

DESAFIOS DA TAXONOMIA: UMA ANÁLISE CRÍTICA

Maikon Di Domenico*
 Lucas M. Aguiar**
 André R. S. Garraffoni***

Resumo

Conhecida como a ciência da identificação, e provavelmente a mais antiga das ciências, a taxonomia é a base classificatória da biologia, mas, paradoxalmente, a sua importância nem sempre é devidamente entendida e valorada. Dentre outras funções, a taxonomia presta serviço aos demais ramos das ciências biológicas identificando, descrevendo e nomeando organismos. Entretanto, estes ramos nem sempre levam em conta os conceitos e os desígnios da taxonomia, utilizando-a de forma ambígua ou claramente equivocada. Este ensaio aborda os futuros e atuais desafios da taxonomia, consequentemente, da biodiversidade, dentro de um contexto histórico e filosófico, sustentando a premissa de que os avanços teóricos e tecnológicos necessitam ser harmoniosos para o fim a que se destina a informação taxonômica: identificar, descrever, nomear e ordenar os organismos. Foi abordado o desenvolvimento histórico da taxonomia até as implicações atuais do seu desígnio, sendo discutidos os princípios da sistemática filogenética com a aplicação do código internacional de nomenclatura zoológica, o conceito e os critérios para a classificação de espécies (e alguns de seus problemas), os impasses taxonômicos nos tempos modernos e as medidas de aprimoramento da taxonomia com o surgimento da Cibertaxonomia.

Palavras-chave: Impasses taxonômicos, Inferência abductiva, Infraestrutura cibernética, Nomenclatura biológica, Sistemática filogenética.

Resumen

Conocida como la ciencia de la “identificación” y probablemente la más antigua de las ciencias, la taxonomía es la base clasificatoria de la biología, pero, paradójicamente, su importancia ni siempre es debidamente entendida y valorada. Entre otras funciones, la taxonomía presta servicio a las demás ramas de las ciencias biológicas identificando, describiendo y nombrando organismos. Entretanto, estas ramas ni siempre llevan en cuenta los conceptos y los designios de la taxonomía, utilizándola de forma ambigua o claramente equivocada. Este ensayo aborda los futuros y actuales desafíos de la taxonomía, consecuentemente, de la biodiversidad, dentro de un contexto histórico y filosófico, sustentando la primicia de que los avances teóricos y tecnológicos necesitan ser armoniosos para el fin a que se destina la información taxonómica: identificar, describir, nombrar y ordenar los organismos. Fue abordado el desarrollo histórico de la taxonomía hasta las implicaciones actuales de su designio, siendo discutidos los principios de la sistemática filogenética con la aplicación del código internacional de nomenclatura zoológica, el concepto y los criterios para la clasificación de especies (y algunos de sus problemas), los impasses taxonómicos en los tiempos modernos y las medidas para mejorar la taxonomía con el surgimiento de la Cibertaxonomía.

Palabras claves: Impases taxonómicos, Inferencia abductiva, Infraestructura cibernética, Nomenclatura biológica, Sistemática filogenética.

* Programa de Pós-graduação em Zoologia, Universidade Federal do Paraná (UFPR). E-mail: maik2dd@gmail.com

** Universidade Federal da Integração Latino-Americana (UNILA), Foz do Iguaçu, Brasil.

*** Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Departamento de Ciências Biológicas, Campus II, Diamantina, Brasil.

Introdução

A taxonomia serve como base e influencia vários ramos da biologia ao proporcionar a identificação, descrição, nomeação e ordenamento dos organismos em um sistema de classificação que deve ser coerente com o pensamento biológico vigente (Wheeler 2008). Atualmente, a taxonomia ou sistemática biológica tem duas grandes metas: o desenvolvimento de uma árvore ou rede da vida, universal, que apresente as relações entre todos os organismos e a criação de um catálogo da vida para acessar toda a informação disponível (Wilson 2003; Zhang & Shear 2007). Contudo, o papel central da taxonomia no estudo contemporâneo da biodiversidade é posto em dúvida por alguns cientistas (e.g. Godfray 2002, 2007; Anônimo 2007). Para eles, a taxonomia é apenas uma ferramenta necessária para dar nomes às entidades biológicas, propiciando a utilização desses nomes em estudos de distinta natureza. Além disso, a taxonomia também é freqüentemente criticada por ser uma disciplina puramente descritiva, pela sua morosidade na obtenção de resultados e formação de novos profissionais, e pela falta de adequação às novas técnicas (Godfray 2002, 2007; Anônimo 2007).

Tal “impasse taxonômico” gera situações que afetam gravemente o estudo da sistemática dos organismos, já que propicia o declínio na formação de recursos humanos atuantes na taxonomia e a aplicação de um sistema de nomenclatura sem comprometimento com métodos científicos taxonômicos por ecólogos e conservacionistas que criam novos conceitos de maneira completamente subjetivos (p. ex. “unidades taxonômicas reconhecíveis” ou “morfoespécies”) (Bortolus 2008; Carvalho *et al.* 2005, 2007; Krell 2004).

Apesar desta perda de reconhecimento e prestígio, a taxonomia vem sendo incrementada com novos métodos de identificação e classificação biológica, particularmente a taxonomia do DNA (*DNA barcoding*), a estrutura cibernética e a nomenclatura filogenética (*Phylocode*). Essas novas técnicas prometem rapidez na identificação de toda a biota do planeta através da simples comparação de um fragmento de DNA, que já pode ser

acessados facilmente na *Internet* (GENBANK), e estabilidade nomenclatural mais coerentes com as construções filogenéticas, fatores estes não observados na taxonomia lineana (de Queiroz & Gauthier 2004; Cantino & de Queiroz 2007; Godfray 2007; Anônimo 2007).

Muitos dos conceitos e os designios da taxonomia foram postos de lado, culminando com uma interpretação ambígua e claramente equivocada dessa ciência devido, principalmente, ao desconhecimento das bases teóricas e epistemológicas que a norteiam (Wheeler 2007). Diante dos “ataques” correntes e das propostas de métodos alternativos, este trabalho teve como objetivo avaliar de maneira crítica os desafios e os impasses que enfrenta a taxonomia, dentro de um contexto histórico e filosófico, abordando os princípios da sistemática filogenética, o problema do termo espécie e as novas formas propostas para a prática taxonômica.

Breve histórico da nomenclatura biológica

A existência humana sempre foi dependente de sua habilidade de reconhecer similaridades e diferenças de formas nas discontinuidades do meio físico e biológico em que vive. Sempre que tem de lidar com eventos ou objetos, os humanos têm propensão para nomear e constituir grupos, que por sua vez, são subdivididos em outros grupos (Raven *et al.* 1971; Mateus 1989). Dessa forma, pode-se dizer que uma taxonomia morfológica sempre esteve no âmago da humanidade (Miranda 2005). Esta propensão também resulta da tendência dicotômica natural do pensamento humano que o ajuda a reunir em grupos objetos que tem alguma coisa em comum, tornando mais fácil seu estudo (Mateus 1989) e, conseqüentemente, o sucesso de suas decisões. Portanto, o surgimento da preocupação em classificar a diversidade de organismos vivos, vistos ao nosso redor, deve ter sido uma atividade intrínseca ao raciocínio humano (Amorim 2002; Rapini 2004). Além disso, é interessante ressaltar que em identificações praticadas por “povos tradicionais”, os organismos nomeados eram poucos e localmente conhecidos, sendo a maioria de grande importância cultural (Raven *et al.* 1971).

O surgimento de um sistema padronizado de classificação e nomenclatura permitiu ao homem armazenar, resgatar e relacionar informações acumuladas em diferentes épocas e regiões (Rapini 2004). Em um sentido mais biológico, classificação seria uma fonte sintética de informação sobre a diversidade biológica (Amorim 2002).

As primeiras classificações biológicas tiveram suas raízes na Grécia Antiga com Platão e Aristóteles (Amorim 2002). Para esses filósofos, espécies eram *eidos* (classes) independentes, definidas morfologicamente, com essências fixas e imutáveis. O conceito de espécie vigente era o tipológico, segundo o qual uma espécie é o conjunto de indivíduos que correspondem a cópias imperfeitas do mesmo tipo ideal que existiria em um universo ideal, atemporal (Mateus 1989; Amorim 2002).

Séculos depois, com o impulso que o Renascimento trouxe para a ciência, os primeiros naturalistas, durante o período que pode ser interpretado como a gênese da história natural, compreenderam que as classificações serviriam a um duplo objeto, um prático e outro geral (Mayr 1997). No primeiro caso, era o de servir como uma chave de identificação ou um índice para um armazenamento de informações e um sistema de recuperação de tais informações. Por outro lado, a principal função da classificação tornou-se a delimitação dos táxons e a construção de uma hierarquia entre os mesmos, que permitisse o maior número possível de generalizações (Mayr 1997). O entendimento desse duplo objetivo só foi sintetizado sob um nome específico em 1813 quando De Candolle cunhou o termo taxonomia, do grego, *taxis* = arranjo e *nomos* = lei (Mateus 1989; Groves 2004).

Dentre os vários sistemas de classificação propostos para acessar a miríade de informações geradas sobre a biodiversidade entre os séculos XV e XVIII (para uma revisão desses sistemas, veja Mayr 1997), um, em especial, se tornaria a pedra fundamental da taxonomia moderna, a décima edição do *Systema Naturae* de Carolus Linnaeus (Carl Lineu). Com esse sistema, Lineu, iniciou as bases para o estabelecimento de uma ciência que teria como intuito construir bases teóricas e práticas que se ocupassem em identificar, classificar e nomear organismos (ICZN

1999; Winston 1999). Inicialmente, o objetivo maior do método de Lineu era uma meta prática de assegurar a correta identificação das plantas e animais, independentemente do processo pelo qual se desenvolvesse essa procura (Mayr 1997). Assim, fornecer a classificação de um táxon seria a realização de um sistema que permitisse dar nomes com rapidez e segurança devido ao uso de caracteres bem definidos e estáveis. A grande diferença entre o sistema de classificação de Lineu, com relação aos naturalistas anteriores, foi o abandono das dicotomias descendentes. Ao invés disso, Lineu classificou o mundo natural nos reinos (*Regna tria naturae*) minerais, plantas e animais e subdividiu-os em níveis categóricos como classes, ordens, gêneros e espécies. Isso conferiu clareza e consistência ao sistema (Mayr 1997).

Entretanto, menos de um século após a publicação da décima edição do *Systema Naturae*, os naturalistas europeus foram confrontados com uma série de novos acontecimentos que inexoravelmente os obrigaram a reavaliar seus conceitos a cerca das bases da taxonomia. Com o aumento do conhecimento da diversidade de formas oriundas de novas localidades geográficas, as cinco categorias criadas por Lineu não eram mais suficientes para classificar todas essas novas descobertas (Raven *et al.* 1971; Amorim 2002, Godray 2002). Ainda no século XIX, o britânico J. E. Gray agrupou os gêneros em famílias e as classes em filos (Groves 2004). Posteriormente, mais categorias intermediárias foram criadas (p. ex. “tribos”, “super-”, “sub-”, “infra-”, etc) e uma maior dose de subjetivismo foi adicionada ao sistema, já que a lógica inicial de Lineu havia sido destruída com o surgimento das novas hierarquias (Raven *et al.* 1971, Amorim 2002). Além disso, nesse período também ocorreu o surgimento das primeiras idéias sobre a existência da transmutação (i.e. evolução) das espécies (e.g. Lamarck 1809), que se chocava de frente com a perspectiva fixista então vigente, logo confrontada pela revolução científica e filosófica propiciada pela teoria da seleção natural de C. Darwin e A. R. Wallace em 1859.

Mais recentemente, com o desenvolvimento e consolidação da sistemática filogenética de W. Hennig (1950-1966) como principal ferramenta dos

estudos sistemáticos e o aparecimento de novas técnicas que propiciaram a utilização de fontes de informações distintas da morfologia, as bases da taxonomia tiveram de ser definitivamente reestruturadas. Essa constatação é mais que explícita na famosa frase de T. Dobzhansky em 1973: “nada na biologia faz sentido, a não ser à luz da evolução”.

Taxonomia e Sistemática

Segundo Amorim (2002), pode-se considerar historicamente pelo menos cinco linhas principais de escolas taxonômicas: lineana, catalográfica, fenética, gradista e filogenética. Em uma visão geral, a escola lineana ou essencialista fundamenta-se na lógica de Aristóteles e utiliza o método intuitivo de reunir táxons com base em semelhanças compartilhadas. A escola catalográfica pode ser vista como um sistema “subjetivo” de classificação, onde é apenas feito o registro do táxon, sem levar em conta o pensamento evolutivo. A taxonomia fenética ou numérica trabalha com a hierarquia de semelhanças absolutas e fornece um tratamento numérico para a reunião ou separação de táxons baseados na semelhança média dos caracteres apresentados em uma matriz de dados. A escola gradista apresenta o pensamento evolutivo na sua base, mas acredita que a filogenia não seja uma premissa necessária para as classificações. O conceito principal nessa escola é o grau, ou seja, um grupo de táxons que compartilha um conjunto de características adaptativas, que não necessariamente precisa refletir um grupo monofilético. A sistemática filogenética propõe que as classificações biológicas devem refletir o conhecimento obtido nas relações de parentesco entre os táxons estudados e, portanto, devem conter apenas grupos monofiléticos. Esse método utiliza pacotes matemáticos computacionais (i. e. parcimônia, máxima verossimilhança, inferência bayesiana) para agregar grupos naturais, e leva em consideração o compartilhamento de caracteres homólogos derivados. Hoje em dia, modelos matemáticos semelhantes aos aplicados na antiga escola fenética (p.ex. UPGMA) são usados nas inferências filogenéticas, entretanto, os pressupostos e pré-requisitos destas abordagens são distintos.

A sistemática filogenética é, nos dias atuais, amplamente utilizada e de suma importância no aprimoramento do pensamento taxonômico e evolutivo, quase que os fundindo na moderna disciplina da sistemática (Cracraft 2000).

O debate sobre a evolução conceitual da taxonomia em sistemática foi uma consequência da inerência cognitiva humana quanto à prática de classificar “coisas” com a prática de relacionar “coisas” (Abel 1976; Fitzhugh 2005, 2008).

Na Zoologia, por exemplo, a sistemática foi definida como o estudo da diversidade biológica e o relacionamento evolutivo entre os organismos (Simpson 1961; Mayr 1969). Os principais problemas tratados nessa área do conhecimento são: descrever a biodiversidade dentro de um sistema evolutivo; compreender os processos responsáveis pela geração dessa diversidade e apresentar um sistema de referência sobre essa diversidade (Amorim 2002). A taxonomia seria uma subdivisão da sistemática destinada às atividades de classificação (Winston 1999). Entretanto há também visões que advogam o contrário, na qual a taxonomia englobaria a sistemática, já que para alguns, o conhecimento sistemático é produzido e aplicado para a realização eficiente das classificações biológicas (Wheeler 2004). Por esta razão, comumente a taxonomia é tratada como sinônimo de sistemática ou sistemática filogenética (Fitzhugh 2008; Winston 1999). Ressalta-se que Cracraft (2000) afirmou que as inferências em sistemática podem ser arbitrárias pelos dados disponíveis serem ambíguos, seja pelo número insuficiente de espécimes observados ou por não serem apropriadamente estudados no tempo ou espaço. Nessa mesma linha de raciocínio, Fitzhugh (2005, 2006a, 2008) abordou de maneira filosófica os modelos de inferências na sistemática ou nomenclatura biológica.

A taxonomia, assim como a sistemática, é baseada atualmente na teoria evolutiva que é a base filosófica e unificadora da biologia e o corpo conceitual explanatório dos padrões da biodiversidade (Fitzhugh 2005; 2006a; 2008; Mayr 1969; Ridley 2004; Stearns & Hoekstra 2000). As formulações de hipóteses em sistemática biológica, que pode ser desde inferências sobre as observações básicas até análises filogenéticas, podem ser caracterizadas

como um tipo de raciocínio não-dedutivo, conhecido como abdução (Fitzhugh 2005; 2006a, 2008). Objetos ou efeitos observados (e. g. indivíduos de uma espécie) que precisam de explicação são associados com alguma teoria causal (Teoria da Evolução) para produzir uma tentativa de hipótese explicativa (relacionamento filogenético).

No nível mais básico, a abdução, idealizada pelo filósofo inglês Charles Sanders Peirce (1839-1914), é a busca de uma conclusão pela interpretação racional de sinais e indícios. Abdução tem o papel de afirmar hipóteses produzidas por declarações que especificam objetos e pela extensão temporal dos eventos, existindo independência do observador e suas declarações, mas são causados pelos efeitos perceptivos das pessoas (Fitzhugh 2005; 2006a, 2008, mas veja Abel 1976).

Com respeito às definições formais de hipóteses filogenéticas, declarações de observações explicam as interações entre um observador e objetos por via de propriedades percebidas nesses objetos (caracteres morfológicos, seqüências genéticas, ontogenia). Isto tem implicações interessantes tanto na noção de que espécies ou táxons são os indivíduos observados, quanto para os nomes que eles deveriam ser referidos (Fitzhugh 2006a, 2008). Inferência abdução não é passível de testes de falsificabilidade por questões temporais e de lógica. Entretanto, explicações das hipóteses-argumentos (e. g. cladogramas) que refletem teorias causais podem ser mais ou menos robustas ou plausíveis (mas veja Toulmin 2006). Neste contexto, pode-se entender o “arbitrário” usado por Cracraft (2000) como a ausência da capacidade de falseabilidade dos nomes dos organismos usados na sistemática biológica, assim como das suas hipóteses de relacionamento. Isto se deve principalmente a extensão temporal dos eventos.

Outro fator arbitrário que norteia estas ciências é se a distinção entre sistemática e classificação é pertinente, uma vez que sistemática é a organização de observações de acordo com uma hipótese, e classificação é a simples segregação de objetos em classes específicas. Em assuntos de semântica, nós podemos recorrer à sistemática como um termo que contempla todos os aspectos da nomenclatura biológica (Fitzhugh 2008). Tal argumento, focado nos

objetivos de cada disciplina, permite que atualmente a sistemática seja tratada como sinônimo de taxonomia (Fitzhugh 2008).

Categorias lineanas e o surgimento do *PhyloCode*

Para alguns cientistas, o simples pensamento de um “casamento” da taxonomia com a sistemática pode despertar mais objeções que concordâncias. Embora a Comissão Internacional de Nomenclatura Zoológica afirme que “o sistema de nomenclatura lineano não poderá sobreviver sem os princípios da sistemática filogenética” (ICZN, 1999, p.17), muitos acreditam que atualmente é muito difícil a união das duas idéias, principalmente pelas diferenças entre as metas e os princípios básicos do método cladístico e da taxonomia alfa (Mayr 1997), impondo à sistemática biológica uma crise científica (Grant 2003; Bethoux 2007).

Outro problema apontado no sistema lineano é a distinção entre sistematização e classificação (Fitzhugh 2008). Nesse sistema, a nomenclatura e classificação são compostas por dois componentes hierárquicos independentes e justapostos: a hierarquia dos táxons e a hierarquia de categorias, visto que para cada táxon natural deve haver uma categoria associada (Amorim 2002). Entretanto, nesse caso, existe uma clara confusão entre os campos da taxonomia (relacionada com o reconhecimento ou diagnose dos táxons) e nomenclatura (relacionado com o ato dar nome aos táxons). Essa confusão ocorre devido ao desconhecimento ontológico do conceito nomenclatural e do conceito de categoria taxonômica (Dubois 2007).

O ranqueamento nomenclatural é um lugar na hierarquia de táxons, onde um está incluído no outro, ou subordinado no outro, em uma ordem particular. Assim, em nenhum momento o “rank” informa ou demonstra qualidades ou a história evolutiva desses táxons, mas apenas reflete a estrutura hierárquica (Dubois 2007). Ranks são “modelos de relacionamento organizacional” que podem ser úteis para mapear relações entre entidades dentro de um nível (Knox 1998). A categoria taxonômica é a classe dos táxons que são definidas por alguns critérios, que pode ser biológico ou de idade absoluta, referindo

apenas as propriedades evolutivas e distribucionais dessas entidades sem necessariamente refletir suas relações filogenéticas com demais categorias.

Apesar do significado dos ranks hierárquicos lineanos terem mudado com as novas idéias na biologia - agrupando organismos em vários graus de relacionamento, facilitando uma explicação em escala evolutiva (Wilkins 2001; Dubois 2007) - os debates sobre a validade ou não do código lineano encontram-se em seu zênite. Para alguns, um novo sistema baseado totalmente no pensamento filogenético seria o mais coerente e proporcionaria a eliminação das categorias e hierarquias lineanas, diminuiria a redundância, promoveria estabilidade nomenclatural e simplificaria a taxonomia (Groves 2004; Cantino & de Queiroz 2007; Lee & Skiner 2007). Tal sistema é chamado hoje de taxonomia ou nomenclatura filogenética (*phylogentic nomenclature* ou *PhyloCode* - de Queiroz & Gauthier, 2004; Cantino & de Queiroz, 2007).

As principais críticas, mencionadas acima, pelos proponentes da taxonomia filogenética ao sistema lineano, incluem principalmente razões epistemológicas. As regras do sistema lineano são originadas de períodos pré-evolucionistas ou da pré-revolução da filogenia na biologia (Sterelny & Griffiths 1999; mas veja Rieppel 2006); além da obrigatoriedade do uso de algumas categorias hierárquicas que, em certos casos, resulta em “táxons redundantes”. Segundo o código (ICZN, 1999), categorias obrigatórias e sucessivas devem ser empregadas, mesmo para um único táxon isolado. A redundância na composição de tais categorias propicia hipóteses explicativas de relacionamento evolutivo redundantes, fato que as tornam puramente subjetivas (Bethoux 2007). Em um breve estudo de caso, podemos citar como exemplo algumas famílias de poliquetas intersticiais, Aberrantidae, Polygordiidae, Potamodrilidae, Protodriloididae, Psammodrilidae e Saccocirridae (Westheide 2008; Rouse & Fauchald 1997; Worsaae & Kristensen 2005). Estas famílias, com um único gênero e poucas espécies, são nomeadas por autores que consideram a nomenclatura filogenética mais lógica e a obrigatoriedade do ICZN redundante, com seus nomes da categoria genérica,

Aberranta, *Polygordius*, *Potamodrilus*, *Protodriloides*, *Psammodrilus* e *Saccocirrus* (Rouse & Pleijel 2001), respectivamente. A abordagem destes clados em suas categorias de gênero resulta de uma incongruência entre a obrigatoriedade das categorias hierárquicas de Lineu, com o sistema filogenético de taxonomia (Cantino & de Queiroz 2007; ICZN, 1999).

Outro ponto mencionado contra a utilização dos ranks é que cada táxon evolui de maneira e em tempos diferentes e, portanto, ao se utilizar a mesma categoria (e.g. famílias, gêneros, espécies, etc.) em diferentes organismos, pode-se não refletir a mesma entidade biológica. Categorias iguais entre organismos diferentes ou distantemente relacionados poderão ter implicações e significados diferentes (Groves 2004; Cantino & de Queiroz 2007; Lee & Skiner 2007). Esse é um problema reconhecidamente antigo que induz uma associação entre táxons e categorias completamente arbitrária e um sistema de classificação instável e que pode tornar-se inconsistente entre diferentes autores (Amorim 2002; Cantino & de Queiroz 2007; Lee & Skiner 2007).

Para os defensores da taxonomia filogenética, com a retirada dos ranks, seriam nomeados apenas os grupos monofiléticos inclusivos e os táxons supra-específicos não precisariam ser isonômicos. Um especialista estaria livre para dar nome a qualquer clado, linhagem evolutiva ou entidade de interesse. A título de ilustração, a espécie de primata que é tradicionalmente chamada de *Macaca fuscata*, seria reconhecida pela nomenclatura filogenética como: Fuscata –Macaca –Papionini – Cercopithecinae –Cercopithecidae – Cercopithecoidea –Catarrhini –Simiiformes –Haplorrhini –Primates (Groves 2004). Há pelo menos três meios principais de definir um grupo: definição baseada em um nó, baseada em apomorfias ou simplesmente dar nome a um ramo por inteiro (Cantino & de Queiroz 2007, Lee & Skinner 2007). Portanto, pode haver mais de um nome para um determinado grupo, mas neste caso, os nomes exprimem diferentes graus de inclusividade (Cantino & de Queiroz 2007).

As considerações sobre os procedimentos de classificação e nomenclatura do “*PhyloCode*”, não passaram despercebidas e logo vários autores

passaram a criticar e apontar problemas nesse sistema, que para alguns apresenta concepções desviadas, falsas e até mesmo absurdas (Wheeler 2004). Um dos pontos centrais dessas críticas está relacionado com a possibilidade de alteração do nome de uma espécie, pois um nome específico reflete uma hipótese, e hipóteses são modificáveis. Dessa forma, há necessidade da existência de um sistema aberto e flexível passível de discussões e revisões de hipóteses científicas como o sistema lineano permite (Wheeler 2004, Benton 2007). Além disso, a nomenclatura filogenética não produz a tal almejada estabilidade e sim rigidez, já que um clado que possuísse vinte espécies poderia permanecer com a mesma nomenclatura caso uma revisão mostrasse agora que ele possui mil espécies. Essa mudança de conteúdo não é trivial (Benton 2007). Ainda, tal sistema pode ser tão ou mais instável que o lineano, pois é dependente de filogenias, e filogenias são pouco conhecidas e podem carecer de consenso (Fitzhug 2008; Wheeler 2004; Benton 2007). Outro problema diz respeito a listas de espécies. Biólogos, conservacionistas e agências necessitam de listas de espécies e a taxonomia filogenética não permite tais elaborações (Benton 2007).

Hillis (2007) propõe uma tentativa de se utilizar partes dos códigos formais da nomenclatura lineana e filogenética, onde cada uma operasse em paralelo. Além disso, o autor propõe ainda que o “*PhyloCode*” aplique nome aos clados, e que o ICZN e códigos associados nomeiem espécies. Se tomarmos novamente como exemplo a espécie de primata *Macaca fuscata*, reconhecida pela nomenclatura filogenética como: Fuscata –Macaca –Papionini – Cercopithecinae –Cercopithecidae – Cercopithecoidea –Catarrhini –Simiiformes –Haplorrhini –Primates (Groves 2004), fica evidente algumas redundâncias entre as nomenclaturas porque neste caso, muitas das categorias lineanas foram congruentes com os clados. Outra tentativa de harmonizar os dois sistemas foi discutida por Fitzhugh (2008). Para esse autor, a prioridade deveria ser a de identificar os fundamentos que se aplicam a ambos os sistemas de nomenclatura e explorar as possibilidades de ramificações e revisão da nomenclatura lineana, ao invés de considerarmos sistemas paralelos. Segundo Fitzhugh (2008), se nós

reconhecemos a natureza de nossas conclusões em sistemática biológica, a única escolha racional seria optar por um único sistema, o lineano.

Retirando um pouco o foco das questões conceituais e filosóficas inerentes a discussão sobre a validade de cada um dos sistemas, o fato é que podemos assumir que o que vem sendo feito ao longo de mais de 250 anos através do sistema lineano, seja o modo mais viável de se lidar com a classificação da diversidade (Raven *et al.* 1971). Por outro lado, se em algum momento todo esse conhecimento for posto em dúvida, foi, ao menos interessante, a existência de um sistema de classificação arcaico, simples, mas sustentável, que organizou o mundo natural de criacionistas a evolucionistas. Por esse motivo, descartar esta tradição em função do “*PhyloCode*”, pode ser um grande erro (Wheeler 2004). Mas, ao mesmo tempo, seria pouco científico não procurarmos atualizar e melhorar as formas de organização e de nomenclaturas, conforme o desenvolvimento do pensamento biológico.

O problema do termo espécie

Como já discutido, os ranks hierárquicos lineanos não foram uniformemente aceitos, mas seu espírito sistemático e seu foco no conceito de espécie, mesmo que embasados em essências (espécies imutáveis criadas por Deus e observável pelos homens), suportaram o jardim evolutivo revolucionado por Darwin e Wallace (Anônimo 2007; Marris 2007). Entretanto, para alguns, as espécies não existem por si sós. Sua existência é dependente da interação com o observador (Fitzhugh 2005a). Mas no geral, a maioria dos biólogos concorda que a espécie é uma unidade natural fundamental (Mayr 2005), definida por meio de observação e comparação de características morfológicas e fenéticas de indivíduos (Ridley 2004; Fitzhugh 2005; Marris 2007; veja Thiele & Yeates 2002 para a idéia de Táxon como uma hipótese). Porém, os cientistas não conseguem concordar sobre como conceituar e quais são os critérios que devem nortear exatamente a definição do termo e qual é realmente o seu ponto de

corde (Winston 1999; Fitzhugh 2005; Stearns & Hoekstra 2000).

Mayden (1997) reconheceu aproximadamente 20 conceitos de espécies e Winston (1999) agrupou os conceitos em cinco grupos principais: fenético, reprodutivo (biológico), filogenético, ecológico e coesivo. Nenhuma destas abordagens está totalmente certa ou errada, e diferentes conceitos permitem criar modelos apropriados para diferentes propósitos (Winston 1999; Wheeler 2007). Além disso, o termo espécie pode apresentar diferentes conceitos devido aos processos de especiação ocorridos de diferentes maneiras (Tattersall 2007; Wheeler 2007). Diferentes processos de especiação produziram unidades de natureza taxonômica diferentes, e, portanto, a classificação dessas unidades em um mesmo rank taxonômico chamado de espécie, poderia ocasionar condições que desfavoreceriam as comparações, como acima explicado.

O uso do termo espécie geralmente gera ambigüidade. Muitos taxonomistas confundem o critério e o conjunto de características dos organismos que utilizam como diagnóstico, com o conceito de espécie (Seberg *et al.* 2003; Fitzhugh 2005a; Wheeler 2007). Espécie é a categoria basal na hierarquia lineana, uma classe taxonômica, e também pode existir como conceito de uma entidade biológica (Mayr 1997). Isso se complicou ainda mais quando “espécie” passou a ser encarada como uma unidade histórica (Mayr 2005; Amorim 2002). Alguns autores (p.ex. Mayr 1997, 2005; Amorim 2002; Dubois 2007) reportam que a interminável confusão na literatura sobre o conceito de espécie ocorreu devido à dificuldade de se distinguir entre a “espécie” considerada como um rank basal na hierarquia lineana, da “espécie” entidade biológica.

Além disso, esse problema pode ser visto também como uma dualidade entre o ato de dar nomes às espécies, por se tratar de uma hipótese como outra qualquer é passível ou não de falsificação, e o dever de passar uma idéia concreta, estável e não volátil para que os demais cientistas tenham acesso ao conhecimento da diversidade biológica (Thiele & Teates 2002). Segundo Amorim (2002), uma solução seria adotar o termo espécie apenas para o nível hierárquico da categoria e, para as entidades

que evoluem, quando diagnosticadas, seria reservado um outro termo (*eidoforontes*). Entretanto, cuidado deve ser tomado com a visão de que as categorias taxonômicas não necessariamente precisam refletir as unidades evolutivas. A intenção de um sistema que pretende refletir a história evolutiva de um grupo é o próprio comprometimento da ciência da classificação com a biologia atual.

A denominação de uma espécie, baseada em um determinado grupo de indivíduos, deve sempre levar em conta as mesmas implicações biológicas e evolutivas, independentemente da abordagem aplicada (Fitzhugh 2005a). Nesta discussão, a distinção entre critérios e conceitos a serem utilizados não é devidamente levado em consideração (Seberg *et al.*, 2003; Fitzhugh 2005a; Wheeler 2007), já que a discussão é teórica e não prática. Assim, o problema em se definir conceitualmente as espécies é abordado muitas vezes como um desafio para a taxonomia (Fitzhugh 2005a; Wheeler 2007). Além disso, problema na definição de espécie surge com a confusão conceitual entre os termos “padrão” e “processo”, que geraram discussões mesmo antes da origem da sistemática filogenética (Mayr 1969; Henning, 1966; Wheeler 2007). Esta discussão remete a dois pilares centrais da metafísica: a percepção humana de “coisas” (objetos) e “eventos” (Abel 1976; Fitzhugh 2006a). A taxonomia identifica, descreve e nomeia indivíduos (“coisas”), mas precisa levar em conta que estes indivíduos são resultado de transformações de caracteres e da remoção de polimorfismo ancestral por processo de extinção (“eventos”) (Mayr 1969; Wheeler 2007). Espécies seriam, portanto, interpretações de “eventos” tokogenéticos e transcendem o status de objeto (Fitzhugh 2005a).

O conceito de espécie é uma construção derivada de uma ação inferencial com estrutura abduativa (ver discussão no tópico Taxonomia e Sistemática), servindo para um propósito básico, que é definir padrões a partir de critérios morfológicos, moleculares, reprodutivos e ontogenéticos por meio de observações atuais embasadas em passados evolutivos (Fitzhugh 2005a). Fitzhugh (2005a) esclarece que o reconhecimento de uma dada espécie representa uma hipótese explanatória inferida de uma teoria tokogenética referente

a eventos reprodutivos passados, em que um conjunto de eventos reprodutivos é separado de outro conjunto de eventos – mas note a persistência do problema de isolamento reprodutivo (veja abaixo). Sendo assim, a determinação de espécies a partir de um conceito evolutivo iria além de critérios morfológicos e moleculares. Portanto, a base para determinar nomes formais que representam espécies e hipóteses filogenéticas é a totalidade de espécimes observados que incitaram conclusões sobre padrões e hipóteses (Fitzhugh 2005a, 2008; Wheeler 2007). Espécies são identificadas por padrões de caracteres morfológicos, moleculares, reprodutivos e ontogenéticos, e que refletem os resultados de uma história de divergência. Ao ver espécies como padrões, nós fixamos uma fase da biologia evolutiva interessada em explicar as origens (Wheeler 2007).

O debate sobre o conceito de espécie pode também ser tratado a partir de um viés mais conservacionista, já que as decisões sobre conservação são baseadas nas classificações taxonômicas (Rylands *et al.* 1993). A maioria dos biólogos e agências ambientais trabalha suas decisões através de listas de espécies, mas as listas podem ser subestimadas ou inflacionadas conforme o conceito aplicado (Isaac *et al.* 2004; Tattersall 2007). Até mesmo os chamados *hotspots* de biodiversidade que atualmente ganham prioridades de conservação podem variar seus padrões e localidades conforme o critério e o conceito utilizado para determinar uma espécie (Peterson & Navarro-Sigüenza 1999; Meijaard & Nijman 2002). Não foi à toa que a necessidade de reconhecer a diversidade para propósitos de conservação reacendeu o debate sobre o conceito de espécie.

Com o intuito de proteger a variação biológica, muitos biólogos trabalham com rigor científico e apoio da lei para reconhecerem unidades de conservação abaixo do nível de espécie, tais como subespécies e outras unidades (Haig *et al.* 2006; Karl & Bowen 1998). Subespécies são reconhecidas como variações geográficas ao longo de uma espécie, ou populações em diferenciação, no caminho evolutivo para uma completa especiação. Mas definir subespécies também pode ser complicado, pois vai depender da mobilidade e o quão disperso é um organismo (Haig *et al.* 2006).

O uso do termo subespécie está ligado e é até mesmo é incentivado pelo Conceito Biológico de Espécie que conduz ao reconhecimento de espécies politípicas. O problema deste conceito é seu critério de isolamento reprodutivo que deixa a maior parte do mundo natural inclassificável e menospreza a importância do mecanismo de hibridação (Arnold 1997; Groves 2004). Já perante o Conceito Filogenético de Espécie, subespécies estão sendo elevadas a categorias de espécies (Haig *et al.* 2006) e muitos têm argumentado contra esse inflacionamento causado por razões metodológicas (Isaac *et al.* 2004; Tattersall 2007).

Existe também a prática de trabalhar em conservação com unidades de significado evolutivo (*Evolutionary Significant Units*, ESU - Waples 1991, Moritz 1994) ao invés de se trabalhar com espécies. O propósito de reconhecer essas unidades é assegurar a proteção de diferentes potenciais evolutivos dentro de uma linhagem. Os conceitos também não são padronizados, mas em geral são próximos. Segundo Moritz (1994), ESU é uma população historicamente isolada, que deve ser monofilética quanto aos alelos de DNA mitocondrial e ao mesmo tempo mostrar divergência significativa nas frequências alélicas de locus nucleares. Waples (1991) definiu ESU como uma população ou grupos de populações que de certo modo são isoladas de outros conspecíficos e representa um importante componente no legado evolutivo da espécie. Em termos da taxonomia convencional, uma ESU geralmente corresponde aos limites conceituais de espécies ou subespécies, mas em algumas circunstâncias pode ser aplicada para uma única população (Karl & Bowen 1999). As críticas a esses novos sistemas de delineamentos de unidades para a conservação começam com o problema da padronização conceitual que não foi resolvido. Além do mais, o papel e a importância dos dados demográficos e comportamentais seriam reduzidos na delimitação dessas unidades (Pennock & Dimmick 1997). Há críticas também quanto ao adaptacionismo embebido nas unidades infra-específicas. Segundo Dimmick *et al.* (1999), essas unidades são distinguidas pelo critério de adaptação e grande parte da variação é produzida por processos

vicariantes que não necessitam de adaptação.

De um ponto de vista pragmático, os taxonomistas descrevem espécies e hipóteses como um padrão, filogeneticistas usam estes “padrões” para criar hipóteses explicativas de “processos”, e conservacionistas delimitam os padrões *in situ* (sejam eles espécies ou outras unidades evolutivas) e os protegem. Para se entender padrões e processos necessita-se de maior ênfase nas ciências descritivas (Greene 2005), sejam elas a taxonomia, história natural, ou mesmo inventariamentos, cuja importância é atualmente menosprezada na biologia educacional moderna. De fato, longe de uma solução, o conceito de espécie deve constituir uma meta chave na investigação biológica (Wilson 2003) e não ser encarado apenas como mais um desafio para a taxonomia. Talvez o assunto só poderá ser clarificado quando o inventário de todo os organismos vivos for completado; quando os padrões e processos de toda a biota do planeta estiverem mais bem descritos (Wilson 2003).

DNA barcoding: determinação de espécies sem morfologia ou história natural?

O foco na análise de características é um dos “dogmas” centrais para a taxonomia e filogenia (Hennig 1966). Caracteres são observáveis e, de certa forma, a única evidência que existe para determinar uma espécie (Wheeler 2007). Contudo, as limitações herdadas de um sistema de identificação baseada na morfologia e a escassez de taxonomistas especializados nos diferentes grupos de organismos sugerem a necessidade de mudanças (Godfray 2002, 2007). As necessidades de tais mudanças ganharam mais força devido aos impasses taxonômicos atuais frente à crise da biodiversidade, culminando com a formulação do projeto do “código de barras da vida” (*DNA barcoding*) por Hebert *et al.* (2003). Esse projeto visa diagnosticar todas as espécies eucarióticas do globo através de uma pequena seqüência (600 pares de base) de um único gene mitocondrial (Citocromo oxidase subunidade I, COI) para ser comparada em um banco de dados genético. A promessa dessa metodologia padronizada é propiciar a identificação da biodiversidade através de um único espécime (ou parte

dele) de maneira rápida e barata, sem a necessidade de especialistas em taxonomia (Hebert *et al.* 2003a, 2003b, 2004; Godfray 2007; Wheeler 2007). Além disso, supriria também as limitações inerentes à taxonomia baseada na morfologia e história natural, tais como: plasticidade dos caracteres, carência de caracteres em certos grupos, omissão de espécies crípticas, chaves de identificação inadequadas e demasiada subjetividade.

O COI é um gene mitocondrial envolvido no metabolismo energético, de fácil extração devido à grande quantidade de mitocôndrias por célula. Suas regiões com rápida taxa de evolução permitem analisar as relações filogeográficas e entre espécies próximas, enquanto as regiões conservadas permitem o reconhecimento de relações filogenéticas em níveis hierárquicos superiores. A média de variação interespecífica calculada para o COI foi cerca de dez vezes maior que a média da variação intraespecífica e o ponto de corte estabelecido para distinguir entre essas variações foi de 2% a 3%. Ou seja, segundo Hebert *et al.* (2003), seu código de barras da vida poderia levar em conta uma divergência de até 3% para separar e identificar todas as espécies eucarióticas como válidas, com precisão. Tal metodologia foi abraçada pelo “Consórcio para o Código de Barras da Vida” (CBOL) e “Projeto Internacional do Código de Barras da Vida” (IBOL) e, desde então, tem recebido grande apoio financeiro por parte de empresas privadas e projetos governamentais. Os aderentes almejam inclusive a confecção de uma tecnologia portátil, que necessite de pouca habilidade de manuseio propiciando que qualquer pessoa identifique qualquer organismo acessando um amostra biológica (Pennisi 2003).

Embora o código de barras da vida pareça um conjunto de receitas robotizadas, sem nenhum um arcabouço conceitual ou filosófico profundo (Hajibabaei *et al.* 2005), a padronização metodológica em um único gene mitocondrial mostrou-se eficiente para determinados grupos de aves, peixes, traças, moscas, borboletas e hirudíneos (Smith *et al.* 2006, Aravind *et al.* 2007, Kerr *et al.* 2007, Pennisi 2007; Anônimo 2007; mas veja Kutschera 2007), inclusive separando espécies crípticas (Aravind *et al.* 2007,

Pennisi 2003). Contudo, a promessa de universalidade está longe de ser alcançada.

Em bactérias e arqueobactérias (procariontes), são utilizados genes ribossomais que auxiliam na identificação de grupos menos inclusivos, ao passo que mais genes são necessários para um refinamento de ranks taxonômicos mais baixos (Stoeckle 2003). Mesmo dentro dos eucariontes há problema. Por exemplo, um reino inteiro, Plantae, estaria de fora da análise do *DNA barcoding*. O sistema de herança de mitocôndrias dos vegetais é diferente da dos animais e a hibridação ocorre em larga escala, dificultando o uso do DNA mitocondrial para este fim. Para animais diploblásticos, o COI não apresenta variabilidade suficiente para identificação (Erpenbeek *et al.* 2006). Shearer & Coffroth (2008) constataram que o uso deste método é limitado para a identificação de corais escleractíneos devido aos baixos níveis de divergência interespecíficos entre táxons aparentemente distantes. Este padrão de evolução lenta no gene COI é em geral uma característica do DNA mitocondrial de antozoários (Shearer & Coffroth 2008). As relações entre seqüências do nucleotídeo COI não foram consistentes com a classificação taxonômica tradicional desses animais.

Identificação de espécies baseada na análise do código de barras depende da distinção acurada entre a variação intra- e interespecífica, mas isso varia muito entre os táxons e a extensão dessa variação é desconhecida. Não há um único gene que seja tão conservado ao longo de todo o domínio da vida (Stoeckle 2003) e essas análises baseadas no COI já estão experimentando saturações de uso. Ocasionalmente em metazoários, altas taxas de substituição de nucleotídeo podem conduzir à sobreposição de variações intra- e interespecíficas que podem resultar em identificação incerta quando baseadas somente no sistema *DNA barcoding* (Fitzhugh 2006a; Shearer & Coffroth 2008).

É importante ressaltar que dados de seqüências, por si só, não nos contam muita coisa a menos que possamos contextualizá-los. E esse parece ser o grande problema da taxonomia baseada exclusivamente no DNA: o confuso acúmulo de informação molecular sem muito significado (Wheeler 2004; Ebach & Holdrege 2005). Como

poderia tal método ser universalmente eficiente se a taxa de evolução difere ao longo do genoma ou dos distintos táxons com hábitos díspares? Sabemos também que as histórias de um só gene não correspondem à história da espécie. A variabilidade genética intraespecífica pode variar conforme a vagilidade do animal e o ambiente. Táxons presentes nos trópicos podem possuir maior variabilidade do que os de ambientes temperados, dificultando a análise (Harris & Froufe 2005). Mais ainda, não existe uma correlação entre a variação intra- e interespecífica e o tempo de divergência (Lee & Skinner 2007).

Talvez, a principal crítica feita pelos opositores do “código de barras da vida” se refira mais ao que o CBOL e IBOL anseiam do que ao método em si mesmo. A sugestão e propaganda do “código de barras” como sendo uma “nova taxonomia” sem taxonomia é problemática, pois o erro na identificação é grande, visto que uma única seqüência de um único indivíduo é concebida como referência para toda uma espécie. Isso é extremamente perigoso para uma identificação segura e, ao mesmo tempo, pode levar novamente ao problema da identificação tipológica de uma espécie (ver Seberg *et al.* 2003).

Os vastos exemplos de inaplicabilidade em inúmeros organismos determinam a necessidade de se criar bases conceituais mais robustas, que considerem a morfologia e a história evolutiva dos indivíduos (Fitzhugh 2006b; Carvalho *et al.* 2005, 2007; Kutschera 2007). A taxonomia do DNA tem o sério problema de não possuir o arcabouço conceitual e teórico da taxonomia atual. Como foi inicialmente proposta, a taxonomia do DNA não é descritiva e, portanto, não pode ser uma ciência dirigida por hipóteses (Wheeler 2004). No modo em que foi proposta, ela só almeja a identificação. A pequena parcela de espécimes identificada como nova por esta técnica, também não foi descrita e parece não haver tal preocupação por parte dos adeptos (EDG Soares, comunicação pessoal). Por outro lado, a utilização das ferramentas moleculares concomitantemente com dados morfológicos e classificações taxonômicas tradicionais é uma realidade que pode gerar ótimos resultados.

Portanto, o modelo atual do “código de barras da vida” não tem como substituir o

trabalho da taxonomia. Mas a taxonomia pode se aproveitar dessa tecnologia como uma ferramenta auxiliar. O *DNA barcoding* poderá promover informações e essas serão transformadas em conhecimento significativo, somente se os cientistas os contextualizarem na morfologia e história natural dos grupos (Ebach & Holdrege 2005). Resultados díspares poderão provocar novas pesquisas e incentivar os taxonomistas a fazerem novas revisões taxonômicas e novos testes para suas hipóteses.

Para que a taxonomia possa ser respeitada como uma ciência independente, é necessário devolver a ela o foco da exploração no compartilhamento de caracteres homólogos nas mais diferentes fontes de informação (e.g. morfológico, molecular, fisiológico, comportamental). A confiança desequilibrada em seqüências moleculares ocorre porque ramos da biologia fazem um uso apressado ou equivocado da taxonomia, não levando em consideração os princípios teóricos da determinação de um dado táxon (Wheeler 2007). O consenso entre dados morfológicos e moleculares certamente será no nível analítico e metodológico. A re-avaliação do conhecimento existente de caracteres morfológicos associados aos genes responsáveis por sua expressão, como os *homebox*, pode auxiliar na inferência de hipóteses de homologias, corroborar a identificação taxonômica e dar indícios de processos micro- e macroevolutivos (Wilkins 2001; Minelli 2007).

Impasses taxonômicos nos tempos modernos

Durante séculos, taxonomistas buscaram desvendar, documentar e ordenar os padrões de semelhanças e diferenças vistas entre espécies (Wheeler 2007, Carvalho *et al.* 2007) e os vários inventários produzidos desde a época de Lineu aumentaram muito o conhecimento atual da diversidade biológica. Entretanto, estima-se que existam entre 5 e 30 milhões de espécies a serem descritas (Wilson 1992), e os deveres da taxonomia se tornam caros e exaustivos (Wheeler 2007; Lana 2003). A única certeza parece ser a de que muitas espécies estão sendo irreparavelmente perdidas a uma taxa acelerada e muito maior

do que aquela em que estão sendo descritas (Wheeler 2007). De certa forma, o sucesso evolutivo da nossa espécie depende da qualidade ambiental do nosso habitat, e este se torna um impasse para os taxonomistas: como avaliar o custo-benefício do conhecimento de uma espécie para a integridade dos ecossistemas e assim da qualidade de vida humana, levando em consideração os gastos e consumos que esta ciência terá para conhecer e preservar esta espécie?

Os impasses da taxonomia são econômicos, políticos e sociais, e fogem da esfera puramente acadêmica. O nível de investigação da biodiversidade deve ser definido por questões científicas e sociais, e pela urgência das ameaças ambientais percebidas. Neste contexto, os responsáveis por contextualizar a biodiversidade e os custos taxonômicos deste inventário não deveriam ser somente os taxonomistas, mas sim toda a comunidade esclarecida (Lana 2003). Empreender a tarefa de descrever cada uma das espécies existentes requer uma vasta extensão de recursos humanos e materiais, e isto, certamente, não será problema unicamente de cientistas e sistematas, mas sim de mais setores da sociedade (Lana 2003).

Paradoxalmente à essa necessidade cada vez maior por novos sistematas, o que se vê é um número baixo de pessoas na área - existem cerca de 6000 biólogos no mundo trabalhando com sistemática (Wilson 2003; Marques & Lamas 2006), carência de estruturas e fundos para este tipo de pesquisa. A própria comunidade científica tem uma enorme culpa histórica neste processo de perda de contingente por ter, em algum momento, desestimulado sistematicamente as vocações potenciais, vendendo (ou praticando) a imagem da taxonomia como um conjunto de procedimentos estéreis e enfadonhos (Lana 2003). Há um declínio no recrutamento dos profissionais por causa também do pouco prestígio da profissão (Marques & Lamas 2006).

São necessários muitos anos de estudo para a formação de um taxonomista, o que não incentiva os jovens e as agências financiadoras (Ebach & Holdrege 2005). Wheeler (2004) alertou que a falta de contingente pessoal e de fundos para a taxonomia vem sendo agravada pelos

desvios para áreas de estudos de pura filogenia ou de novas práticas taxonômicas, como o *DNA barcoding* e o *Phylocode*. Apesar da verdadeira causa, essa problemática existe e tem sido referida por muitos estudiosos como “impasse taxonômico” (Carvalho *et al.* 2005, 2007). Entretanto, essas não são as únicas causas do impasse atual.

Os poucos profissionais existentes não estão uniformemente distribuídos, tanto em relação aos países, quanto nos táxons estudados. Muitas vezes profissionais de excelência se aposentam e levam consigo toda a técnica de estudo de um táxon pouco compreendido, caso não tenham formado estudantes. Outro problema diz respeito à produção bibliográfica. Os taxonomistas precisam de um melhor modo para publicar seus dados (Agostini & Johnson 2002) porque os que existem são em grande parte volumosos, antigos e de acesso restrito, não permitindo a indexação do conhecimento. Essa dificuldade muitas vezes alcança os próprios taxonomistas, sendo mais um problema fonte de produção de sinônimas (Dubois 2008). Revisões taxonômicas, por definição e consequência, possuem o significado científico único para a taxonomia: gerar e testar hipóteses explicativas de táxons (Fitzhugh 2005, Wheeler 2004), mas infelizmente, são pouco incentivadas e difundidas, pois são difíceis de serem publicadas devido ao seu tamanho. Dessa forma, as poucas revistas especializadas no assunto não apresentam uma boa acessibilidade do seu conteúdo, gerando um acesso limitado e elitizado aos milhões de espécies publicadas e suas chaves de identificação.

Museus, as principais instituições da taxonomia, bem como suas coleções científicas, são atualmente pouco valorizadas. São poucas as coleções representativas e a maioria carece de uma satisfatória amostragem numérica e espacial dos táxons. Além disso, falta também material de consumo e equipamentos para suas adequadas manutenções, sem contar o problema da disponibilização das coleções. O diálogo dos museus com as universidades e projetos de pesquisas pode ser extremamente burocrático e demandando muitas despesas e viagens. Em países como o Brasil, há falta de incentivo e reconhecimento para a carreira de curadores

e técnicos de museus. Em geral, esses cargos são ocupados por voluntários que dividem seus tempos com outros compromissos profissionais e não recebem treinamento adequado. Já em outros países, o declínio dos museus deve-se ao afastamento de seus verdadeiros objetivos (coleções e taxonomistas) em detrimento das vontades do capitalismo e do mundo tecnocrático (Wheeler 2004; Ebach & Holdrege 2005).

Outros problemas são agravados em países “em desenvolvimento” e megadiversos como o Brasil e outros da América Latina. Assim como a globalização da economia, o monopólio na taxonomia pode afetar negativamente o desenvolvimento (científico) onde é mais necessário. Carvalho *et al.* (2005, 2007) consideram que esses países megadiversos deveriam ser soberanos e ter grande parte do lucro sobre a biodiversidade. Para estes autores, isto dependeria de uma estrutura legal eficiente que separasse a pesquisa básica da biopirataria, já que a carência de tal distinção ainda é um problema em alguns desses países. Por outro lado, empecilhos para a liberação de licenças de coletas e transporte de material biológico pelos órgãos federais de licenciamento e fiscalização ambiental, muitas vezes atrasam o levantamento da biodiversidade e uma política demasiada paranóica em relação aos recursos genéticos não permite tomadas de decisões por pessoas nas áreas das Ciências Biológicas.

Aprimorando a taxonomia

Muitos ecólogos e conservacionistas consideram que os taxonomistas não são capazes de prover “identidades” de espécies de maneira eficaz para as tomadas de decisões urgentes na conservação (Godfray 2002, 2007). Esta visão sobre incapacidades da nomenclatura biológica é decorrente de pesquisadores que desconhecem os procedimentos da sistemática, ignorando não só a taxonomia em si, mas também a filogenia e biogeografia. Descrições e hipóteses de relacionamento de novos táxons requerem rigor teórico, empírico e epistemológico, e raramente seguem um tempo julgado apropriado para reduzir a crise de biodiversidade. Esta falta de tempo não é um “fracasso” dos sistematas, mas um mau entendimento dos que consideram a

taxonomia só um serviço de nomeação da biodiversidade (Carvalho *et al.* 2005, 2007). No que tange às práticas na biologia da conservação, o verdadeiro fracasso está em não conseguir conciliar de forma eficaz o crescimento humano e a existência das demais formas de vida. Infelizmente, a taxonomia se transformou num bode expiatório da crise da biodiversidade. Muitos parecem querer forjar essa ciência para apressar resultados por causa dos efeitos irreversíveis ao ambiente causado pelo homem. Definitivamente, este não é o caminho.

É reconhecida atualmente a deficiência na comunicação entre taxonomistas e entre estes com os demais profissionais e o público. Parece haver uma necessidade urgente de um maior e mais fácil acesso ao material biológico e a disponibilização do conhecimento gerado para todos que necessitam. Além disso, é preciso modificar a cultura da taxonomia e aprimorar seu diálogo e alcance (Aravind *et al.* 2007). Seu alcance atual é claramente inadequado para seus desafios (Wheeler *et al.* 2004). A disciplina taxonômica terá que aprimorar seu modo de difusão e aumentar seu contingente para florescer (Godfray 2002).

Em diversos países, algumas iniciativas estão sendo tomadas para tentar reverter a situação atual e alcançar as metas do futuro. Projetos como *Partnerships to Enhance Expertise in Taxonomy* (PEET), *Assembling the Tree of Life* (AToL), *The Time Tree of Life*, *Revisionary Syntheses in Systematics* (RevSys), *Planetary Biodiversity Inventory* (PBI), *Consortium for the Barcode of Life* (CBOL), *International Barcode of Life* (IBOL) e a *Encyclopedia of Life* (EOL), têm como finalidade apoiar pesquisas com grupos animais pouco conhecidos, treinar uma nova geração de taxonomistas, melhorar o acesso geral e a promoção de um uso mais amplo do conhecimento mundial sobre a biodiversidade (Wheeler 2007; Lana 2003).

No Brasil, por exemplo, alguns projetos visam, mesmo que sem um escopo ou vertentes propriamente taxonômicas, o aumento do conhecimento da biodiversidade, como o Programa Biota, financiado pela Fapesp, o Programa Nacional da Diversidade Biológica, do Ministério do Meio Ambiente e o Programa

Nacional de Zoologia, aplicado em cursos graduação e pós-graduação (Lana 2003; Carvalho *et al.*, 2007). Embora estas contribuições possam parecer singelas, o Brasil ficou entre os anos de 2001 e 2006 atrás apenas dos Estados Unidos em número de publicações na *Zootaxa*, considerado hoje a principal revista para a publicação de trabalhos taxonômicos (Carvalho *et al.* 2007).

O mais novo campo que está emergindo é a taxonomia ligada à estrutura de rede da internet, a chamada *Cybertaxonomy* (Godfray 2002, Wheeler 2004, Wheeler *et al.* 2004, Wheeler 2007, Wheeler 2008). Nas palavras de Wheeler (2007): “a taxonomia de rede (cibertaxonomia) abraça as missões tradicionais da taxonomia de descobrir e descrever as espécies da Terra, classificando-as de acordo com suas relações filogenéticas e o sistema lineano descritivo. Inclui também como missão uma rede de comunicação entre espécimes, especialistas, instrumentos, dados, literatura e outros recursos de pesquisa num observatório virtual de espécies”.

De acordo com os proponentes, espécimes, fotos e imagens de suas estruturas seriam todas disponibilizadas na rede. Análogo ao banco de dados genéticos *GenBank*, seria criado um banco de dados de morfologia *MorphoBank*, aliviando em parte os gastos e logísticas de viagens de especialistas para consultas de exemplares. Mas claro que pra isso ocorrer, todos os museus e demais instituições de prática taxonômica deveriam ser revitalizados e informatizados. Nessa mesma linha de pensamento, Wilson (2003) propôs uma página eletrônica de cada espécie de organismo na Terra, disponível em qualquer lugar através de um simples comando. Em fevereiro de 2008, Paddy Patterson disponibilizou on-line a Enciclopédia da Vida *Encyclopedia of life* (EOL - www.eol.org) (Maher 2007). A página contém o nome científico da espécie, representações genéticas e de imagens, pelo menos do espécime tipo e do seu ambiente, resumindo todos os seus caracteres diagnósticos. A página pode abrir bases de dados genéticos, morfológicos, filogenéticos e comportamentais (*EthoBank*), entre outros. Cada página compreende um sumário de tudo o que é conhecido sobre a genética,

filogenia, geografia, história natural e evolutiva da espécie. A taxonomia é a fundação, a ciência chave dessa enciclopédia e com isso o processo deve acelerar a própria ciência da sistematização. Todo o conhecimento sobre uma espécie pode ser adicionado e acessado, aumentando o diálogo entre a Biologia Comparada e a Biologia Geral (Wilson 2003). Esta iniciativa, abastecida pela ciberinfraestrutura, aprimora a natureza descritiva da biologia e aumenta seu alcance.

Com este objetivo, novas iniciativas vem surgindo. Por exemplo, no Brasil foi lançado neste último ano o site *CIFONAUTA*, um banco de dados de imagem contendo uma grande variedade de fotos e vídeos das atividades científicas em biologia marinha. As imagens contêm classificação taxonômica, fase da vida, habitat, e outras informações que permitem navegar intuitivamente (Migotto & Vellutini, 2012).

No entanto, vários problemas surgem com uma empreitada unificadora desta magnitude. Ela demanda altos investimentos e podem favorecer ou surgir inúmeros conflitos de egos. A própria digitalização das coleções é algo contencioso e divide opiniões de taxonomistas e conservacionistas: o que deve ser observado e registrado (Blackmore 2002)? Valeria a pena disponibilizar a descoberta sem ganhar reconhecimento? Valeria ser diluído dentro de um corpo unificador? Como isso aprimoraria a carreira profissional do indivíduo? Infelizmente ainda é melhor para a carreira profissional publicar em periódicos de grande fator de impacto do que em guias de campo ou em páginas eletrônicas (Lyal & Weitzman 2004).

É necessário estar ciente também que, apesar dos vários pontos positivos de se acelerar os passos da taxonomia através dos recursos da internet, com a aplicação de novas e fascinantes tecnologias, é desejável

e essencial estimular uma fundação crescente de taxonomistas. Para isto, sistematas precisam de treinamentos teóricos, ter incentivos para o aumento no número de profissionais, governantes apresentarem propostas para um compromisso duradouro com as antigas coleções de museus, e o reconhecimento pelos políticos da importância da biodiversidade e que a taxonomia é uma ciência robusta. Sem ela, o próprio ramo da biologia poderá ser a próxima vítima da extinção (Wheeler 2007; Carvalho *et al.* 2005).

As revoluções tecnológicas e os avanços teóricos deveriam ser sempre conciliados e repensados para o fim a que se destina a taxonomia: descrever e corroborar espécies e caracteres, identificar espécies, prover nomes e classificações informativas, e continuar explorando a diversidade biológica tanto no nível de, quanto acima e abaixo do nível de espécie (Wheeler 2007; Zhang & Shear 2007; Fitzhugh 2006b, 2008). Os consensos falham muitas vezes porque as novas vertentes ignoram o eixo central de qualquer ciência que se propõe a fazer taxonomia: “Táxons, incluindo os nomes, não são meros produtos finais, eles são hipóteses de relação (isto é da evolução) que necessitam de corroboração e que podem sofrer mudanças com testes futuros, quando novos dados se fizerem disponíveis. Como hipóteses, táxons são essenciais para estudos filogenéticos e biogeográficos, os quais reforçam qualquer entendimento da biodiversidade, evolução e suas causas” (Carvalho *et al.* 2007).

Aprimorar a informação e o alcance dessa ciência, atualizar a cultura dos taxonomistas com abordagens embasadas em princípios filosóficos e em novas tecnologias, são atitudes essenciais para uma nova perspectiva na taxonomia e, consequentemente, melhor entendimento da biodiversidade.

Agradecimentos

Somos gratos a Fernando C. Passos, Elaine D. G. Soares, Kelli S. Ramos e Marcelo Kitahara pelas críticas e sugestões à primeira versão do manuscrito. Gratos a Marcio Pie por incentivar a discussão dos desafios da taxonomia e Paulo da Cunha Lana pelas discussões e revisões.

Referências

- Abel, R. 1976. *Man is the Measure: A Cordial Invitation to the Central Problems of Philosophy*. New York, The Free Press. XXIV+296p.
- Agostini, D. & N.F. Johnson. 2002. Taxonomists need better access to published data. *Nature* 417: 222.
- Amorim, D.S. 2002. *Fundamentos de Sistemática Filogenética*. Ribeirão Preto, Editora Holus. 154p.
- Anônimo. 2007. The legacy of Linnaeus. *Nature* 446: 231–232.
- Aravind, K.; G. Ravikanth; R. Uma Shaanker; K. Chandrashekar; A.R.V. Kumar & K.N. Ganeshiah. 2007. DNA barcoding: an exercise in futility or utility? *Current Science* 92: 1213-1216.
- Benton, M.J. 2007. The PhyloCode: Beating a dead horse? *Acta Palaeontologica Polonica* 52: 651-655.
- Arnold, M.L. 1997. *Natural hybridization and evolution*. New York: Oxford University Press. XIII+215p.
- Béthoux, O. (2007) Propositions for a character-state-based biological taxonomy. *Zoologica Scripta* 36 (4): 409-416.
- Blackmore, S. 2002. Biodiversity Update – Progress in taxonomy. *Science* 298: 365.
- Bortolus, A. 2008. Error cascades in the biological sciences: the unwanted consequences of using bad taxonomy in ecology. *Ambio* 37 (2): 114-118.
- Cantino, P. D. & K. de Queiroz. 2007. PhyloCode: International code of phylogenetic nomenclature, versão 4b. Disponível na World Wide Web em: <http://www.ohio.edu/phylocode/> [04 de setembro de 2008].
- Carvalho, M.R.; F.A. Bockmann; D.S. Amorim; C.R.F. Brandão; M. de Vivo; J.L. Figueiredo; H.A. Britski; M.C.C. de Pinna; N.A. Menezes; F.P.L. Marques; N. Papavero; E.M. Canello; J.V. Crisci; J.D. McEachran; R.C. Schelly; J.G. Lundberg; A.C. Gill; R. Britz; Q.D. Wheeler; M.L.J. Stiassny; L.R. Parenti; L.M. Page; W.C. Wheeler; J. Faivovich; R.P. Vari; L. Grande; C.J. Humphries; R. DeSalle; M.C. Ebach & G.J. Nelson 2007. Taxonomic Impediment or Impediment to Taxonomy? A Commentary on Systematics and the Cybertaxonomic-Automation Paradigm. *Evolutionary Biology* 34: 140-143.
- Carvalho, M.R.; F.A. Bockmann; D.S. Amorim; M. de Vivo; M. Toledo-Piza; N.A. Menezes; J.L. Figueiredo; R.M.C. Castro; A.C. Gill; J.D. McEachran; L.J.V. Compagno; R.C. Schelly; R. Britz; J.G. Lundberg; R.P. Vari & G.J. Nelson. 2005. Revisiting the Taxonomic Impediment. *Science* 307: 353.
- Cracraft, J. 2000. Species concepts in theoretical and applied biology: A systematic debate with consequences, p. 3-14. *In*: Q.D. Wheeler, Q.D. & R. Meier (Eds.). *Species Concepts and Phylogenetic Theory: A Debate*. New York, Columbia University Press. XII+230p.
- Cronin, M.A. 2007. Limitations of molecular genetics in conservation. *Nature* 447, 638.
- Darwin, C.R. 1859. *On the Origin of Species by Means of Natural Selection, or the Preservation of Favoured Races in the Struggle for Life*. Londres, John Murray. 502p.
- de Queiroz, K. & J. Gauthier. 1994. Toward a phylogenetic system of biological nomenclature. *Trends in Ecology and Evolution* 9: 27–31.
- Dimmick, W.W.; M.J. Ghedotti; M.J. Grose; A.M. Maglia; D.J. Meinhardt & D.S. Pennock. 1999. The importance of systematic biology in defining units of conservation. *Conservation Biology* 13: 653-660.
- Dobzhansky, T. 1973. Nothing in biology makes sense except in the light of evolution. *The*

American Biology Teacher 35:125-129.

Dubois A. 2008. A partial but radical solution to the problem of nomenclatural taxonomic inflation and synonymy load. *Biological Journal of the Linnean Society* 93: 857-863

Ebach, M.C. & C. Holdrege. 2005. More taxonomy, not DNA barcoding. *BioScience* 55: 822-823.

Erpenbeck, D.; J.A.J. Breeuwer; F.J. Parra & R.W.M. van Soest. 2006. Speculation with spiculation?—three independent gene fragments and biochemical characters versus morphology in demosponge higher classification. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 38: 293–305.

Fitzhugh, K. 2005a. The inferential basis of species hypotheses: The solution to defining the term ‘species.’ *Marine Ecology* 26: 155–165.

Fitzhugh, K. 2005b. Les bases philosophiques de l’inférence phylogénétique: une vue d’ensemble. *Biosystema* 24: 83–105.

Fitzhugh, K. 2006a. The abduction of phylogenetic hypotheses. *Zootaxa* 1145: 1–110.

Fitzhugh, K. 2006b. DNA Barcoding: an instance of technology-driven science? *BioScience* 56 (6): 462-463.

Fitzhugh, K. 2008. Abductive inference: implications for ‘Linnean’ and ‘Phylogenetic’ approaches for representing biological systematization. *Evolutionary Biology* 35: 52-82.

Godfray, H.C.J. 2002. Challenges for taxonomy. *Nature* 417: 17–19.

Godfray, H.C.J. 2007. Linnaeus in the information age. *Nature* 446: 259–260.

Grant, V. 2003. Incongruence between cladistic and taxonomic systems. *American Journal of Botany* 90 (9): 1263-1270.

Greene, H.W. 2005. Organisms in nature as a central focus for biology. *Trends in Ecology and Evolution* 20 : 23-27.

Groves, C. 2004. The what, why and how of Primate Taxonomy. *International Journal of Primatology* 25 : 1105-1126.

Hadju, E.M.; N.M. Gianuca & A.C.Z. Amaral. 1998. O impedimento taxonômico e a crise da biodiversidade. In: *Simpósio de Ecossistemas Brasileiros, 4., Águas de Lindóia. Anais...* São Paulo, Academia de Ciências do Estado de São Paulo, 227-245.

Haig, S.M.; E.A. Beever; S.M. Chambers; H.M. Draheim; B.D. Dugger; S. Dunham; E. Elliott-Smith; J.B. Fontaine; D.C. Kesler; B.J. Knaus; I.F. Lopes; P. Loschl; T.D. Mullins & L.M. Sheffield. 2006. Taxonomic considerations in listing subspecies under the U.S. Endangered Species Act. *Conservation Biology* 20: 1584-1594.

Hajibabaei, M.; J.R. de Waard; N.V. Ivanova; S. Ratnasingham; R.T. Dooh; S.L. Kirk; P.M. Mackie & P.D.N. Hebert. 2005. Critical factors for assembling a high volume of DNA barcodes. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B* 360: 1959-1967.

Harris, D.J. & E. Froufe. 2005. Taxonomic inflation: species concept or historical geopolitical bias? *Trends in Ecology and Evolution* 20: 6-7.

Hebert, P.D.N.; A. Cywinska; S.L. Ball & J.R. DeWaard. 2003a. Biological identifications through DNA Barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London Series B* 270: 313–321.

Hebert, P.D.N.; E.H. Penton; J.M. Burns; D.H. Janzen & W. Hallwachs. 2004. Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astraptes fulgerator*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 101: 14812–14817.

Hebert, P.D.N.; S. Ratnasingham & J.R. deWaard. 2003b. Barcoding animal life: cytochrome *c* oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences* 270 : S96–S99.

Hennig, W. 1966. *Phylogenetic Systematics*. Urbana, University of Illinois Press. 263p.

- Hillis, D. 2007. Constraints in naming parts of the tree of life. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 42: 331–338.
- Isaac, N.J.B; J. Mallet & G.M. Mace. 2004. Taxonomic inflation: its influence on macroecology and conservation. *Trends in Ecology and Evolution* 19: 464-469.
- ICZN [International Commission on Zoological Nomenclature] (1999) *International code of zoological nomenclature*. Quarta edição. Londres, International Trust for zoological Nomenclature. XXXIX+126p.
- Karl, S.A. & B.W. Bowen. 1999. Evolutionary significant units versus geopolitical taxonomy: molecular systematics of an endangered sea turtle (genus *Chelonia*). *Conservation Biology* 13: 990-999.
- Kelly, K. 2008. Technological twist on taxonomy. *Nature* 452: 939.
- Kerr, K.C.R.; M.Y. Stoeckle; C.J. Dove; L.A. Weigt; C.M. Francis & P.D.N. Hebert. 2007. Comprehensive DNA barcode coverage of North American birds. *Molecular Ecology Notes* 1: 1-9.
- Knox, E.B. 1998. The use of hierarchies as organizational models in systematics. *Biological Journal of the Linnean Society* 63: 1-49.
- Krell, F-T. 2004. Parataxonomy vs. taxonomy in biodiversity studies – pitfalls and applicability of “morphospecies” sorting. *Biodiversity and Conservation* 13 (4): 795-812.
- Kutschera, U. 2007. Leeches underline the need for Linnaean taxonomy. *Nature* 447: 775.
- Lana, P.C. 2003. O valor da biodiversidade e o impasse taxonômico: a diversidade marinha como estudo de caso. *Desenvolvimento e Meio Ambiente* 8: 97-104.
- Lee M.S.Y. & A. Skinner. 2007. Stability, ranks, and the *Phylocode*. *Acta Palaeontologica Polonica* 52: 643-650.
- Linnaeus, C. 1758. *Systema Naturae per regna tria naturae, secundum classes, ordines, genera, species, cum characteribus, differentiis, synonymis, locis*. Editio decima, reformata. Tomus I. Laurentii Salvii, Holmiae. 823p.
- Lyal, C.H.C. & A.L. Weitzman. 2004. Taxonomy: exploring the impediment. *Science* 305 : 1106.
- Maddison, D.R.; K.S. Schulz & W.P. Maddison 2007. The Tree of Life Web Project. *Zootaxa* 1668: 19–40.
- Marques, A.C, & C.J.E. Lamas. 2006. Taxonomia zoológica no Brasil: estado da arte, expectativas e sugestões de ações futuras. *Papéis Avulsos de Zoologia* 46: 139-174.
- Marris, E. 2007. The species and the specious. *Nature* 446: 250-253.
- Maher, B. 2007. Taxonomy: the collector. Paddy Patterson interviewed by Brendan Maher. *Nature* 449: 23.
- Mateus A. 1989. *Fundamentos de Zoologia Sistemática*. Lisboa, Fundação Calouste Gulbenkian. 310p.
- Mayden, R.L. 1997. A hierarchy of species concepts: the denouement in the saga of the species problem. p. 381-424. *In*: M.A. Claridge; H.A. Dawah & M.R. Wilson (Eds.). *Species: The units of diversity*. London, Chapman & Hall. XVI+460p.
- Mayr, E. 1969. *Principles of Systematic Zoology*. New York, McGraw Hill. XI+428p.
- Mayr, E. 1997. Perspective: the objects of selection. *Proceedings of the National Academy of Science* 94 :2091-2094.
- Mayr, E. 2005. *Biologia, ciência única: reflexões sobre a autonomia de uma disciplina científica*. São Paulo: Companhia das letras. 266p.

- Meijaard, E. & V. Nijman. 2002. Primate hotspots on Borneo: predictive value for general biodiversity and the effects of taxonomy. *Conservation Biology* 17: 725-732.
- Migotto, A. E. & Vellutini. 2012. *Cifonauta* image database. Available at: <http://cifonauta.cebimar.usp.br>. Accessed: 2012-03-13.
- tinelli, A. 2007. Invertebrate taxonomy and evolutionary developmental biology. *Zootaxa* 1668: 55–60.
- Miranda, J.M.D. 2005. O primata humano, a visão, a morfologia e a sistemática. *Boletim Informativo da Sociedade Brasileira de Zoologia* 85: 4-5.
- Moritz, C. 1994. Defining “Evolutionarily Significant Units” for conservation. *Trends in Ecology and Evolution* 9: 373-375.
- Pennisi, E. 2003. Modernizing the Tree of Life. *Science* 300: 1692-1697.
- Pennisi, E. 2007. Wanted: a barcode for plants. *Science* 318: 190-191.
- Pennock, D.S. & W.W. Dimmick. 1997. Critique of the evolutionarily significant unit as a definition for “distinct population segments” under the U.S. Endangered Species Act. *Conservation Biology* 11: 611-619.
- Peterson, K.J. & E.H. Davidson 2000. Regulatory evolution and the origin of bilaterians. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 97: 4430-4433.
- Peterson, A.T. & A.G. Navarro-Sigüenza. 1999. Alternate species concepts as bases for determining priority conservation areas. *Conservation Biology* 2: 427-431.
- Rapini, A. 2004. Modernizando a taxonomia. *Biota Neotropica* 4 (1), 1-4.
- Raven, P.H.; B. Berlin & D.E. Breedlove. 1971. The origins of Taxonomy. *Science* 174: 1210-1213.
- Ridley, M. 2004. *Evolution*. Oxford, Blackwell Publishing Company. VIII+752p.
- Rieppel, O. 2006. The *Phylocode*: a critical discussion of its theoretical foundation. *Cladistics* 22: 186-197.
- Rylands, A.B.; A.F. Coimbra-Filho & R.A. Mittermeier. 1993. Systematics, geographic distribution, and some notes on the conservation status of the Callitrichidae, p.11-77. In: A.B. Rylands (Ed.). *Marmosets and Tamarins Systematics, Behaviour and Ecology*. New York, Oxford University Press.
- Rodman, J.E. 2007. Reflections on PEET, the Partnerships for Enhancing Expertise in Taxonomy. *Zootaxa* 1668: 41–46.
- Rouse, G.W. & Fauchald, K. 1997. Cladistics and polychaetes. *Zoologica Scripta* 26: 139-204.
- Rouse, G.W. & P. Pleijel. 2001. *Polychaetes*. Londres, Oxford. XIII+354p.
- SBZ. 2007. *Boletim Informativo da Sociedade Brasileira de Zoologia* 89: 1-12.
- Seberg, O.; C.J. Humphries; S. Knapp; D.W. Stevenson; G. Petersen; N. Scharff & N.M. Andersen. 2003. Shortcuts in systematics? A commentary on DNA-based taxonomy. *Trends in Ecology and Evolution* 18: 63-65.
- Shearer, T.L. & M.A. Coffroth. 2008. Barcoding corals: limited by interspecific divergence, not intraspecific variation. *Molecular Ecology Resources* 8: 247-255.
- Smith, M.A.; B.L. Fisher & P.D.N. Hebert. 2005. DNA barcoding for effective biodiversity assessment of a hyperdiverse arthropod group: the ants of Madagascar. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B*, 360: 1825-1834.
- Sterelny, K. & P.E. Griffiths. (1999). *Sex and Death: An introduction to philosophy of biology*. Chicago: University of Chicago Press. XI+456p.
- Stoeckle, M. 2003. Taxonomy, DNA, and the Barcode of life. *BioScience*, 53: 2-3.

- Simpson, G.G. 1961. Principles of Animal Taxonomy. New York, Columbia University Press. XII+247p.
- Stearns, S.C. & R.F. Hoekstra. 2000. Evolution: an introduction. Oxford, Oxford University Press. 379p.
- Tattersall, I. 2007. Madagascar's lemurs: cryptic diversity or taxonomic inflation? *Evolutionary Anthropology* 16: 12-23.
- Thiele, K. & D. Yeates. 2002. Tension arises from duality at the heart of taxonomy. *Nature* 419: 337
- Toulmin, S. 2006. Os usos do argumento. Tradução de Reinaldo Guarany. Coleção Ferramentas. São Paulo, Martins Fontes. 375p.
- Vences, M.; M. Thomas; R.M. Bonett & D.R. Vieites. 2005. Deciphering amphibian diversity through DNA barcoding: chances and challenges. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London, Series B, Biological Sciences* 360: 1859–1868.
- Waples, R.S. 1991. Pacific salmon, *Oncorhynchus* spp., and the definition of species under the Endangered Species. *Acta Marine Fisheries Review* 53: 11-22.
- Westheide, W. 2008. Polychaetes: Interstitial Families. Second Edition. London, The Linnean Society of London and the Estuarine and Coastal Science Association, 44. VII+169p.
- Wheeler, Q.D. 2004. Taxonomic triage and the poverty of phylogeny. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B* 359: 571-583.
- Wheeler Q.D.; P.H. Raven & E.O. Wilson. 2004. Taxonomy: impediment or expedient? *Science* 303: 285.
- Wheeler, Q.D. 2007. Invertebrate systematics or spineless taxonomy? *Zootaxa* 1668: 11–18.
- Wheeler, Q.D. 2008. The New Taxonomy. [CRC Press](#). Systematics Association Special Volumes Series, 76, 237 pp.
- Wilkins, A. 2001. The evolution of developmental pathways. Sunderland, Sinauer Associates. XVII+603p.
- Wilson, E.O. 1992. The diversity of life. New York, W. W. Norton & Company. Páginas
- Wilson, E.O. 2003. The encyclopedia of life. *Trends in Ecology and Evolution* 18: 77-80.
- Winston, J.E. 1999. Describing species: practical taxonomic procedures for biologists. New York, Columbia University Press. XX+518p.
- Worsaae, K. & R.M. Kristensen. 2005. Evolution of interstitial Polychaetes. *Hydrobiologia* 535/536: 319-340.
- Zhang, Z.Q. & W.A. Shear. 2007. Linnaeus tercentenary and invertebrate taxonomy: an introduction. *Zootaxa* 1668: 7-10.

Recebido em 14/03/2012
Aprovado em 19/05/2012