interpretan los nombres de las especies como nombres de clases (esto es, sin restricción espacio-temporal), entonces sí habría designación rígida. Pero esta propuesta falla por dos razones: es inconsistente con la teoría evolutiva (las especies son entidades históricas) y se trataría de una rigidez meramente convencional o estipulativa como ya he argumentado.

3. Distancia genética y distancia fenotípica

Si la distancia genética entre dos poblaciones es una evidencia de su cercanía filogenética y, según la interpretación esencialista del método del código de barras de ADN, esta distancia es también necesariamente la explicación causal del grado de aislamiento reproductivo, entonces deberíamos esperar que las especies más cercanas filogenéticamente tengan siempre un menor grado de aislamiento reproductivo y que, a su vez, las especies más alejadas filogenéticamente estuvieran fuertemente aisladas reproductivamente. ¿Hay poblaciones que refutan esta predicción? La evidencia acerca de procesos de especiación sin aislamiento geográfico e impulsados por factores ecológicos muestra que existen tales poblaciones. La especiación puede ocurrir, según el modelo ecológico, en poblaciones simpátricas por la acción de la selección natural cuando una población ancestral queda dividida en dos o más poblaciones cuyos fenotipos tienden a ser divergentes. Al ser eliminados los fenotipos intermedios se produce, al mismo tiempo, la evolución de barreras para el flujo de genes como resultado de la adaptación de esas poblaciones a medios distintos. De acuerdo con Patrik Nosil esto se explica “porque los rasgos bajo selección divergente, o los genéticamente correlacionados con ellos, incidentalmente afectan el aislamiento reproductivo” (Nosil, 2012, p. 7). Una consecuencia de esto es que la distancia fenotípica se torna aquí un mejor predictor del grado de aislamiento reproductivo que la distancia genética:

En sistemas donde la divergencia fenotípica y genética varía independientemente, por ejemplo, en las radiaciones adaptativas en donde los cambios en la ecomorfología no se correlacionan necesariamente con la distancia genética entre especies, la hipótesis de la especiación ecológica predice que la distancia fenotípica es el predictor más fuerte del cruzamiento selectivo. (Stelkens & Seehausen, 2009, p. 1680).

Stelkens y Seehausen (2009) han testeado esta hipótesis estudiando la radiación adaptativa en los peces cíclidos, del género *Pseudocrenilabrus*, que habitan el lago Mweru en la RDC (África). Examinaron cuatro grupos. El primero, *P. philander* del lago Bangweulu, una especie de alimentación generalista y presumiblemente semejante al fenotipo ancestral que dio origen a la radiación adaptativa. El segundo, *P. philander* del lago Mweru, una especie cuyos hábitos de alimentación también es generalista y que ha estado aislada geográficamente entre 1.570.000 a 2.780.000 años de

P. philander del lago Bangweulu, pero que conserva con esta población una importante similitud morfológica, y también de coloración, debido, presumiblemente, a la similitud de nicho ecológico en ambos lagos. El tercero corresponde a *P. sp. weed picker* que habita en la zona litoral del lago Mweru en donde hay una gran densidad de vegetación. Se trata de un especialista que come solo larvas de insectos y que se ha diferenciado morfológicamente de *P. philander*, entre otros rasgos, por tener un hocico puntiagudo adaptado a sus hábitos alimenticios. El cuarto, *P. sp. grey back*, un ecotipo altamente especializado y diferenciado morfológicamente, tanto de *P. philander* como de *P. sp. weed picker*, que se alimenta en el fondo del lago Mweru. De acuerdo con Stelkens y Seehausen, se le identifica fácilmente por la forma aerodinámica de su cuerpo, un pedúnculo caudal alargado y una notoria *cabeza de caballo*.

Stelkens y Seehausen diseñaron un dispositivo experimental para evidenciar el grado de aislamiento reproductivo entre las cuatro poblaciones de peces cíclidos y de esta manera contrastar su hipótesis acerca del carácter predictivo de la distancia fenotípica en radiaciones adaptativas. Los resultados experimentales consistentemente contradicen el supuesto general de que la diferenciación genética, por sí misma, tenga efectos sobre la segregación reproductiva. Stelkens y Seehausen descubrieron que la especie generalista del lago Mweru estaba fuertemente aislada reproductivamente de las poblaciones simpátricas estrechamente relacionadas genéticamente pero fenotípicamente divergentes. Sin embargo, el dispositivo experimental mostró que las poblaciones alopátricas de *P. philander*, genéticamente distantes, pero fenotípicamente similares entre sí, tanto en color como en morfología, carecen de barreras reproductivas (Stelkens & Seehausen, 2009, p. 1690). La cercanía genética no es aquí un buen predictor de la ausencia de aislamiento reproductivo y, por lo tanto, no es un predictor de la identidad de estas poblaciones.⁸ Podría objetarse que este caso de especiación eco-

⁸ Podría pensarse que este argumento asume de antemano que la identidad de la especie no es dada por la distancia genética como un criterio de especie, sino por CBE y que por ello es un argumento circular. Pero debe advertirse que los proponentes del código de barras de ADN han escogido determinada sección del genoma *porque* sería un indicador altamente confiable de la divergencia entre poblaciones recientemente escindidas de un ancestro común. Se espera además que este grado de divergencia esté directamente correlacionado con el grado de aislamiento reproductivo y que por esta razón sus resultados serían consistentes con los de la taxonomía tradicional de base morfológica (Hebert et al., 2003). No hay circularidad o petición de principios porque es la misma teoría del código de barras de ADN la que asume que hay una relación directamente proporcional entre distancia genética y aislamiento reproductivo. Es así como se presenta el método en Hebert et al., 2003.

lógica muestra simplemente una divergencia en la clasificación que se explicaría por la posibilidad de aplicar distintos conceptos de especie (uno basado en el grado de aislamiento reproductivo, otro sobre la base de criterios filogenéticos y otro sobre la base de criterios estrictamente moleculares). Pero debe advertirse que en el caso del CBE la hipótesis acerca del grado de aislamiento construida sobre la base de evidencia genética, morfológica y conductual, puede en principio ser constratada empíricamente (como de hecho lo fue en un proceso experimental). Las hipótesis filogenéticas en esta radiación adaptativa se apoyan también en evidencia genética, morfológica, conductual y en su consistencia con los patrones de distribución biográfica. ¿En qué evidencia se apoya el criterio estrictamente molecular? Bajo la interpretación fuerte o esencialista de este criterio, la respuesta es que se apoya solo en la medición de la distancia genética.

Esta investigación empírica muestra además que es falsa la suposición del EBI según la cual las propiedades genéticas por sí mismas contienen la identidad de la especie. De hecho, los resultados experimentales muestran que la diversidad genética que explica la diversidad fenotípica entre las poblaciones de *P. sp. grey back* respecto de *P. sp. weed picker* existía previamente en el ancestro común de ambas poblaciones sin producir por sí misma aislamiento reproductivo, como se esperaría si fuese correcto el EBI. Un indicio de esto es que “el morfoespacio observado en *P. philander* de Bangweulu sugiere que la población ancestral no consistía solo de fenotipos generalistas uniformes, sino que más bien mostraba una diversidad fenotípica considerable que podía ser reclutada para los nichos divergentes durante la radiación” (Stelkens & Seehausen, 2009, p. 1691).

4. Conclusiones

La inadecuación científica de la imagen esencialista del código de barras de ADN no radica, como han sostenido algunos proponentes de la taxonomía integrativa, en la falta de precisión del método, sino más bien en su inviabilidad conceptual como método de descubrimiento de nuevas especies. Aunque, como se ha mostrado, el código de barras puede integrarse al proceso de descubrimiento en la medida que entrega datos que ofrecen o sugieren hipótesis contrastables en una inferencia a la mejor explicación. Casos de especiación ecológica, como los estudiados por Stelkens y Seehausen (2009), muestran justamente que aunque existiera un sistema molecular de un solo carácter que permitiera identificar con precisión cada población animal, ese carácter

no podría constituir, por sí mismo, la identidad de esas poblaciones. Esto muestra que no hay dependencia metafísica entre identidad genética e identidad específica y explica, además, por qué la pretensión de usar el código de barras de ADN como un método de descubrimiento da lugar a clasificaciones meramente convencionales, dado que el método excluye la posibilidad de que una hipótesis taxonómica pueda ser contrastada independientemente de la distancia genética; o da lugar a identificaciones dependientes epistémicamente de propiedades relacionales previamente conjeturadas. En el primer caso, el método es inviable conceptualmente; en el segundo caso, deja de ser un método estrictamente molecular.

Referencias

- Azcona, M. (2019). Abducción e inferencia a la mejor explicación: Criterios para su delimitación metodológica. *Epistemología e Historia de la Ciencia*, 4(1), 33-55.
- Bingpeng, X., Heshan, L., Zhilan, Z., Chunguang, W., Yanguo, W., & Jianjun, W. (2018). DNA barcoding for identification of fish species in the Taiwan Strait. *PloS one*, 13(6), 1-13. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0198109>
- Blaxter, M. (2004). The promise of a DNA taxonomy. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 359(1444), 669-679. <https://doi.org/10.1098/rstb.2003.1447>
- Cognato, A. I., Sari, G., Smith, S. M., Beaver, R. A., Li, Y., Hulcr, J., Jordal, B. H., Kajimura, H., Lin, C. S., Pham, T. H., Singh, S., & Sittichaya, W. (2020). The essential role of taxonomic expertise in the creation of DNA databases for the identification and delimitation of southeast asian Ambrosia beetle species (Curculionidae: Scolytinae: Xyleborini). *Frontiers in Ecology and Evolution*, 8(27), 1-17. <https://doi.org/10.3389/fevo.2020.00027>
- Chase, M. W., & Fay, M. F. (2009). Barcoding of plants and fungi. *Science*, 325(5941), 682-683. <https://doi.org/10.1126/science.1176906>
- Devitt, M. (2008). Resurrecting biological essentialism. *Philosophy of Science*, 75(3), 344-382. <https://doi.org/10.1086/593566>
- Devitt, M. (2018a). Individual essentialism in biology. *Biology & Philosophy*, 33(39). <https://doi.org/10.1007/s10539-018-9651-1>
- Devitt, M. (2018b). Historical biological essentialism. *Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*, 71, 1-7. <https://doi.org/10.1016/j.shpsc.2018.05.004>
- DeSalle, R. (2006). Species discovery versus species identification in DNA

- barcoding efforts: Response to Rubinoff. *Conservation Biology*, 20(5), 1545-7. <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2006.00543.x>
- DeSalle, R., & Goldstein, P. Z. (2019). Review and interpretation of trends in DNA barcoding. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 7(302), 1-11. <https://doi.org/10.3389/fevo.2019.00302>
- Harman, G. H. (1965). The inference to the best explanation. *The Philosophical Review*, 74(1), 88-95.
- Hanner, R., Floyd, R., Bernard, A., Collette, B. B., & Shivji, M. (2011). DNA barcoding of billfishes. *Mitochondrial DNA*, 22(sup1), 27-36. <https://doi.org/10.3109/19401736.2011.596833>
- Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L., & deWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 270(1512), 313-321. <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>
- Hebert, P. D. N., Stoeckle, M., Zemlak, T., & Francis, C. (2004). Identification of birds through DNA Barcodes. *PLoS Biol*, 2(10), e312, 1657-1663. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0020312>
- Hebert, P. D. N., Hollingsworth, P. M., & Hajibabaei, M. (2016). From writing to reading the encyclopedia of life. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 371, 20150321, 1-9. <https://doi.org/10.1098/rstb.2015.0321>
- Holmes, B. (2004, 26 de junio). Barcode me. *NewScientist*, 32-35. <https://www.newscientist.com/article/mg18224535-400-barcode-me/>
- Kekkonen, M., & Hebert, P. D. (2014). DNA barcode-based delineation of putative species: Efficient start for taxonomic workflows. *Molecular Ecology Resources*, 14(4), 706-715. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12233>
- Lee, M. S. Y. (2003). Species concepts and species reality: Salvaging a Linnaean rank. *Journal of Evolutionary Biology*, 16(2), 179-188. <https://doi.org/10.1046/j.1420-9101.2003.00520.x>
- Lee, M. S. Y. (2004). The molecularisation of taxonomy. *Invertebrate Systematics*, 18(1), 1-6. <https://doi.org/10.1071/IS03021>
- Mayr, E. (1982). *The growth of biological thought: Diversity, evolution, and inheritance*. Harvard University Press.
- Nosil, P. (2012). *Ecological Speciation*, Oxford University Press.
- Okasha, S. (2000). Van Fraassen's critique of inference to the best explanation. *Studies in History and Philosophy of Science*, 31(4), 691-710.
- Orr, M. C., Ascher, J. S., Bai, M., Chesters, D., & Zhu, C. D. (2020). Three questions: How can taxonomists survive and thrive worldwide? *Megatatax*, 1(1), 19-27. <http://dx.doi.org/10.11646/megatatax.1.1.4>

- Paz, A., González, M., & Andrew, J. (2011). Códigos de barras de la vida: Introducción y perspectivas. *Acta biológica colombiana*, 16(3), 161-176.
- Ratnasingham, S., & Hebert, P. D. N. (2013). A DNA-based registry for all animal species: the barcode index number (BIN) system, *PLoS ONE*, 8(7), e66213. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0066213>
- Rubinoff, D., Cameron, S., & Will, K. (2006). Are plant DNA barcodes a search for the Holy Grail? *Trends in Ecology and Evolution*, 21(1), 1-2. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2005.10.019>
- Stelkens, R. B., & Seehausen, O. (2009). Phenotypic divergence but not genetic distance predicts assortative mating among species of a cichlid fish radiation. *Journal of Evolutionary Biology*, 22(8), 1679-1694. <https://doi.org/10.1111/j.1420-9101.2009.01777.x>
- Tautz, D., Arctander, P., Minelli, A., Thomas, R. H., & Vogler, A. P. (2003). A plea for DNA taxonomy. *Trends in Ecology & Evolution*, 18(2), 70-74. [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(02\)00041-1](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(02)00041-1)
- Valdecasas, A. G., Williams D., Wheeler, Q. D. (2008). 'Integrative taxonomy' then and now: A response to Dayrat (2005). *Biological Journal of the Linnean Society*, 93(1), 211-216. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.2007.00919.x>
- Will, K. W., Mishler, B. D., & Wheeler, Q. D. (2005). The perils of DNA barcoding and the need for integrative taxonomy. *Systematic Biology*, 54(5), 844-851. <https://doi.org/10.1080/10635150500354878>
- Yeates, D. K., Seago, A., Nelson, L., Cameron, S. L., Joseph, L. E. O., & Trueman, J. W. (2011). Integrative taxonomy, or iterative taxonomy? *Systematic Entomology*, 36(2), 209-217. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3113.2010.00558.x>

Recibido el 19 de junio de 2020; revisado el 20 de agosto de 2020; aceptado el 29 de agosto de 2020.