

Quisiera ser taxónomo

SIN GANAS



*Sergio Salazar**

Durante el curso de ecología de comunidades marinas de la maestría del CICESE, compartimos una salida al campo. Se trataba de optimizar la bajamar y hacer un ejercicio para evaluar la relación entre diversidad y dominancia, un tema entonces en boga. La mayoría de los colegas eran oceanólogos de la universidad local y estábamos varios biólogos de la capital, dos de Monterrey y uno de España. Por el entrenamiento en la licenciatura, fue sencillo ubicar las familias de los organismos principales; distinguir los cangrejos jántidos de los májidos no era problema, y también fue sencillo separar los simpúncidos de los pepinos de mar o de los poliquetos. Mis colegas me dijeron que era buen taxónomo y que era evidente mi entrenamiento en taxonomía; mi respuesta fue: “quisiera ser taxónomo”.

En la época que disfruté la licenciatura, había seis cursos en botánica y cinco en zoología. Su calidad era dispar pero nos obligaban a entregar colecciones de 40-50 taxa (familias en artrópodos, especies en hongos y vertebrados) para enriquecer las de la facultad; el argumento era que esa actividad resultaba de la mayor importancia y nos ayudaría a dominar la taxonomía.

El entrenamiento nos permitió conocer la literatura para identificar los grupos principales, pero considerar que es taxónomo el que puede atrapar organismos, almacenarlos, procesarlos al seguir una clave, e incluso llegar a catalogarlos, sería equivalente a pensar que el que puede hacer fotocopias puede fabricar la fotocopidora. Una falacia elegante, una mentira institucional que de tanto repetirse llegó a considerarse verdad y de la que fue difícil escapar. No. La taxonomía no era sólo eso y aun siendo optimista, eran más las tareas faltantes que las que hacíamos. Sin embargo, algunos colegas llegaron a realizar una revisión sobre la fauna de un lugar específico e hicieron unas claves para las especies contenidas; los que estudiaban peces pudieron incluso hacer algunos estudios finos sobre especiación y biogeografía, por lo que estaban más cerca de

las actividades del taxónomo. Por desgracia, en Nuevo León y en varias escuelas de biología se ha deteriorado o ha desaparecido el énfasis en la historia natural (y su componente taxonómico); una paradoja dado el discurso de que somos un país de megadiversidad.

Desde Simpson, consideramos que la taxonomía tiene niveles crecientes de complejidad en relación con el conocimiento de cada grupo de organismos. La alfa corresponde a las descripciones de nuevos taxa, con los registros nuevos o con preparar listas y se supone que se liga con grupos muy poco conocidos. Cuando estos niveles se han superado, procede hacer estudios sobre variación ontogenética, morfológica o geográfica para definir los límites de cada especie; entonces estaríamos en el nivel beta que correspondería a grupos con regular conocimiento. Si nuestro entendimiento nos permite estudios sobre evolución, estamos en el nivel gamma y se enlaza, por lo general, con grupos bien conocidos. Algunos caracterizan o distinguen este último nivel como sistemática.

Si por gusto o por entrenamiento atendemos un grupo poco conocido, ¿debemos condenarnos a realizar estudios nivel alfa? No; es posible estudiar nuestro grupo desde los tres niveles aunque nos obligamos a modificar la concepción de nuestro compromiso con los colegas. Quiero decir, en un grupo poco conocido, podríamos pasar varias vidas describiendo especies e incrementando las listas regionales con nuevos registros. Sin embargo, ese enfoque ayudaría muy poco a comprender el espectro de variación natural, ontogenética o geográfica, con lo que nuestros afanes serían parte del problema y no de la solución. Por supuesto, hacer ejercicios en análisis filogenético implica mayores dificultades porque uno debe estudiar más y salirse de su placentera rutina, pero nuestra contribución será más relevante.

Porque comprendemos lo anterior, estamos tratando de mejorar el conocimiento de la fauna regional de poliquetos. Para ello revisamos material del Gran Caribe, estudiamos su variación cuando hay material suficiente, preparamos claves de identificación para todas las especies de la zona y hemos empezado a hacer algunos ejercicios en análisis filogenético. Esa sería la secuencia óptima pero somos críticos; hemos visto que a veces, en aras de la modernidad, nuestros colegas se involucran en cladismo sin conocer bien al grupo cuya evolución pretenden dilucidar y tratamos de evitar eso. En unos cinco años podremos evaluar los éxitos y fracasos de esta iniciativa.

* Sergio I. Salazar-Vallejo es investigador de ECOSUR Chetumal (salazar@ecosur-qtroo.mx).

SIN GANAS