

Ernesto Ruelas Inzunza

# El concepto de *especie* en biología

Es casi imposible encontrar definiciones y conceptos de aplicación universal en biología. La especie, una categoría clave, se ha debatido durante mucho tiempo. Nuestra tendencia a encasillar a la diversidad biológica en compartimentos que permitan establecer clasificaciones y jerarquías parece estar reñida con la realidad. Los continuos en la naturaleza son más una regla que una excepción.



## **Divisa f.** Señal exterior para distinguir personas, grados u otras cosas.<sup>1</sup>

La gente gusta de clasificar a las cosas en categorías que facilitan la comunicación y disipan la ambigüedad que conlleva la abstracción. Idealmente, las clasificaciones permiten a sus usuarios organizar en categorías jerárquicas, lo que da una sensación de estructura y orden. El uso de categorías es ubicuo; en cierto sentido pueden ser consideradas divisas de cambio.

Tomemos por ejemplo el metro. El metro es un estándar —respaldado por una barra hecha de una aleación de iridio-platino— que fue acordado para resolver un debate añejo de unidades muy variables para medir distancias. Después del metro llegó el segundo, el kilogramo y otras unidades que conforman el Sistema Interna-

<sup>1</sup> Definiciones del *Diccionario de la Lengua Española*, Real Academia Española, en línea.





cional de Unidades. Éste hoy dispone de siete divisas básicas de tiempo, masa, longitud, etc., las cuales son muy precisas y dejan muy poco margen para el error. Más aún, muchas de ellas tienen categorías anidadas; por ejemplo, cien centímetros hacen un metro y mil metros, un kilómetro.

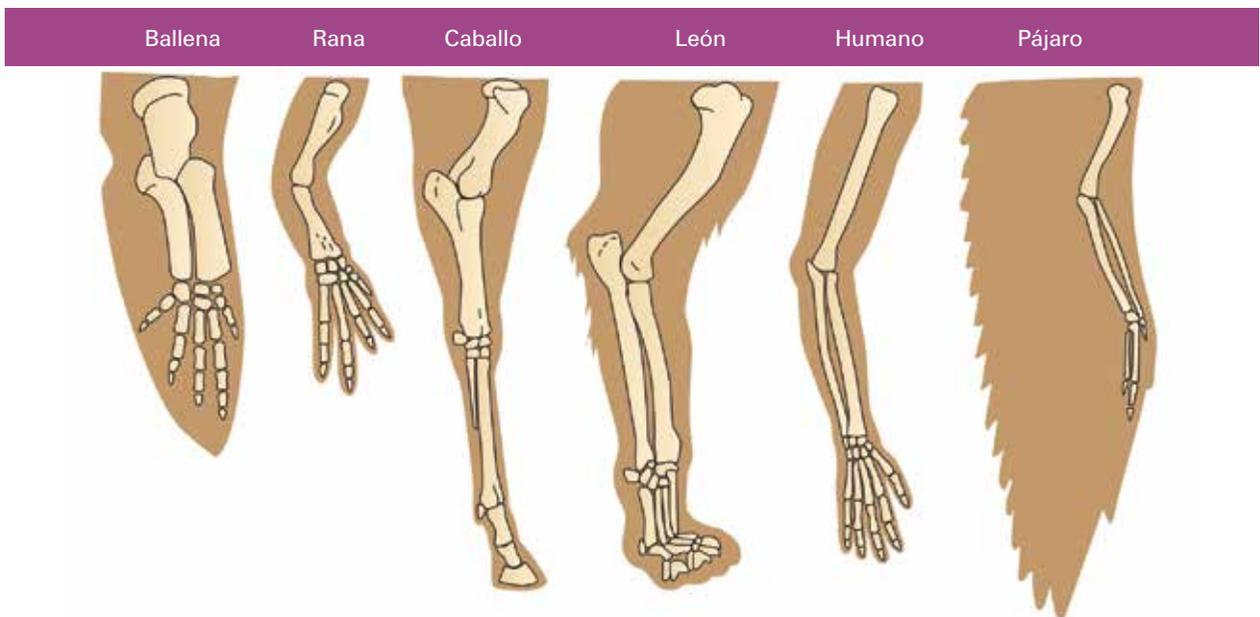
De manera similar al debate del estándar de unidades, los biólogos han buscado divisas para comunicar su ciencia. Un punto de inicio obvio es el organismo, aunque los microscopios y otras herramientas han servido para buscar otras divisas de carácter más fino, por debajo de este nivel: la célula, los organelos como el núcleo, el cloroplasto, la mitocondria, y muchos otros posibles candidatos ofrecidos por sus proponentes como divisas de cambio. Muchos otros científicos han seguido la dirección opuesta y ampliado el enfoque para incluir, en algunos casos, el conjunto de variables ambientales que rodean a los grupos de organismos. Así, acuñaron nuevos términos para definir esas otras posibles divisas, como la población, la comunidad, el ecosistema y la biosfera.

¿Cuáles son las divisas usadas en la biología moderna? ¿Son estas unidades fundamentales –y los límites que las definen– universalmente aceptadas? ¿Por qué deberíamos seguir interesados en ellas y por qué no?

■ **Límite m. Línea real o imaginaria que separa dos terrenos, dos países, dos territorios.**

Quizá las respuestas a esas preguntas se pueden obtener haciendo un examen de mayor profundidad a una de las divisas biológicas más importantes: la especie. El padre de la taxonomía moderna, Carolus Linnaeus, creó un elaborado marco de referencia llamado *Systema Naturæ* para organizar a los seres vivos. Este sistema del siglo XVIII está basado en el concepto de *especies* y agrupa a éstas en categorías progresivamente mayores, como géneros, familias, órdenes, clases, *phyla* y reinos. El sistema linneano de organización de las especies es todavía una de las referencias estructurales de la biología, con numerosas actualizaciones que ocurren –literalmente– a diario. Este sistema de clasificación taxonómica está edificado sobre una premisa fundamental: el concepto de *especie*.

¿Qué es una especie? Bien, pues ¡depende de a quién le preguntes! Los biólogos han formulado varios conceptos que no son necesariamente equivalentes y se sustentan en diferentes supuestos: tres ejemplos comúnmente utilizados son el concepto de *especie biológica* (CEB), el concepto de *especie filogenética* y el concepto de *especie evolutiva*, entre otros.



Personalmente adopté el CEB como mi favorito desde que estaba estudiando en la facultad. El biólogo evolutivo Ernst Mayr definió a la especie de una manera parsimoniosa y elegante, que –a mi juicio– no dejaba lugar a ninguna duda. Para Mayr, una especie es “un grupo de poblaciones que actual o potencialmente se reproducen entre sí y que están reproductivamente aisladas de otros grupos similares”. Parecía muy sencillo: si un individuo es capaz de reproducirse con otros individuos de su propia población –así como con individuos de otras poblaciones–, entonces el conjunto de individuos que se pueden reproducir entre sí *debe* constituir una especie. Ah, ¡qué bonito es lo claro y preciso! Un límite definitivo entre aquellos que están incluidos y aquellos que no.

¿Y los híbridos entre diferentes especies? Seguro que yo ya sabía de éstos y del hecho de que tales “anomalías” ocurren con cierta frecuencia, pero siempre pensé que éstos eran evolutivamente callejones sin salida, individuos incapaces de producir progenie fértil. Esta excepción me parecía una objeción menor, algo que no amenazaba a mi amado CEB.

Pero lo que me pasó después fue desolador: en 1995 Jonathan Weiner publicó el libro *El pico del pinzón*. Weiner hizo una obra para el público general, en la cual detalla el trabajo a largo plazo de Rosemary y Peter Grant, y sus estudiantes de posgrado en Princeton, quienes estudiaban la dinámica poblacional de varias especies de pinzones de Darwin en las islas Galápagos (véase el Recuadro 1). Cuando terminé de leer el libro de Weiner estaba fascinado por la historia que relata. Los pinzones de diferentes especies coexisten en diferentes islas y se especializan en comer semillas de diferentes tamaños. Encontraron un pinzón pequeño que come semillas pequeñas, uno mediano para las semillas medianas y uno grande con un pico muy robusto para las semillas más grandes y más duras de consumir.

Todo bien con el libro, excepto que Weiner me echó a perder el CEB, uno de mis dogmas favoritos. En sus páginas describió cómo en años de sequía o de mucha lluvia el reparto de recursos entre las especies de pinzones se alteraba de manera dramática

### Recuadro 1. El flujo génico horizontal mezcla a las especies

Los pinzones de Darwin –un grupo de 13 especies de aves que habitan las islas Galápagos en Ecuador– son uno de los grupos más icónicos para el estudio de los procesos de especiación. Se dice que, inspirado en observar la variación de un grupo de aves evidentemente emparentadas, Charles Darwin hizo sus primeras conjeturas sobre el origen de las especies como descendientes de un ancestro común.

La literatura científica está llena de intentos por dilucidar sus relaciones evolutivas y de entender el árbol filogenético que explique sus relaciones. Muchos de estos intentos utilizan una combinación de herramientas moleculares, caracteres morfológicos y aspectos ecológicos para establecer tales relaciones. No obstante, después de siete décadas de investigación (desde David Lack, en 1947) no existe un consenso sobre estas relaciones: en parte, porque el desarrollo de nuevas técnicas de análisis (las más recientes de un poder resolutivo mucho mayor que las anteriores) sigue agregando nuevos detalles a lo que sabíamos de las relaciones entre las especies; por otro lado, porque hasta muy recientemente se ha reconocido que es importante incluir el flujo génico interespecífico como un criterio de gran importancia en la construcción de los árboles filogenéticos (que recientemente se propone denominarlos como arbustos, para explicitar que las ramas de los diferentes linajes se encuentran entrelazados).

En la Figura se ilustran las relaciones que existen entre especies de pinzones de Darwin: el flujo génico horizontal entre algunas de ellas dificulta esclarecer cuál es la relación entre estas especies.

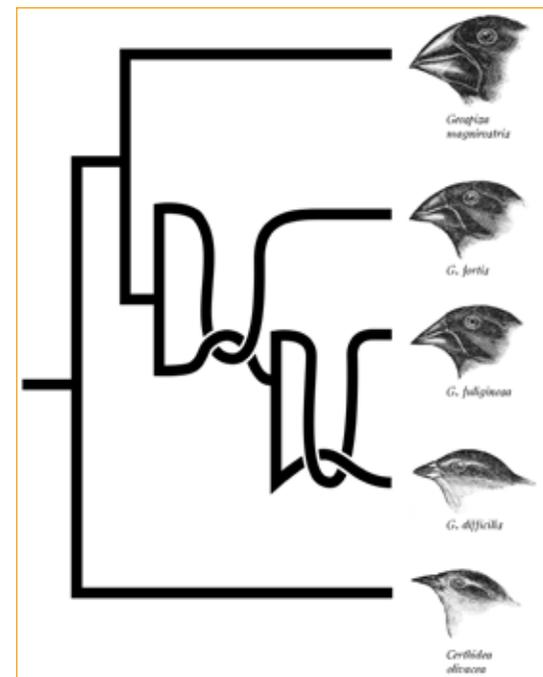


Figura 1. Relaciones entre especies de pinzones de Darwin.



**Presión selectiva**

Procesos de selección natural que operan solamente sobre una parte de la población. Por ejemplo, en una población de ratones sometida a condiciones de frío intenso, la presión selectiva eliminará primero a los individuos pequeños, y aquellos que son más grandes y tolerantes al frío sobrevivirán con relativamente pocos problemas. Si dichas condiciones ambientales se sostienen, a lo largo del tiempo la población de ratones tendrá una talla mayor.

con un cambio direccional en la **presión selectiva** que suprimía a la especie de pico pequeño o a la de pico grande. El aumento de precipitación favorecía la abundancia de semillas pequeñas; consecuentemente, movía la balanza a favor de la presencia de los pinzones de picos pequeños y a la casi desaparición de los pinzones de pico grande, que disponían de pocas semillas grandes. Por el contrario, en años de sequía extrema, sólo los pinzones de picos más robustos sobrevivían y los de picos pequeños casi desaparecían.

Los tres tipos diferentes de pinzones, a través de la hibridación, podían fusionarse en dos (y en años extremos ¡casi en una sola!) de las categorías de pinzón, o bien separarse de manera clara en las tres formas fácilmente distinguibles en respuesta a las oscilaciones en la presión selectiva ejercida por los cambios en la precipitación. Los Grant habían demostrado por años que esas especies de pinzones cercanamente emparentadas podían reproducirse entre sí como respuesta a los cambios en las condiciones ambientales.

**Flujo génico horizontal o interespecifica**

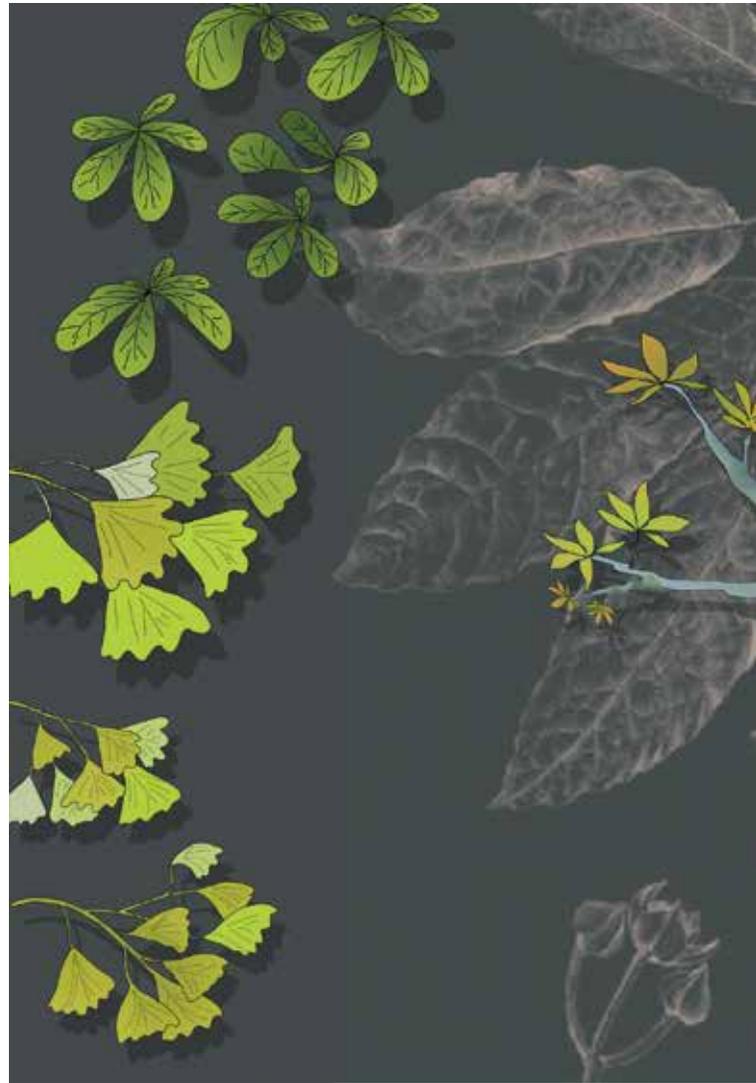
Instancias en las que una especie "pide prestada" diversidad genética de otra especie -que es pariente cercana- para aumentar su propia diversidad genética e incrementar su capacidad para enfrentar el cambio del ambiente.

Resulta que estos incidentes de **flujo génico horizontal** están relativamente extendidos entre las especies. Hasta ese momento yo no sabía nada al respecto.<sup>2</sup>

**Discreto adj.** Separado, distinto; dicho de una magnitud: que toma valores distintos y separados.

El problema, pensé, era sin duda mi elección de concepto de *especie*. Tuve que dejar el CEB y adoptar uno más actual y cuantitativo. Por un tiempo me convertí al concepto de *especie filogenética*, que se basa también en la premisa del aislamiento reproductivo, pero busca otorgarle a ésta un valor de diferenciación genética más allá del cual un grupo de individuos ha cruzado el umbral de viabilidad reproductiva.

<sup>2</sup> Los híbridos como una anomalía... no lo son tanto. Le conté la historia de los pinzones a una amiga botánica y me contestó: "Ah, sí, eso es común entre plantas." Lo dijo de una manera trivial, como si fuera lo más normal. El golpe fatal a mi CEB todavía me hacía eco en la memoria.



¿No sería maravilloso fijar un límite más allá del cual no es posible reproducirse y que separe a las especies en categorías discretas? Por ejemplo, éste podría ser el 2% que nos separa a los humanos de nuestros parientes vivos más cercanos: el chimpancé y el bonobo. Pero aun esa diferencia podría sonarle a algunos como muy burda, y podríamos definir como límite la diferencia de 0.3% que nos separa de nuestro pariente más cercano conocido: el Neanderthal.<sup>3</sup>

<sup>3</sup> Hasta hace poco tiempo se pensaba que no había evidencia de flujo génico entre los humanos modernos y los Neanderthal. Ahora está claramente establecido que sí, y que su descendencia es fértil: los humanos modernos llevan consigo hoy en día un pequeño porcentaje de genes de Neanderthal. De manera que esta diferencia porcentual es demasiado fina para separar a dos especies.



Bueno, al examinar diferentes casos resulta que esta diferencia tampoco funciona. Parece ser que la distancia genética no opera de esa manera. En 1994 Gilles Seutin y sus colaboradores cuantificaron la divergencia en el ADN mitocondrial entre distintas poblaciones de un pájaro llamado **platanero** (*Coereba flaveola*) en diferentes islas del Caribe y en la porción continental de América tropical. En su estudio descubrieron una diferencia muy alta (2.7%) entre las poblaciones. Sin embargo, pese a la gran distancia

genética que existe entre los plataneros de diferentes islas, los taxónomos aún consideran que se trata de una sola especie. No obstante, en una investigación previa el mismo equipo de colaboradores había hecho una síntesis de los estudios en que se estimaba la divergencia al interior de una especie (diferencia intraespecífica), que tenía un rango de 0.2% a 0.9%, y la divergencia entre especies del mismo género (diferencia interespecífica), que variaba de 1% a 7%. Esto es, las diferentes poblaciones del platanero son suficientemente divergentes para ser consideradas especies separadas.

¿Será posible tener una “regla de distancia genética” para determinar las diferencias entre especies según sus taxones? Quizá ésta se podría establecer, pero ¿cuál sería su valor? ¿Es la cantidad o proporción de sustituciones de ADN una forma indiscutible para determinar el potencial que tienen los individuos y las poblaciones para reproducirse? Estas preguntas aún se discuten acaloradamente, pero la posibilidad de una métrica cuantitativa que sea generalmente aceptada es imposible.

Mi creciente (pero todavía algo primitivo) entendimiento de los métodos modernos para construir árboles filogenéticos que ilustran las relaciones evolutivas terminó con mi búsqueda de un límite claro e indiscutible entre las especies. Como si fuera un castillo de naipes, las categorías jerárquicas por encima de la especie súbitamente se convirtieron en artificios aun más débiles y menos naturales, y para mí cayeron en una suerte de cascada inversa detonada desde la especie.

Hace tres o cuatro décadas que los biólogos moleculares hicieron equipo con expertos en estadística e informática para generar árboles filogenéticos robustos que agrupan organismos con base en las secuencias compartidas de su genoma. La construcción de estas filogenias es tan fascinante como complicada. Los árboles organizan cantidades masivas de datos que requieren modelos estadísticos sofisticados, los cuales sólo son posibles hoy en día gracias a los avances en el poder de las computadoras.

En estos árboles, la raíz —en la base— indica una cantidad mayor de ADN compartido; sus ramas se bifurcan en nodos que irradian progresivamente hacia

#### Platanero

Un pájaro de barriga amarilla y pico curvo y afilado, que morfológicamente es muy similar a lo largo de todo el rango de poblaciones.



afuera según se incrementan las diferencias entre familias, órdenes, géneros, especies y categorías más finas. Los árboles tienen ramas terminales de diferente longitud que reflejan que hay un rango bastante amplio de valores por utilizar para definir una especie.

Dichos árboles nos ayudan también a entender las relaciones evolutivas. La popularización de la información filogenética a través de internet constituye otro avance fantástico que ha ayudado a que el público en general pueda entender la naturaleza abstracta del concepto de *especie*. Hoy en día hay varias iniciativas que trabajan en el ensamble de árboles masivos con la información disponible en la literatura y bases de datos especializadas. Una de las características más sorprendentes de estos árboles es que invariablemente son reticulados; es decir, hay ramas que se desprenden de porciones basales de esos árboles –donde las especies más “sencillas”, como las bacterias, se encuentran ubicadas– y que “unen” nuevamente a los organismos multicelulares “superiores”, ubicados en las ramas de posiciones más terminales. Esta característica demuestra que el flujo génico fuera de la especie no se restringe a aquellos linajes cercanamente emparentados –como los pinzones de Darwin–, sino que también existen muchos ejemplos de asociaciones quiméricas de organismos que son familiares muy lejanos.<sup>4</sup>

**Alternativa f. Opción entre dos o más cosas.**

Resulta entonces que la especie es una unidad muy subjetiva. ¿Qué tal buscar divisas con límites discretos a diferentes niveles de organización biológica? El individuo ha sido ofrecido como candidato.

¿Pero qué es un individuo? Uno puede definir con seguridad una garza o una tortuga como una unidad clara y discreta; pero ¿qué tal el caso, por ejemplo, de las palmas? Muchas de sus especies se pueden reproducir de dos maneras diferentes. Una es a través de semillas, así como muchas otras angiospermas;

<sup>4</sup> Personalmente sigo sorprendido por la similitud que existe entre los árboles filogenéticos modernos y aquellos contruidos con la intuición de la sistemática antigua. Deberíamos dar una ovación de pie en reconocimiento a la percepción casi artística de sus autores.

las plántulas combinan el material genético de dos individuos y producen un individuo genéticamente distinto que, eventualmente, y de ir todo bien, se convertirá en una palma de varios metros de alto. ¿Pero qué tal el sistema alternativo para reproducirse por rizomas, clones de una planta inicial que se originan en el sistema de raíces? Las palmas hacen esto con frecuencia, tal y como lo hacen las fresas, los tréboles y muchas otras especies. ¿Dónde trazamos la línea entre lo que distingue a un individuo en pastos, corales duros y otros organismos **clonales** y **coloniales**?

Quizá la mejor divisa es la célula, esa maravillosa unidad independiente. Ésta tiene también la ventaja de estar contenida en sí misma, limitada por una membrana que separa su contenido del mundo exterior. Pero si leemos un poco más, resulta que esta alternativa tampoco funciona: hemos descubierto que las células de ciertos organismos tienen núcleos que migran entre células contiguas para dictar instrucciones de expresión genética en un sitio antes de moverse a otra célula.

En 1966 George Williams, de la Universidad Estatal de Nueva York en Stony Brook, ofreció otro candidato: el gen. Fue el autor británico Richard Dawkins quien más tarde popularizó la idea de que estas secciones discretas de ADN en el genoma de una especie son sin duda la unidad que estamos buscando –una espiral con dos filas de nucleótidos apareados, cuyo propósito es autoperepetuarse–. Esta idea pareciera genial, pero ha creado bandos enemigos entre quienes la apoyan y otros que desearían echar la propuesta a la basura. La discusión sigue activa.

Si tratamos de encontrar divisas por encima del nivel del organismo, la imagen se torna aún más difusa: las poblaciones, por ejemplo, no son unidades discretas y los individuos pueden moverse libremente entre éstas. Las comunidades no son sistemas funcionales autocontenidos, sino ensambles de especies arbitrariamente definidos por los investigadores. La siguiente categoría hacia arriba, el ecosistema, incluye componentes no vivos. Podríamos hacer búsquedas detalladas en todos los niveles de organización biológica y en cada caso encontraríamos excepciones que destruyen la candidatura de todas sus divisas.

**Clonal**  
Un grupo de células u organismos genéticamente idénticos.

**Colonial**  
Un grupo de organismos que viven juntos. Aunque muchos de ellos pudiesen estar cercanamente emparentados y ser genéticamente muy similares, éstos no son idénticos como los clones.

**Conveniente adj. Útil, oportuno, provechoso.**

¡Qué gran reto! Quizá nuestro deseo excesivo por establecer categorías discretas es responsable de esta situación. Dawkins le llama la “tiranía de la mente discontinua”. Si se nos hubiera enseñado a pensar en el mundo vivo como un continuo, donde las categorías son simplemente aceptadas como abstracciones convenientes que facilitan la comunicación (y que señalan puntos relativamente claros a lo largo de un gradiente), estaríamos menos obsesionados con la definición de estas unidades discretas fundamentales.

Me pregunto si podemos dejar de otorgarle ese lugar central a las categorías artificiales y enfocarnos en otras cuestiones. No deseo terminar este artículo dejando la impresión de que estas divisas no tienen utilidad: sin duda, son cajones artificiales que nos ayudan a intercambiar ideas. Creo que la discusión sobre la precisión del concepto de *especie* –al igual que la de cualquier otra categoría mencionada aquí– debería servir solamente como un refinamiento para ayudarnos a entender un continuo, y no convertirse en un fin en sí.

Mi opinión es que los límites en la biología no existen.

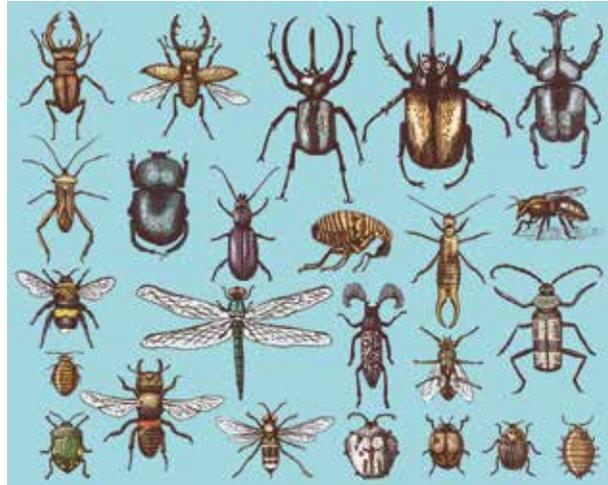
### Agradecimientos

Agradezco a Isabel Ladrón de Guevara por animarme a publicar estas ideas; a ella le dedico este escrito. También, al programa Prodep de la Secretaría de Educación Pública (UV-PTC-868) y al Sistema Nacional de Investigadores del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (47135) por su apoyo financiero.

### Ernesto Ruelas Inzunza

Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana.

ruelas.uv@gmail.com



### Lecturas recomendadas

- Dawkins, R. (1976), *The Selfish Gene*, Londres, Oxford University Press. (Publicado en español como: Dawkins, R. (1976), *El gen egoísta*, Bogotá, Editorial Salvat Ciencia.)
- Drummond, A. J. et al. (2012), “Bayesian phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7”, *Molecular Biology and Evolution*, 29:1969-1973.
- Grant, P. R. (1999), *Ecology and Evolution of Darwin's Finches*, Princeton, Princeton University Press.
- Lamichhaney, S. et al. (2015), “Evolution of Darwin's finches and their beaks revealed by genome sequencing”, *Nature*, 518:371-375.
- Ottenburghs, J. et al. (2016), “Birds in a bush: Toward an avian phylogenetic network”, *The Auk*, 133: 577-582.
- Seutin, G. et al. (1993), “Genetic divergence among populations of a tropical passerine, the Streaked Saltator (*Saltator albicollis*)”, *The Auk*, 110:117-126.
- Seutin, G. et al. (1994), “Historical biogeography of the Bananaquit (*Coereba flaveola*) in the Caribbean region: a mitochondrial DNA assessment”, *Evolution*, 48: 1041-1061.
- Wiener, J. (1995), *The Beak of the Finch*, Nueva York, Vintage Books. (Publicado en español como: Wiener, J. (2002), *El pico del pinzón: una historia de la evolución en nuestros días*, Madrid, Círculo de Lectores Editores.)