



Universidad de Concepción

Facultad de Humanidades y Arte

Programa de Magíster en Filosofía

Realismo científico y concepto filofenético de especie: el problema de la taxonomía bacteriana.

Tesis para optar al grado de Magíster en Filosofía

Tesista: Sergio Orlando Villagrán Zúñiga

Profesor Guía: Dr. Julio Torres Meléndez

Concepción, Chile

2025

Entonces dijo Dios: «Produzca la tierra vegetación: hierbas que den semilla, y árboles frutales que den su fruto con su semilla sobre la tierra según su especie» Y así fue.

Génesis 1:11

1 Resumen breve	4
2 Resumen extendido	5
3.-Introducción	7
3.1 Realismo científico	8
3.2 Esencialismo y pluralismo en la teoría de clasificación biológica	11
3.3 Clasificación biológica y conceptos de especie.....	14
4 Revisión de la clasificación taxonómicas bacteriana	23
5.-Concepto Filo-fenético de especie bacterianas	37
6.-Análisis del pluralismo normativo según Ereshefsky y su implicancia para el CFF de especies bacterianas.....	40
7.- Programa clasificatorio y valores no-epistémicos en rescate del pluralismo normativo.....	44
8.- Valores no epistémicos en casos de clasificación taxonómica	47
9. Valores no-epistémicos en el casos de clasificación taxonómica del Complejo <i>Acinetobacter</i>	49
10. Discusión	53
10.1 Argumento de la Inducción Pesimista de Larry Laudan en el contexto histórico de la taxonomía y conceptos de especies.	53
10.2. Realismo Promiscuo de Dupré como fundamento epistemológico para la mantención del CFF de especie en bacterias como una teoría real.	56
10.3 Sobre la complejidad microbiana y el concepto de especie: hacia una filosofía de la biología renovada	59
10.4 Casos de reinterpretación taxonómica de especies bajo nuevos criterios moleculares.....	61
10.5 La complejidad multidimensional del problema del concepto de especie biológico.	63
11. Bibliografía.....	65

1 Resumen breve

Este estudio analiza la viabilidad del Concepto Filo-Fenético (CFF) de las bacterias dentro del marco del realismo pluralista normativo de Marc Ereshefsky, que integra valores no-epistémicos en la clasificación científica. La investigación revisa la evolución teórica y empírica de la taxonomía bacteriana, evidenciando el desplazamiento de criterios fenotípicos y genotípicos, y discute cómo estas transformaciones reflejan debates ontológicos, epistemológicos y lingüísticos sobre la naturaleza de las especies. Aunque el CFF combina datos filogenéticos y fenotípicos para una clasificación integral, no cumple con las reglas metodológicas del modelo de Ereshefsky, como la coherencia y la consistencia interna. Sin embargo, puede sustentarse mediante el programa clasificatorio que acepta valores no-epistémicos, articulándose a través de la Explicación de la Funcionalidad Fundamentada (EFF). La discusión incorpora el pesimismo inductivo de Larry Laudan y la propuesta de John Dupré de un realismo *promiscuo*, que considera la complejidad de las especies bacterianas, caracterizadas por transferencia horizontal de genes, reproducción asexual y diversos niveles de individualidad, aspectos que desafían las nociones tradicionales y enriquecen el debate filosófico sobre la clasificación biológica.

Palabras clave: Concepto Filo-fenético, Pluralismo normativo, Valores no-epistémicos

2 Resumen extendido

El concepto de especie, una noción biológica aparentemente sencilla, ha demostrado ser un problema persistente y multifacético para los filósofos de la ciencia. Las diferentes perspectivas esencialistas y pluralistas se han visto interpeladas desde los resultados que la investigación científica ha entregado. El análisis histórico de la taxonomía presenta los antecedentes para observar cambios teóricos entre esencialismo y propuestas dinámicas y evolutivas influenciadas por Darwin y los descubrimientos de la genética moderna observando el auge y declive de los criterios fenotípicos (rasgos observables) y genotípicos (composición del ADN). De esta manera, el objetivo de esta investigación es evaluar si el CFF puede ser defendido dentro del realismo pluralista normativo de Marc Ereshefsky, al incorporar valores no-epistémicos en su programa clasificatorio. Con este propósito de investigación, se ha revisado el cambio teórico y empírico que ha tenido la clasificación bacteriana durante las últimas décadas y las propuestas pluralistas de Ereshefsky y John Dupré.

El CFF combina datos filogenéticos (historia evolutiva) y fenotípicos para lograr una clasificación más integral. Sin embargo, bajo el modelo del pluralismo normativo de Ereshefsky, este concepto no es capaz de cumplir ciertas reglas metodológicas (Coherencia Intra-teórica y Consistencia Interna) que el modelo exige. Si bien, el CFF no cumple con los requisitos propuestos por Ereshefsky (2001) podría ser rescatado bajo el marco del *Programa clasificatorio* que acepta la incorporación de valores no-epistémicos (Ereshefsky y Reydon, 2015). A través del modelo de la Explicación de la Funcionalidad Fundamentada (EFF), los autores buscan articular valores no-epistémicos con las teorías empíricas exitosas en el mundo (valores epistémicos). De esta manera, el CFF, es presentado cómo un buen modelo que cumple con los principios de ordenamiento; principios motivadores y principios de clasificación entre valores epistémicos y no-epistémicos. Sin embargo, a pesar de que el CFF, pueda ser aceptado dentro de la propuesta pluralista, podría ser confrontado desde el análisis histórico a través del pesimismo inductivo de Larry Laudan, como una advertencia frente a una pretensión de verdad final del CFF. Para finalizar, se sostiene la propuesta de realismo promiscuo de Dupré para no abandonar la tesis realista del CFF.

Posteriormente, se discute sobre la complejidad del concepto de especies en bacterias considerando sus características controversiales como la transferencia horizontal de genes, crecimiento asexual o niveles de individualidad.

Palabras clave: Concepto Filo-fenético, Pluralismo normativo, Valores no-epistémicos

3.-Introducción

El problema filosófico en torno al concepto de especie ha estado presente tanto en la filosofía de la biología como en el discurso más amplio sobre el realismo científico. Este debate se alimenta de la tensión entre las perspectivas esencialistas, que postulan la existencia de propiedades inherentes que definen a las especies, y las visiones pluralistas que abogan por múltiples maneras, potencialmente complementarias, de clasificarlas. En el contexto del realismo científico, el concepto de especie plantea preguntas fundamentales sobre si las especies son entidades objetivas que existen independientemente de nuestros marcos conceptuales o simplemente constructos epistemológicos útiles para organizar el conocimiento, al mismo tiempo se puede considerar si la clasificación taxonómica y los diferentes conceptos de especies son reales desde una visión epistemológica. Un revisión de los conceptos de especies —que abarca desde las definiciones biológicas (Concepto Biológico de Especie) hasta las filogenéticas, cladísticas entre otras— profundizará en las implicaciones de estas diferentes posturas para nuestra comprensión de la biodiversidad y la naturaleza misma de las categorías biológicas. Sin embargo, esta discusión llevada a los investigadores que trabajan con el grupo taxonómico de las bacterias, quienes presentan como disciplina científica sus propias teorías y clasificaciones, es un espacio en el cual profundizar sobre el estado actual del concepto de especies bacteriano, su conexión con la postura realista de las teorías científicas, su pertenencia a algún tipo de modelo esencialista o pluralista, esto considerando los cambios teóricos que ha tenido la clasificación bacteriana durante las últimas décadas. De esta manera, el objetivo general de mi trabajo es; Evaluar si el Concepto Filo-fenético de especie bacteriana puede ser considerado como una teoría susceptible de una interpretación realista bajo la propuesta pluralista normativa de Marc Ereshefsky. Con este objetivo general trabajaré los siguientes objetivos específicos: Revisar el cambio teórico y empírico de la taxonomía bacteriana durante las últimas décadas hasta el postura actual de Concepto Filo-fenético; Analizar el Concepto Filo-fenético bajo la propuesta del pluralismo normativo y el programa clasificatorio de Marc Ereshefsky; Analizar el Concepto Filo-fenético de especie y la viabilidad de una interpretación realista de este para la clasificación de especies bacterianas frente al argumento de la Meta Inducción Pesimista de Larry Laudan; y Evaluar la postura de realismo promiscuo de John Dupré como una alternativa para defender la interpretación realista del Concepto Filo-fenético de especie bacteriana.

3.1 Realismo científico

El realismo científico, una de las preguntas principales de la filosofía de la ciencia contemporánea, afirma que nuestras mejores teorías científicas ofrecen una descripción verídica del mundo, incluyendo entidades y procesos observables y no observables. Esto implica que las teorías científicas aspiran a ser literalmente verdaderas y que tenemos razones para creer que nuestras teorías maduras y exitosas empíricamente son, al menos aproximadamente, verdaderas. Sin embargo, el realismo científico enfrenta desafíos como la meta-inducción pesimista, el problema de la sub-determinación y la carga teórica de la observación (Hacking, 1996; Suárez, 2019; Fine, 1984).

En este contexto de nuestra investigación filosófica, podemos encontrar diferentes propuestas sobre el Realismo Científico (RC) y para construir un marco teórico de esta investigación, en primer lugar revisaré los argumentos a favor del RC desarrollado por Hilary Putnam (Argumento de los NO Milagros) y posteriormente la respuesta de Larry Laudan en contra del realismo científico (Argumento de la Meta Inducción Pesimista) para contrastar de manera final con la postura de Boyd, Kitcher y Psillos (Argumento de la Meta Inducción Optimista)

En palabras de Ian Hacking, "... el RC acerca de entidades nos dice que muchas entidades teóricas realmente existen. El anti-realismo niega esto, y dice que son ficciones, construcciones lógicas, o partes de un instrumento intelectual para razonar acerca del mundo" y, en relación con el RC sobre las teorías, Antonio Diéguez (2010) comenta; "las teorías científicas nos proporcionan un conocimiento adecuado, aunque perfectible, de la realidad tal como esta es con independencia de nuestros procesos cognitivos".

Una de las defensas sobre el RC con más repercusiones ha sido el Argumento de los No Milagros (ANM). El argumento, si bien es sencillo e intuitivo en su forma general, no ha estado exento de críticas. Este argumento ha sido propuesto por Putnam (1975), y si bien podemos encontrar versiones que divergen de la de Putnam, como las de Boyd (1984), centraremos la discusión en el argumento de Putnam, el cual podemos mencionar bajo sus palabras:

El argumento positivo a favor del realismo es que es la única filosofía que no convierte el éxito de la ciencia en un milagro. Que los términos en teorías científicas maduras tienen correspondencia, que las teorías aceptadas en una ciencia madura son típica y aproximadamente verdaderas, o que el mismo término

puede referirse al mismo objeto, incluso cuando ocurre en distintas teorías todos estos enunciados puede ser entendidos por el realista científico no como verdades necesarias, sino como parte de la única explicación científica del éxito de la ciencia, y por ende, como parte de cualquier descripción adecuada de la ciencia y de su relación con sus objetos (Putnam 1975, p. 133).

El ANM propuesto por Putnam, si bien no plantea que la ciencia llegue a alcanzar verdades, sí considera que puede existir una aproximación a la verdad de las teorías científicas, desde la coherencia entre los términos propios de una teoría con las predicciones que puede realizar en su área y que algunas veces, son compartidas por otras teorías científicas. En palabras de Suárez (2019) el argumento de Putnam podría resumirse en el siguiente silogismo:

(Premisa 1): la ciencia tiene éxito

(Premisa 2): el realismo científico explica el éxito de la ciencia

(Conclusión): el realismo científico es correcto

Sin embargo, a pesar de que el argumento de Putnam tiene fuerza en lo intuitivo su referencia al éxito de la ciencia no es clara y ha recibido críticas principalmente desde un análisis histórico a través del Argumento de la Meta-Inducción Pesimista (AMIP) propuesta por Larry Laudan (1981, 1984) “el cual entregaría múltiples y convincentes razones para suponer que el realismo científico no solamente no explica, sino que no tiene la capacidad de explicar el éxito científico” (Suárez, 2019 p137). En relación ANM, en la corriente antirrealistas vinculada al AMIP, podemos encontrar diferentes versiones que a veces son difíciles de ver como un campo uniforme de argumentos (Wray, 2015), es así, como nuestro trabajo está enfocado en el argumento de Laudan (1981). En palabras de Mauricio Suárez (2019) podríamos revisar sobre el AMIP de Laudan lo siguiente: “Laudan argumenta con profuso detalle, que la historia de la ciencia provee múltiples y convincentes razones para suponer que el realismo científico no solamente no explica, sino que no tiene la capacidad de explicar el éxito científico” (Suárez, 2019, p136)

Así, con un análisis histórico podemos observar que se pueden identificar teorías que hoy son consideradas falsas, pero que en su momento presentaron un número considerable de predicciones exitosas. Laudan comenta que el éxito que entrega la ciencia es especialmente predictivo, una explicación que Putnam no entrega en su propuesta. Uno

de los ejemplos clásicos de la historia de la ciencia analizados por Laudan es el desarrollo o evolución de las teorías sobre el sistema planetario, revisando 3 estadios:

- a) El sistema ptolomaico (geocentrismo)
- b) El sistema copernicano (heliocentrismo y órbitas circulares)
- c) El sistema newtoniano-kepleriano (heliocentrismo y órbitas elípticas)

Para este caso, Laudan comenta que si bien actualmente aceptamos que la teoría ptolomaica es falsa pudo predecir diferentes acontecimientos astronómicos como la aparente inmutabilidad de las estrellas lejanas en el firmamento, su constante rotación sobre el eje de la estrella polar entre otras (Laudan, 1981).

Una de las críticas que podemos mencionar en relación al AMIP, será que al igual que ANM, presente una lógica circular, asumiendo como punto de partida la tesis que pretende refutar, evaluar las teorías actuales como falsas implica presuponer que las actuales son verdaderas en tanto son estas últimas a la luz de las cuales se juzgan las primeras, siendo así que las teorías se puedan evaluar solamente contrastando con otra, lo cual necesitaría una amplia justificación desde el punto metodológico y epistémico.

Continuando la discusión en relación con las teorías científicas, el argumento de Laudan si bien pone en jaque a la ANM, no está cerca de terminar con la discusión. Ha sido contraargumentada por la propuesta de Boyd, Kitcher y Psillos bajo el término que Suárez (2019) denomina: el Argumento de la Familiaridad.

El Argumento de la Familiaridad, de forma general, propone un análisis histórico las teorías científicas contrastando sus componentes internos, desde los cuales se pueden encontrar una correlación con el mundo a través del éxito predictivo que puedan tener en sus campos de estudio. Esta propuesta se basa en analizar los componentes internos de las teorías, reconociendo términos familiares en ellas, los cuales son utilizados en otras teorías científicas y de esta manera contrastados empíricamente manteniendo así un éxito predictivo independiente de si en algún momento fueron parte de una teoría que actualmente consideramos falsa. Es necesario, sin embargo, distinguir los términos familiares que son genuinamente operativos del éxito, de los que son redundantes u ornamentales. En este contexto Kitcher (1993) distingue los postulados operativos (“*working posits*”), de los postulados ociosos o meros presupuestos (“*presuppositional posits*”) de una teoría. De esta manera, al revisar históricamente que existen ciertos términos que presentan continuidad de uso en otras teorías coherentes y manteniendo un “éxito predictivo”, la inducción pesimista de Laudan se convierte en una inducción

optimista a favor del RC. Frente a estas propuestas, los pesimistas en contra de la inducción histórica (Laudan, Fine, van Frasen) argumentaran que demostrar la operatividad de aquellos enunciados familiares es lógicamente imposible (Suárez, 2019, p. 144).

3.2 Esencialismo y pluralismo en la teoría de clasificación biológica

La problemática filosófica que envuelve el concepto de especie ha constituido un tema central en el análisis de la naturaleza y clasificación de los seres vivos, desarrollándose como un asunto de permanente interés en el campo de la filosofía de la ciencia. A pesar de los avances empíricos y tecnológicos que han permitido profundizar en el estudio de la biodiversidad, la definición y la comprensión del concepto de especie permanecen sometidas a debates y discrepancias sustantivas. La complejidad inherente a las características biológicas de los organismos, junto con las diferentes interpretaciones y enfoques que han emergido a lo largo de la historia, dificultan la formulación de un criterio universalmente aceptado. En este contexto, diversos autores y corrientes han promovido aproximaciones parciales que reflejan tanto las necesidades prácticas de clasificación como las tensiones teóricas sobre la naturaleza del concepto. La problemática del realismo científico en relación con las especies adquiere particular relevancia, puesto que plantea interrogantes sobre si las especies constituyen entidades objetivas y existentes independientemente de nuestra conceptualización o si, por el contrario, se tratan de constructos epistemológicos útiles para la organización del conocimiento. En este contexto podemos encontrar dos tipos de posturas, la esencialista que busca y promueve la existencia de propiedades propias en los individuos que podrían ser utilizadas para definir y clasificar las especies biológicas y, por otro lado, las posturas pluralistas que propondrán que no existe una única manera de clasificar las especies, sino más bien, diferentes visiones que eventualmente podrían complementarse o convivir entre sí.

La problemática del esencialismo en biología constituye un eje central en la filosofía de la ciencia contemporánea. Este debate confronta la inherente dinámica de los procesos evolutivos con la estabilidad que tradicionalmente se atribuye a las categorías taxonómicas. A pesar de la variabilidad y fluidez observable en el mundo natural, persiste la tendencia a identificar propiedades definitorias, o esencias, que delimiten las especies. Esta tensión trasciende una mera cuestión semántica, y penetra en las bases mismas de la

epistemología de la biología, desafiando nuestras concepciones sobre la naturaleza de las categorías científicas, la objetividad del conocimiento biológico y los límites de la explicación causal. En consecuencia, se plantea la interrogante fundamental de si la búsqueda de esencias en el dominio biológico constituye una estrategia epistemológica válida, o bien una herencia de paradigmas pre-evolucionistas.

Las posturas varían desde el esencialismo tradicional, influenciado por Aristóteles y Linneo, hasta el anti-esencialismo nominalista, pasando por el pensamiento poblacional de Mayr y Sober que enfatiza la variación intraespecífica encontrando autores como Michael Ghiselin, David Hull, John Dupré, Philip Kitcher, Marc Ereshefsky entre otros. Dentro de las propuestas esencialistas podemos encontrar la de Michael Devitt que defiende un esencialismo biológico intrínseco basado en propiedades genéticas. En este contexto podemos encontrar diversas posturas y críticas a algún tipo de esencialismo interno como el caso de Torres (2019) en su trabajo: “Códigos de barras y esencias históricas: una crítica a la versión moderada del esencialismo biológico intrínseco”, donde crítica la versión moderada del esencialismo biológico intrínseco (EBI) y el uso esencialista de los códigos de barras de ADN en la identificación de especies, argumentando que, aunque el EBI moderado integra aspectos históricos y relacionales, sus principios fundamentales son refutados por la complejidad de la evolución y ejemplos de especiación ecológica, demostrando que las propiedades intrínsecas no siempre determinan la identidad ni la historia de un taxón. Para el caso de esta investigación filosófica nos posicionamos desde la postura pluralista descartando el esencialismo biológico.

Por otro lado, en las últimas décadas, la filosofía de la ciencia ha experimentado un giro significativo hacia el pluralismo, alejándose de la búsqueda de una metodología unificada o una ontología universalmente aplicable. Inspirado por autores como Paul Feyerabend, quien argumentó en contra de la existencia de un 'método científico único y vinculante, esta perspectiva pluralista reconoce y valora la diversidad inherente a las prácticas científicas. Se acepta que diferentes disciplinas, teorías y modelos pueden ofrecer perspectivas válidas y complementarias sobre el mundo. En lugar de aspirar a una única imagen verdadera de la realidad, el pluralismo científico abraza la coexistencia de múltiples representaciones, cada una con sus propios fundamentos, fortalezas y limitaciones.

De esta manera, la filosofía de la ciencia contemporánea, influenciada por voces pluralistas como Ereshefsky-Reydon y Dupré, cuestiona la idea de un único sistema de

clasificación de clases naturales que capture de manera exhaustiva la complejidad del mundo. Esta perspectiva se aleja de la búsqueda de esencias o propiedades intrínsecas y reconoce que diferentes programas de clasificación pueden ser válidos y útiles en función de los objetivos y el contexto de investigación (Ereshefsky y Reydon, 2015; Dupré, 1981). De esta manera, la discusión sobre las clases naturales puede presentar un enfoque pluralista, observando los diferentes programas de clasificación, considerados apropiados para diferentes disciplinas esto, debido a que son incorporados los valores no-epistémicos como parte de las disciplinas científicas en las que se insertan. Así, podemos encontrar “diferentes explicaciones particulares sobre las clases científicas las cuales varían con respecto a cómo se caracterizan, el grado en que se vinculan a estructuras causales o microestructuras, y cuán amplia o permisiva es la noción de una clase científica” (Crane, 2021). Esta diversidad y relativismo disciplinario implica cierto pluralismo para Crane “ya que diferentes esquemas de clasificación serán apropiados para diferentes disciplinas” En este contexto, desde la búsqueda definir las clases naturales en un escenario pluralista, se pueden encontrar un conjunto de propiedades que pueden ser transversales como: Relatividad disciplinaria. (las clases científicas no pueden separarse de las disciplinas en las que se insertan); Realismo (las clases científicas se integran en prácticas científicas exitosas); Pluralismo, permisividad y tipos transversales (existen diferentes grados de pluralismo y permisividad); Clases funcionales y clases realizadas de forma múltiple (no solo existen criterios microestructurales para individualizar clases científicas); y Antiesencialismo (Crane, 2021).

Siguiendo esta línea, podemos identificar el Pluralismo normativo de Ereshefsky (2021) que propone la validez de múltiples conceptos de especie (biológico y filogenético) ya que capturan diferentes aspectos de la realidad biológica, rechazando la idea de especies con esencias inmutables y critica la taxonomía linneana rígida. Su propuesta normativa, introduce reglas metodológicas que le permiten defenderse del argumento anti-pluralista del “todo vale” y así, seleccionar conceptos de especie, favoreciendo los enfoques biológico y filogenético. Por otro lado, podemos mencionar la propuesta de realismo promiscuo de Dupré (1981) quien argumenta que no hay “relaciones de similitud privilegiadas” para definir especies. Critica el esencialismo y la búsqueda de características únicas en cada taxón, así como la validez universal del aislamiento reproductivo y los árboles filogenéticos. Bajo estas dos propuestas pluralistas, revisaré la validez del concepto de especie en bacterias en el contexto del realismo científico para teorías científicas.

3.3 Clasificación biológica y conceptos de especie

El concepto de especie ha constituido un problema filosófico fundamental en el ámbito de la biología, generando intensas discusiones y análisis críticos a lo largo del tiempo. A pesar de los avances significativos en el descubrimiento de nuevas evidencias empíricas relacionadas con la naturaleza de los organismos vivos, así como el desarrollo de tecnologías innovadoras para su estudio, la cuestión del concepto de especie sigue sin una resolución definitiva. La notable diversidad de formas de vida, la complejidad inherente a sus características biológicas y las limitaciones tecnológicas continúan dificultando el establecimiento de un concepto universalmente aceptado de especie. No obstante, se han ido forjando consensos parciales entre distintas corrientes y autores en diversas disciplinas biológicas. Esta necesidad de consenso surge tanto de la urgencia por construir nuevo conocimiento como de las implicaciones prácticas de la clasificación de los seres vivos, que son cruciales para áreas como la conservación biológica, el tratamiento clínico de enfermedades relacionadas con patógenos y diversas aplicaciones biotecnológicas. Este trabajo se propone analizar las diferentes aproximaciones filosóficas al concepto de especie.

Una aproximación histórica sobre cómo se ha llevado a cabo esta clasificación, nos podría situar en sus inicios al filósofo (y naturalista), Aristóteles, quien clasificó los seres vivos desde una mirada naturalista y científica. Dedujo que la naturaleza progresa desde lo más simple a lo más complejo, de lo inanimado a lo animado y dentro de lo animado, mediante pasos ascendentes desde las plantas a los animales. Aristóteles introdujo por primera vez el concepto de especie y concibió un mundo de especies estáticas, generadas en aproximación a una forma “ideal”. Esto es, cada especie tendría una forma natural, un “tipo” verdadero y la variación individual dentro de cada especie representaría desviaciones accidentales del tipo verdadero causadas por influencias externas. Diecisiete siglos después de la obra pionera de Carl Von Linneo, *Sistema Natural*, publicada en 1735, podemos observar la profunda influencia que su enfoque jerárquico de clasificación y su propuesta de nomenclatura binominal ejercieron en la taxonomía contemporánea. En su obra, Linneo clasifica y define las especies a partir de las características observables de los individuos, limitándose a los datos empíricos disponibles en su época. Sin embargo, su perspectiva, marcada por un enfoque pre-darwinista, postula que las diferentes especies permanecen inalteradas a lo largo del tiempo. Esta concepción implica que las especies pueden ser definidas por sus esencias

intrínsecas, un concepto que ha suscitado extensos debates en la filosofía de la biología. A medida que el conocimiento y la técnica han avanzado, las características que definen a cada especie han sido objeto de investigación y discusión, fortaleciendo así el dilema filosófico relacionado con la naturaleza de las especies. Sin embargo, podríamos considerar en la discusión sobre las especies, el punto de inflexión que ha tenido la propuesta de Charles Darwin sobre el origen y desarrollo de las especies:

En *El origen de las especies* Darwin afirmó que las especies ya no constituían el resultado de una simple creación divina, tal y como Linneo pensó, sino que estas eran el producto de la evolución por medio de la selección natural. Esto significaba, en última medida, que las diversas especies constituían entidades históricas con límites difusos (Villuendas, 2019, p. 243).

La propuesta evolucionista de Darwin en el siglo XIX marcó un hito fundamental en el estudio de la biología, incorporando nuevas evidencias que complejizan la definición de las especies biológicas. La teoría de la evolución desafió las nociones del esencialismo biológico, que hasta entonces dominaban el pensamiento científico, al introducir la idea de que las especies no son entidades fijas y definidas por esencias intrínsecas, sino más bien poblaciones dinámicas sujetas a cambios a través del tiempo. Este conflicto entre los esencialistas y los antiesencialistas ha permanecido como una problemática vigente en la filosofía de la biología, siendo objeto de un extenso debate que se remonta a las ideas fundamentales de Darwin y que continúa influyendo en las discusiones contemporáneas sobre la naturaleza de las especies (Villuendas, 2019).

La nueva perspectiva para comprender la naturaleza, la cual desafía la noción de discontinuidad entre especies tal como fue presentada por Linneo y otros naturalistas, ha conducido a redefinir el concepto de especie desde un enfoque poblacional. La dificultad de trazar una línea clara entre variedades y especies se ha utilizado como argumento en favor de la teoría evolutiva, sugiriendo que las especies no son entidades objetivas, sino agrupaciones convencionales y arbitrarias de individuos que comparten similitudes. Este cuestionamiento del concepto de especie se intensificó a finales del siglo XIX y principios del siglo XX, manifestándose en afirmaciones como las de Ernst Mayr, quien sostiene que “las especies son grupos de poblaciones que no pueden entrecruzarse”, así como la idea de que “las especies son unidades de diversidad biológica”, expresada por

Theodosius Dobzhansky. Estas declaraciones no solo contribuyeron a establecer un marco biológico en la definición de las especies, sino que también desafiaron la concepción de la naturaleza como un dominio categórico estático. En consecuencia, la transición hacia un entendimiento poblacional ha generado importantes implicaciones filosóficas, llevando a una re-evaluación de los métodos de clasificación adoptados por los naturalistas y estimulando un debate sobre la naturaleza misma de las entidades biológicas.

Las implicaciones de la teoría evolutiva del siglo XIX han transformado profundamente nuestra comprensión de las especies, y el avance del conocimiento científico en el siglo XX, especialmente con el descubrimiento del ADN y el desarrollo de la genética moderna, evidencia que la discusión sobre el concepto de especie está lejos de haber sido concluyente. Autores como Mayden, Rossello y de Queiroz, han revisado y clasificado los múltiples conceptos de especie que han emergido en el último siglo, identificando hasta un total de 24 definiciones distintas (Mayden, 1997). Estas discrepancias e incompatibilidades entre dichos conceptos generan variaciones en los resultados relacionados con la clasificación y el número de especies reconocidas. Entre los enfoques analizados, se observa una división entre biólogos que defienden el valor biológico de la especie y aquellos que abogan únicamente por su valor taxonómico.

Considerado el “Santo Grial” de las ciencias naturales, el dilema del concepto de especie resulta crucial, ya que su problemática es transversal e intrínseca, actuando como un bloque fundamental para el entendimiento y la evolución de diversas áreas del conocimiento humano. Las especies constituyen una de las unidades fundamentales de la biología, equiparables en importancia a los genes, las células y los organismos. Se les reconoce como elementos esenciales en la organización biológica y su conceptualización ha atraído una atención considerable debido a su papel central en las ciencias de la vida como bloques constructivos de la diversidad biológica. La relevancia del concepto de especie puede compararse con la importancia de los átomos y las partículas subatómicas en la teoría atómica, así como con los cuerpos celestes en la teoría planetaria. Es crucial que adoptemos un enfoque diligente en la identificación de especies en la naturaleza y que reflejemos de manera precisa su biodiversidad en los sistemas de clasificación. Este esfuerzo no solo contribuirá a una mejor comprensión de las especies, sino que también facilitará el progreso en diversas disciplinas científicas. Cualquier error en los 'bloques

constructivos' conceptuales puede repercutir en las conclusiones derivadas de este marco (Hey, 2001; Mayden, 1997; de Queiroz, 2007).

En el ámbito de la biodiversidad, la elección del concepto de especie puede influir significativamente en los resultados relacionados con el número de especies documentadas. Por ejemplo, un estudio enfocado en la investigación taxonómica ha cuantificado los efectos que provocan las variaciones en los conceptos de especie, revelando incrementos del 300% en el número de especies de hongos, del 259% en líquenes, del 146% en plantas, del 137% en reptiles, del 88% en aves, del 87% en mamíferos y del 77% en artrópodos (Maclaurin & Sterelny, 2008). Estos datos no solo reflejan la sensibilidad de la clasificación taxonómica a diversas definiciones de especie, sino que también subrayan la importancia de estos conceptos en la comprensión de la biodiversidad y en la formulación de estrategias para su conservación y manejo. Este fenómeno plantea interrogantes filosóficas sobre la naturaleza de las categorías biológicas y su impacto en la investigación científica. Aunque Darwin logró, de alguna manera, desafiar el esencialismo, un consenso ampliamente respaldado por diversos autores, no podemos afirmar que la pregunta fundamental acerca de la naturaleza de las especies, haya sido respondida de forma satisfactoria (Hey, 2001; Mayden, 1999; de Queiroz, 2007). Esta persistente ambigüedad plantea interrogantes que merecen ser exploradas más a fondo, dado su impacto en la práctica científica y en la comprensión de la biodiversidad.

El desarrollo de diversos conceptos de especie ha generado una complejidad que, más allá de buscar un punto de consenso en su definición, ha ampliado los criterios mediante los cuales se identifican y caracterizan las especies. Esta multiplicidad de parámetros, que incluyen características fenotípicas, genotípicas y de cruzamiento entre otras, ha contribuido a una inconstancia significativa en las clasificaciones taxonómicas (Richards, 2013). Mayden (1997) ha catalogado un total de 24 conceptos de especie distintos, muchos de los cuales presentan definiciones que resultan incompatibles entre sí, lo que a su vez origina diferentes conclusiones respecto a los límites y al número de especies reconocidas. Cada uno de estos conceptos pone el énfasis en propiedades específicas: la incompatibilidad reproductiva es fundamental para los biólogos que investigan zonas de hibridación; las diferencias en los nichos ecológicos son relevantes para los ecólogos; el diagnóstico de monofilia es crucial para algunos sistemáticos; las variaciones morfológicas son prioritarias para los taxonomistas de museos; y la genética desempeña un papel central en los enfoques de sistemática genética y molecular (de Queiroz, 2007). Esta diversidad de enfoques no solo refleja la complejidad inherente a la

clasificación de la vida, sino que también plantea importantes interrogantes filosóficas sobre la naturaleza misma de las especies y su representación en el ámbito científico.

A pesar de la existencia de diversos parámetros para clasificar a los seres vivos en grupos específicos, y aunque ninguno de los conceptos de especie pueda considerarse universal y aplicable a todas las formas de vida, el fenómeno de la evolución emerge como un factor común que influye en la creación de nuevas especies y, por ende, en la diversidad biológica que observamos. La evolución se presenta como una característica que, de alguna manera, todos los conceptos de especie consideran o a la cual están sometidos. En este contexto, de Queiroz, al revisar los diferentes conceptos de especie, sostiene que estas definiciones son al menos parcialmente incompatibles. Esta incompatibilidad se debe a que cada concepto se encuentra anclado en distintas etapas del proceso evolutivo, ya sea antes de la especiación, durante la especiación o posterior a la especiación (de Queiroz, 2007). Esta discrepancia en los enfoques enfatiza la complejidad y la interrelación entre la conceptualización de la especie y los procesos evolutivos, subrayando la necesidad de un análisis más profundo que considere cómo la evolución moldea nuestra comprensión de la biodiversidad.

Por otro lado, Mayden (1997) realiza una revisión exhaustiva de los diferentes tipos de conceptos de especie presentes en la literatura, donde el único concepto que puede ser considerado un concepto primario es el Concepto Evolutivo de Especie (CEE), ya que este responde de manera integral a las dimensiones operacionales, ontológicas y epistemológicas. Así, el CEE aborda de forma más efectiva la pregunta fundamental de “¿qué son las especies?”, en comparación con los demás conceptos, que tienden a centrarse más en el ámbito epistemológico, formulando la interrogante de “¿cómo podemos conocer a las especies?”. Los demás conceptos son catalogados como conceptos operacionales según Mayden, enfocados en estudiar las especies a través de diversos criterios, entre los cuales se incluyen el Concepto Biológico de Especie, el Concepto Filogenético de Especie, el Concepto Ecológico de Especie, el Concepto Fenético de Especie y el Concepto Cladístico de Especie, así como el Concepto de Reconocimiento de Especie, entre otros. Esta categorización subraya la complejidad del debate en torno a la naturaleza de las especies y revela la necesidad de un enfoque más integrado que considere las múltiples dimensiones de la conceptualización dentro de la biología.

De este modo, es evidente que, a lo largo de los últimos siglos y décadas, los conceptos de especie han proliferado y al mismo tiempo, presenten incompatibilidades entre sí. Ninguno de estos conceptos puede ser aplicado de manera universal a toda la

biodiversidad. Por ejemplo, el Concepto Biológico de Especie es aplicable únicamente a organismos que se reproducen sexualmente, lo que limita su utilidad frente a aquellos organismos que se reproducen asexualmente. Además, a pesar del aumento de información empírica, el problema en torno al concepto de especie persiste sin una resolución definitiva, lo que sugiere la necesidad de una solución conceptual que aborde estas dificultades. Este estado de la cuestión plantea interrogantes fundamentales sobre la naturaleza de las categorías biológicas y su adecuación para reflejar la complejidad de la vida en la Tierra.

En este contexto, y con fines prácticos para nuestra discusión posterior, abordaremos en la definición y los criterios de cuatro conceptos de especie: el Concepto Biológico de Especie (CBE), el Concepto Fenético de Especie (CFE), el Concepto Cladístico de Especie (CCE) y el Concepto Filogenético de Especie (CFE). Cada uno de estos conceptos ofrece una perspectiva única sobre la clasificación y definición de las especies, lo que contribuirá a una comprensión más profunda de las complejidades inherentes a la biodiversidad. Al examinar estos enfoques, podremos identificar sus fortalezas y limitaciones, así como su relevancia en el debate actual sobre la naturaleza de las especies y su conceptualización dentro del marco de la biología.

Concepto Biológico de Especie

El Concepto Biológico de Especie (CBE) ha sido uno de los enfoques más destacados y ampliamente aceptados en la biología durante los últimos años, aunque no ha estado exento de críticas. Este concepto fue propuesto y promovido principalmente por Ernst Mayr (1940, 1949, 1982). Mayr define de manera sencilla la especie como “un grupo de poblaciones que actual o potencialmente se reproducen entre sí y que están reproductivamente aisladas de otros grupos similares”. No obstante, es importante señalar que el pensamiento de Dobzhansky presenta un CBE preliminar que precede al de Mayr. Dobzhansky centra su criterio en el comportamiento de las hembras al elegir a sus parejas dentro de las especies previamente clasificadas por los biólogos, así como en cómo los insectos discriminan qué plantas utilizan para poner sus huevos (Dobzhansky, 1937). Además, esta categorización de especies basada en criterios reproductivos también puede encontrarse en la obra de Buffon, quien ya en el siglo XVIII abordó aspectos relacionados con la reproducción como un factor en la clasificación de las especies. Esto sugiere que

la concepción de las especies a través del prisma de la reproducción tiene raíces históricas profundas y un desarrollo continuo en la historia del pensamiento biológico.

Sin embargo, la aplicación del CBE puede plantear complicaciones en grupos taxonómicos que se reproducen asexualmente, como sucede con las bacterias y ciertas plantas, que pueden experimentar poliploidías. En estos casos, el fenómeno de flujo génico horizontal o la hibridación interespecífica representan desafíos significativos para la implementación del CBE (Weiner, 2002). Otro obstáculo relacionado con la aplicación del CBE es la ocurrencia de fenómenos de especiación incompleta, un aspecto discutido por Mayr. La caracterización de poblaciones que se encuentran en un estado de especiación incompleto presenta considerables dificultades y, en ocasiones, puede resultar una empresa prácticamente imposible. Además, las problemáticas asociadas con el flujo génico horizontal y la hibridación interespecífica, como se ejemplifica en el estudio de los pinzones de las Galápagos presentado por Jonathan Weiner en su libro *El pico del pinzón* (Weiner, 2002), resaltan aún más la complejidad del CBE y su aplicación en la clasificación de especies.

Concepto Filogenético de Especie

El Concepto filogenético de especie (CFE), desarrollado por Cracraft, propone que una especie se define como “el grupo más pequeño diagnosticable de organismos dentro del cual existe un patrón de parentesco ancestrales-descendientes” (1983, p. 170). Este enfoque se fundamenta en la premisa de que las especies son conjuntos de organismos que comparten un ancestro común y se distinguen de otros grupos por una serie de características evolutivas efectivas. En esta perspectiva, la definición de una especie no se limita a sus rasgos morfológicos o genéticos, sino que abarca también su historia evolutiva y las relaciones filogenéticas que las vinculan.

Cracraft subraya que una especie filogenética debe ser un grupo monofilético, lo que implica que incluye a un ancestro común y a todos sus descendientes. Este enfoque otorga un rol significativo a la variabilidad genética dentro de las especies, así como a la divergencia evolutiva, lo que posibilita una clasificación que es no solo más precisa, sino que también está íntimamente relacionada con los procesos evolutivos.

Concepto Fenético de Especie

El concepto fenético de especie, propuesto por Sokal y Crovello en 1970, se centra en la clasificación de las especies a partir de las similitudes y diferencias fenotípicas, es decir, en características observables y medibles de los organismos. Aunque este enfoque puede incorporar criterios genéticos o ecológicos, su premisa fundamental es que las especies pueden ser definidas y agrupadas en función de la comparación de sus rasgos físicos y morfológicos (Sneath & Sokal, 1973)

Sokal y Crovello aplicaron métodos estadísticos para analizar las similitudes fenéticas entre distintos grupos de organismos, sugiriendo que la agrupación de especies debería reflejar estas similitudes observadas. En este sentido, el enfoque fenético construye dendrogramas o árboles de similitud, donde aquellas especies que comparten características fenotípicas más cercanas se agrupan de manera más próxima en la representación. A pesar de su utilidad en la identificación de patrones de similitud, este concepto ha sido objeto de críticas por su enfoque limitado, ya que no considera aspectos evolutivos o genéticos cruciales para la definición de las especies.

Este énfasis en las características físicas omnipresentes, aunque valioso para ciertos contextos taxonómicos, ha llevado a cuestionamientos sobre su capacidad para ofrecer una comprensión completa y precisa de la diversidad biológica, lo que invita a un análisis más profundo que integre las dimensiones evolutivas y genéticas en la clasificación de las especies.

Concepto Cladístico de Especie

Los principios de la cladística fueron formulados por el sistemático alemán W. Hennig en 1966. Esta corriente, que se ha consolidado como dominante en el ámbito de la sistemática, fundamenta la clasificación de los organismos principalmente en su filogenia o historia evolutiva. En las representaciones gráficas de esta clasificación, los llamados cladogramas, cada grupo se denomina “clado”. El objetivo primordial de dichos cladogramas o árboles cladísticos es el establecimiento de taxones monofiléticos, es decir, grupos que comprenden no solo a la especie ancestral del grupo, sino también a todos sus descendientes.

Los taxones monofiléticos se contraponen a los taxones parafiléticos, los cuales incluyen a un ancestro común y a algunos de sus descendientes, pero no abarcan a todos ellos. Además, existen los taxones polifiléticos, que engloban más de una línea ancestral. Para la identificación de estos clados, se lleva a cabo un análisis de caracteres que

segmenta las características en primitivos y derivados. Los caracteres primitivos son aquellos que el grupo en su totalidad comparte en común con la especie ancestral, mientras que los caracteres derivados son aquellos rasgos que emergen dentro del mismo grupo.

Este enfoque cladístico ha transformado la manera en que los biólogos conceptualizan las relaciones entre las especies, promoviendo una visión más dinámica y evolutiva de la taxonomía, y subrayando la importancia de las relaciones ancestrales en la clasificación biológica. No obstante, surgen interrogantes filosóficas sobre la naturaleza de los clados y su relevancia en el entendimiento de la biodiversidad, que merecen ser explorados en el contexto de la teoría evolutiva moderna.

La persistente dificultad para definir las especies en biología refleja la complejidad inherente a la clasificación de la vida. A pesar de los avances científicos, la diversidad y dinamismo de los seres vivos impiden un concepto universalmente aceptado. La evolución desafía la idea de especies fijas, llevando a un enfoque poblacional donde las especies son agrupaciones convencionales. La multiplicidad de conceptos, cada uno enfatizando diferentes propiedades (reproductivas, ecológicas, genéticas, etc.), subraya la necesidad de un enfoque flexible y adaptativo en la clasificación biológica, reconociendo que la elección del concepto depende del contexto y objetivos de la investigación.

Alguna de las razones por las que el componente teórico ha presentado diferencias, es sin duda, por los cambios en el componente operativo, el cual ha sido resultado del desarrollo de nuevas técnicas utilizadas en el área de la clasificación de especies que han ido desde análisis morfológicos (características macro y microscópicas) hasta el análisis de secuencias genéticas completas de individuos, con sus respectivos análisis filogenéticos basados en modelos estadísticos, al mismo tiempo podría existir un conflicto entre la filosofía de la ciencia y filosofía del lenguaje que buscan responder sobre el significado de las clases naturales desde diferentes miradas (Crane, 2021). En este contexto Hacking (2007) afirma que los filósofos contemporáneos utilizan el término clase natural de maneras tan diversas que ya no se puede hacer refiere a ninguna clase bien definida. Actualmente en bacterias, el Concepto Filo-Fenético utilizado actualmente, tiene un fuerte componente operativo debido a la utilización de secuencias genéticas como unidades de estudio, análisis porcentajes de similitud entre diferentes grupos, características fenotípicas y bioquímicas entre otras, debido principalmente a su complejidad biológica, sin embargo, pareciera ser deficiente en su componente teórico

debido a la complejidad del modelo de estudio (Dupré & O'Malley, 2009, O' Malley, 2014).

En este contexto de investigación, con el objetivo de evaluar si el Concepto Filo-fenético de especie bacteriana puede ser defendido dentro del realismo pluralista normativo de Ereshefsky, al ser incorporado a un programa clasificatorio que incluye valores no-epistémicos, revisaré en las siguientes secciones el cambio teórico y empírico que ha tenido la clasificación bacteriana durante las últimas décadas, la propuesta pluralista normativa de Ereshefsky y la visión anti-realista de Larry Laudan y una propuesta alternativa para la defensa del realismo del CFF desde la visión de realismo promiscuo de Dupré.

4 Revisión de la clasificación taxonómicas bacteriana

La taxonomía de las bacterias, a diferencia de la de los organismos superiores, presenta antecedentes recientes en su ámbito de estudio debido a la ausencia de un registro fósil que permita su análisis y a que, hasta el siglo XVII, no habían sido identificadas debido a su tamaño microscópico. Los primeros microscopios desarrollados en los siglos XVII y XVIII no proporcionaron la resolución necesaria para llevar a cabo un estudio taxonómico exhaustivo de estas bacterias. No fue sino hasta finales del siglo XVIII que Otto Müller intentó establecer un sistema de clasificación para estos microorganismos, creando dos géneros: Monas, que representaba formas puntuales y Vibrio que se refería a formas alargadas (Logan, 1994). Posteriormente, a comienzos del siglo XIX, Christian Ehrenberg amplió la nomenclatura propuesta por Müller, incorporando las formas helicoidales a la clasificación de las bacterias.

Este desarrollo en la taxonomía bacteriana no solo evidenció los desafíos inherentes a la clasificación de organismos con características morfológicas tan diversas y a menudo poco visibles, sino que también expresó un avance significativo en la comprensión de la biodiversidad microbiana. A medida que los métodos de observación y clasificación evolucionaban, también lo hacía nuestra percepción de los microorganismos y su relevancia en el contexto biológico general.

Durante la década de 1870, Ferdinand Cohn destacó la idea de que las formas de las bacterias permanecen constantes a lo largo del tiempo, independientemente de las condiciones ambientales, al tiempo que observaba la gran diversidad de tipos bacterianos existentes. Cohn, organizó las bacterias en seis géneros, reconociendo que, a pesar de las

similitudes morfológicas, la fisiología, los productos finales y las patologías de los microorganismos podían ser divergentes (Schlegel, 1999; Schlegel & Kohler, 1999).

En 1876, Robert Koch apoyó la teoría de las enfermedades infecciosas postuladas previamente por Luis Pasteur con sus estudios sobre *Bacillus anthracis*. Koch concluyó que las diferentes morfologías de bacterias patógenas debían considerarse especies únicas, distintas y constantes (Logan, 1994).

Hasta ese momento, los microorganismos eran clasificados principalmente según la morfología observada a través de microscopios rudimentarios. Sin embargo, el panorama cambió con el desarrollo de nuevas técnicas para cultivar colonias puras de microorganismos, lo que dio paso a una nueva "era dorada de la microbiología médica." Gracias al uso de medios de cultivo con agar solidificado, se realizaron análisis que permitieron clasificaciones más precisas basadas en la descripción fenotípica de los microorganismos (Logan, 1994).

Desde finales del siglo XIX y comienzos del siglo XX, diversos investigadores comenzaron a recopilar información sobre las características de los microorganismos, lo que llevó a la creación de nuevas categorías y géneros. En 1896, K.B. Lehman y R. Neumann publicaron el *Atlas und Grundriss der Bakteriologie*, donde describieron varios nuevos géneros, incluyendo *Corynebacterium*, *Mycobacterium* y *Actinomyces*. Un año más tarde, W. Migula presentó un compendio de todas las bacterias descritas hasta entonces en su obra *System der Bakterien*. Paralelamente, se empezaron a incorporar nuevos estudios fisiológicos, ecológicos y bioquímicos acerca de estos microorganismos, culminando en 1923 con la publicación del *Bergey's Manual of Determinative Bacteriology*, el cual se convirtió en la obra de referencia sobre el tema en aquel entonces (Staley & Krieg, 1989).

Sin embargo, en este contexto de desarrollo taxonómico, las diferentes aproximaciones de los microbiólogos resultaron en una falta de intercambio y consenso respecto a las definiciones, así como en una cantidad limitada de datos representativos de las propiedades de las bacterias. Esta situación dio lugar a nomenclaturas confusas, siendo el caso de *Pseudomonas stutzeri* un ejemplo paradigmático, ya que durante medio siglo este microorganismo recibió siete nombres distintos, a menudo utilizados de forma simultánea (Goodfellow & O'Donnell, 1993; Van Niel & Allen, 1952).

A comienzos de 1950, surgió un enfoque de taxonomía numérica, en paralelo con el desarrollo de las computadoras, con el objetivo de almacenar y analizar los vastos conjuntos de datos obtenidos a través de análisis fenotípicos. Este nuevo enfoque permitía

procesar información derivada de análisis bioquímicos y de técnicas de separación, como la cromatografía y la electroforesis, lo que facilitaba la evaluación de la constitución de diversos compuestos químicos, incluyendo aminoácidos, lípidos y azúcares, entre otros (Logan, 1994). La integración de la computación en la taxonomía microbiana abrió nuevas vías para la clasificación de microorganismos, permitiendo una mayor precisión en el análisis comparativo de las propiedades químicas de las especies y, por ende, aportando un enfoque más sistemático y cuantitativo en la comprensión de la diversidad biológica. Este avance tecnológico no solo transformó las prácticas taxonómicas, sino que también planteó interrogantes sobre la naturaleza de las categorías biológicas y su representación en un contexto científico en constante evolución.

Métodos fenotípicos de clasificación

Al igual que en los organismos superiores, la sistemática de las bacterias se inició mediante el análisis de los rasgos fenotípicos. Sin embargo, para que estos rasgos pudieran ser observados y analizados, se requirió el desarrollo de instrumentos como microscopios y técnicas fisicoquímicas capaces de evaluar características específicas, tales como ácidos grasos y reacciones metabólicas, entre otros aspectos. A pesar de que a partir de la década de 1940 el Concepto Biológico de Especie propuesto por Mayr comenzó a adquirir relevancia en el estudio de los animales superiores, su aplicación no era viable para microorganismos que se reproducen de manera asexual. En este contexto, el análisis fenotípico de las bacterias se convirtió en la base para su clasificación taxonómica, antes de la revolución del ADN que comenzaría en la década de 1960 (Cohan, 2002).

Las diversas propiedades de las bacterias que podían ser examinadas mediante instrumentos o técnicas específicas contribuyeron a fortalecer un sistema taxonómico para la clasificación de especies, fundado en la similitud de múltiples características. Estas propiedades fenotípicas, junto con los datos resultantes de su análisis, dieron lugar al desarrollo de una Taxonomía Numérica, propuesta por Sneath y Sokal. Esta taxonomía se define como 'el agrupamiento de unidades taxonómicas por métodos numéricos en función de sus estados de carácter' (Sneath & Sokal, 1973). Este enfoque permitió una clasificación más sistemática y cuantitativa, facilitando la identificación de relaciones entre las especies a través de un análisis más riguroso de sus características. Así, la

Taxonomía Numérica no solo enriqueció la comprensión de la diversidad bacteriana, sino que también propició la evolución de métodos científicos en la sistemática microbiana.

Para el análisis fenotípico de las bacterias, se emplean diversas propiedades que son expresión del genotipo de estos organismos. Entre las características consideradas se incluyen el tipo de ácidos grasos presentes, la capacidad de degradar ciertos compuestos químicos, la resistencia a distintos antibióticos, las características morfológicas, la composición de la pared bacteriana y la habilidad para crecer en medios con distintas fuentes de carbono o nitrógeno, entre otros aspectos (Goodfellow et al., 1997).

Una desventaja al considerar el análisis fenotípico es que, si bien estas propiedades pueden ser comparadas y generar resultados en términos de grados de similitud en el contexto de una taxonomía fenética, los rasgos fenotípicos reflejan solo una fracción de la expresión del genotipo bacteriano (Logan, 1994). Esta expresión genotípica puede variar significativamente en función de las condiciones ambientales en las que se encuentran las bacterias.

Otro enfoque fenotípico en la taxonomía de las bacterias se centra en las técnicas químio-taxonómicas, mediante las cuales se recopila información sobre los diversos constituyentes químicos de las células bacterianas. Esta metodología permite clasificar a las bacterias en función de sus perfiles químicos. La introducción de la químio-taxonomía en el análisis fenotípico se considera una técnica moderna para la clasificación de especies bacterianas (Vandamme *et al.*, 1996). Sin embargo, es importante tener en cuenta que la variación en la composición química de las células bacterianas puede estar influenciada por los cambios en las condiciones ambientales, lo que puede impactar la estabilidad y la validez de las clasificaciones obtenidas a través de este método (Rossello-Mora & Amann, 2001). Esta necesidad de considerar el contexto ambiental resalta la complejidad inherente a la clasificación de microorganismos y subraya la importancia de una integración cuidadosa de múltiples enfoques en la sistemática bacteriana.

Entre las moléculas que se analizan con fines químio-taxonómicos se encuentra el peptidoglicano, que se utiliza para clasificar organismos en Gram positivos y Gram negativos (Schleifer & Kandler, 1972; Suzuki *et al.*, 1993). Además, se evalúa la composición y tasa de ácidos grasos, clasificándose en diferentes categorías como ácidos grasos hidroxilados, no hidroxilados, saturados, entre otros (Suzuki et al., 1993). También se consideran compuestos policatiónicos, incluyendo las poliaminas, que desempeñan roles importantes en la biología celular y pueden ser indicadores relevantes para la clasificación bacteriana (Busse & Auling, 1988).

Paralelamente, se han desarrollado diversas técnicas para establecer relaciones dentro de las especies bacterianas y así comprender la variabilidad intraespecífica. Entre estas técnicas se destacan la serotipificación, los perfiles electroforéticos de proteínas, los perfiles electroforéticos de lipopolisacáridos y la pirolisis mediante espectrometría de masas, entre otros métodos más recientes. Estas herramientas permiten un análisis detallado de la variabilidad y las diferencias presentes dentro de las poblaciones bacterianas. Por otro lado, se han creado tablas de identificación que facilitan la comparación y el análisis de los resultados obtenidos. Además, se han implementado sistemas de identificación microbiana en forma de pequeños ensayos clínico-químicos en miniatura, dirigidos a grupos específicos de bacterias. Ejemplos de estos sistemas son; API (Analytab Products, Paninview, NY, USA) y Biolog (Biolog Inc., Hayward, CA, USA). La efectividad de estas técnicas depende en gran medida de la calidad de las bases de datos disponibles con las que cuente el investigador (D'Amato *et al* 1991).

Métodos genotípicos de clasificación

La taxonomía de las bacterias ha evolucionado hacia un enfoque polifásico que integra evidencias tanto fenotípicas como genotípicas. Desde la descripción de la estructura molecular del ADN en los años 50 del siglo XX, el análisis genético ha emergido como el nuevo estándar de referencia en la taxonomía moderna. Este desarrollo ha sido progresivo, comenzando con técnicas en la década de 1970 que no se centraban en el análisis detallado de la composición de las secuencias genéticas, sino más bien en cómo las moléculas de ADN de una especie interactúan con aquellas de otra especie. A esto le siguió la utilización de genes específicos, como el gen 16S rRNA (gen que codifica una subestructura del ribosoma) en la década de 1990, y que actualmente se ha avanzado hacia la secuenciación de genomas bacterianos completos para realizar análisis filogenéticos.

Al igual que los atributos fenotípicos, la información genética de las bacterias proporciona diversas perspectivas sobre los microorganismos estudiados. La forma en que se consideran y se interpretan estas secuencias genéticas es fundamental para comprender el estado actual de la taxonomía bacteriana y, por ende, el concepto de especie que se aplica en la actualidad (Roselló & Amann, 2001; Cohan, 2002; Vandamme, 1996). Esta integración de enfoques fenotípicos y genotípicos no solo mejora la precisión en la clasificación de las bacterias, sino que también plantea importantes

cuestiones filosóficas sobre la naturaleza y el estatus del concepto de especie en el campo de la microbiología.

El ADN ha sido propuesto como una molécula capaz de representar, por sí sola, la descripción de un organismo vivo y, por ende, su clasificación. Las bases nitrogenadas—citosina, guanina, timina y adenina—forman la base estructural del ADN y poseen el potencial para desarrollar un organismo completo y complejo a través de su expresión, ya se trate de organismos multicelulares o unicelulares. La presencia invariable de estas bases en todos los organismos vivos, incluyendo virus, ha centrado el interés en el ADN como una pieza clave para la clasificación de los seres vivos (Roselló & Amann, 2001). Sin embargo, hasta la fecha, persisten diversas visiones sobre si esta metodología de clasificación en base exclusivamente al ADN está comprometida con una forma esencialismo intrínseco, lo que plantea interrogantes sobre la naturaleza de la relación entre la información genética y la clasificación taxonómica (Torres, 2020). Esta diversidad de perspectivas resalta la complejidad del debate en torno al ADN como fundamento de la taxonomía y su implicación en la comprensión del concepto de especie en el ámbito biológico.

Abundancia relativa de mol% G+C

Debido a su estructura de doble hélice y la complementariedad físico-química de sus bases nitrogenadas, donde la citosina se une con la guanina y la timina con la adenina a través de enlaces de hidrógeno, el ADN se ha considerado desde la década de 1950 como una primera aproximación para el análisis y la definición de especies. En particular, se ha tomado en cuenta el porcentaje de guanina y citosina (G+C) presente en el ADN de cada organismo. Sin embargo, la tasa relativa de $(G+C)/(A+T)$ varía entre diferentes genomas, siendo esta tasa generalmente descrita como la abundancia relativa de pares de G+C, calculada mediante la fórmula: $(G+C)/(A+T+C+G) \times 100$.

A través de análisis químicos, era posible determinar el porcentaje de cada base nitrogenada en un genoma aislado, aunque en ese entonces las secuencias de los genes, así como su expresión y regulación, aún eran desconocidas. Entre las bacterias, el contenido de G+C puede variar entre un 20% y un 80 mol% (Tamaoka, 1994). Empíricamente, se ha demostrado que a mayor diferencia en el porcentaje de G+C entre dos organismos, menor será su cercanía filogenética. En este contexto, se ha establecido que una diferencia de más de 10 mol% generalmente indica que los organismos

pertenecen a géneros diferentes, mientras que una diferencia del 5 mol% es un rango comúnmente utilizado para clasificar a dos muestras como miembros de la misma especie (Goodfellow *et al.*, 1997).

Grados de similitud ADN-ADN

La proporción de contenido de guanina y citosina (G+C) en relación con adenina y timina (A+T) en el genoma de una bacteria, y en general en cualquier ser vivo, está estrechamente relacionada con la cantidad de enlaces de hidrógeno que existen en la molécula de ADN. Un mayor porcentaje de G+C se traduce en una mayor cantidad de enlaces triples en la molécula, lo que implica que se requiere más energía (temperatura) para romper estos enlaces y separar las hebras de ADN. En contraste, un porcentaje menor de G+C se asocia con la presencia de enlaces dobles, lo que facilita la separación de las hebras.

La temperatura a la cual la hebra de ADN se desnaturaliza o se vuelve a fusionar se conoce como Temperatura de fusión (T_m , por sus siglas en inglés *Melting Temperature*). Esta propiedad es utilizada como un criterio para clasificar bacterias, a través de los grados de similitud que presentan dos genomas diferentes. Se pueden emplear métodos como el *Relative Binding Ratio* (RBR) y la diferencia en la temperatura del punto medio de desnaturalización del ADN (ΔT_m) para realizar tales clasificaciones (Roselló-Mora & Amann, 2001).

En una mezcla de diferentes ADN, tras separar las hebras mediante un tratamiento térmico que alcanza la Temperatura de fusión (T_m), y posteriormente permitir que se vuelvan a juntar e hibridizar, la formación de nuevas unidades de ADN de doble hélice dependerá del grado de complementariedad existente entre las secuencias de ADN involucradas. En este contexto, el *Relative Binding Ratio* (RBR) se define como la cantidad relativa de hebras heterólogas en comparación con las hebras homólogas de ADN, siendo estas últimas consideradas como representativas del 100% de reasociación. Este índice proporciona una medida cuantitativa de la afinidad molecular entre diferentes secuencias de ADN y es fundamental para evaluar las similitudes genéticas entre distintas especies bacterianas (Stackebrandt & Goebel, 1994).

Por otro lado, el cambio en la temperatura de fusión (ΔT_m) representa la estabilidad térmica de las dobles hebras de ADN. La estabilidad de estas hebras se determina por varios factores, entre los que destacan el contenido de guanina y citosina

(G+C), la fuerza de los iones en la solución donde está disuelto el ADN y la temperatura misma. Mientras que el porcentaje molar de G+C en el genoma y la fuerza iónica pueden considerarse variables constantes durante un análisis, la única variable que se debe considerar al evaluar la estabilidad de las dobles hebras de ADN es la temperatura. El T_m se define como la temperatura a la cual el 50% de las hebras de ADN se encuentran desnaturadas. Las dobles hebras heterólogas que han hibridizado presentan un menor número de bases nitrogenadas en comparación con las dobles hebras homólogas de ADN. Esto implica que las hebras heterólogas tendrán un T_m diferente, resultado de una menor cantidad de enlaces de hidrógeno. La diferencia en estas temperaturas de fusión, representada como ΔT_m , proporciona una medida cuantitativa para evaluar la relación entre diferentes secuencias de ADN (Roselló-Mora & Amann, 2001).

Se ha observado empíricamente que una especie bacteriana se define por la agrupación de organismos que presentan una similitud interna superior al 70% en el *Relative Binding Ratio* (RBR) o una diferencia de temperatura de fusión (ΔT_m) inferior a 5°C, a pesar de que no exista una relación directa entre estas dos mediciones. Si bien se han establecido protocolos para la clasificación de nuevas especies utilizando el umbral del 70% de RBR o el intervalo de 5°C en ΔT_m , es importante destacar que estos límites numéricos no son absolutos. De hecho, se ha documentado que estos valores pueden oscilar entre un 50% de RBR ($\pm 9^\circ\text{C}$ de ΔT_m) y un 80% de RBR ($\pm 3^\circ\text{C}$ de ΔT_m) (Roselló-Mora & Amann, 2001; Wayne et al., 1987). Esta variabilidad sugiere que, aunque los criterios de clasificación proporcionan una guía útil, se debe considerar la flexibilidad en la interpretación de los datos al establecer relaciones filogenéticas y la definición de especies en el contexto bacteriano. Este enfoque subraya la complejidad de la taxonomía microbiana y la necesidad de una consideración cuidadosa de las métricas utilizadas en el estudio de la biodiversidad.

Análisis de ARN ribosomal

Durante las últimas décadas, el avance en las tecnologías de secuenciación genética ha permitido introducir nuevas estructuras en la clasificación de especies, no desde un enfoque basado en interacciones fisicoquímicas, como las mencionadas anteriormente (abundancia relativa de mol% G+C y grados de similitud ADN-ADN), sino desde la caracterización de propiedades intrínsecas, como las secuencias genéticas, concretamente de los genes del ARN ribosomal (Woese, 1992).

Los ribosomas, presentes en la mayoría de los organismos vivos, son estructuras críticas encargadas de la traducción de la información contenida en el ADN (representada por las bases nitrogenadas adenina [A], citosina [C], timina [T] y guanina [G]) en aminoácidos, los cuales constituyen la base de todas las proteínas, incluyendo las enzimas, que son moléculas fundamentales para la construcción y funcionamiento de la vida. Este papel crucial de los ARN ribosomales les confiere un valor estratégico en su utilización como características comparativas en análisis taxonómicos. Además, estos ARN presentan un alto nivel de conservación en sus secuencias a lo largo de la evolución, lo que los convierte en herramientas ideales para investigar las relaciones filogenéticas entre diferentes especies (Goodfellow et al., 1997)

Los ARN ribosomales se clasifican según sus tasas de sedimentación durante la ultra centrifugación, siendo comúnmente referenciados como 23S, 16S y 5S, con longitudes aproximadas de 3300, 1650 y 120 nucleótidos, respectivamente. En la actualidad, la secuenciación y el análisis de estas moléculas se han convertido en procedimientos rutinarios en los laboratorios de microbiología, promoviendo la clasificación bacteriana a través de la realización de análisis filogenéticos.

Hasta el año 1999, se habían registrado más de 18,000 conjuntos de secuencias en bases de datos, y el ARNr 16S ha sido propuesto desde la década de 1970 como una de las estructuras clave a analizar dentro de un enfoque polifásico para la clasificación bacteriana. Las reconstrucciones filogenéticas basadas en el ARNr 16S han demostrado un alto grado de congruencia cuando se comparan con otras moléculas alternativas, como el ARNr 23S, la subunidad de ATPasa, factores de elongación y ARN polimerasas, produciendo árboles topológicos similares (Ludwig et al., 1998; Ludwig & Schleifer, 1999).

El impacto de la utilización de los ARN ribosomales en la clasificación de especies ha sido tan significativo que, en la década de 1970, se propuso a través del análisis ribosómico que toda la vida en la Tierra podía interrelacionarse mediante un único árbol filogenético dividido en tres dominios: Eukarya, Archaea y Bacteria. Esta propuesta desafió la clasificación tradicional de los reinos biológicos, que incluía Animalia, Fungi, Plantae, Protista, Archaeabacteria y Eubacteria (Woese, 1992).

Análisis de tipificación del ADN

Así, las secuencias genéticas tanto del ARN como del ADN han sido empleadas como propiedades fundamentales en la clasificación taxonómica de diversas especies bacterianas. En la actualidad, dada la naturaleza de los microorganismos, que se caracteriza por un crecimiento exponencial, altas tasas de mutación y un impacto significativo en la salud humana a través del desarrollo de enfermedades infecciosas, se han desarrollado técnicas de tipificación basadas en las secuencias genéticas de ciertos genes, que idealmente son altamente conservados. Estas técnicas permiten conocer los tipos de clones de ciertas muestras aisladas, identificar reservorios y determinar vías de transmisión.

A diferencia de las técnicas fenotípicas, las técnicas moleculares de tipificación pueden aplicarse a un mayor número de especies microbianas, presentan un mayor poder de discriminación y son más reproducibles. El interés en estas técnicas radica en su capacidad para establecer la relación genética entre aislados implicados en un brote, además de ser herramientas valiosas para confirmar fuentes de infección o reservorios (Singh *et al.*, 2006; Blanc, 2004; Foley *et al.*, 2009).

Los métodos de tipificación del ADN se pueden clasificar en tres categorías principales: a) aquellos basados en los perfiles de restricción del ADN, ya sea plásmido o cromosómico; b) aquellos que se fundamentan en la amplificación de secuencias de ADN a través de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR); y c) aquellos que se centran en la secuenciación parcial de genes (Fernández & Hernández, 2013).

La tipificación basada en perfiles de restricción implica el estudio de los perfiles de ADN plásmido o cromosómico, los cuales son separados mediante electroforesis, una técnica que utiliza corriente eléctrica para facilitar la migración de diversos fragmentos de ADN a través de un gel de agarosa. Al teñir previamente el ADN, se generan distintos patrones o bandas que pueden ser comparados entre muestras de cultivos bacterianos.

Una complejidad inicial en el análisis del ADN plásmido reside en la posibilidad de que este sea transferido horizontalmente a otras bacterias, incluso entre especies distintas, lo que puede complicar la tipificación debido a la ambigüedad en el origen de ciertas características genéticas. Además, se utilizan enzimas de restricción que cortan el ADN en sitios específicos de interés, permitiendo comparar las variaciones que pueden existir entre distintas muestras bacterianas para una secuencia de ADN determinada. Estos fragmentos son conocidos como Fragmentos de Restricción de Longitud Polimórfica (RFLPs), que resultan de la variación en la secuencia de ADN reconocida por las enzimas de restricción.

En la técnica de RFLP, los productos de la digestión, que oscilan entre 0.5 y 25 kb, pueden visualizarse mediante bromuro de etidio, especialmente en casos en que el número de fragmentos no es excesivo, o a través de hibridación con sondas (marcadas química o radioactivamente) que reconocen secuencias específicas presentes en múltiples copias en el cromosoma, lo que mejora la capacidad de discriminación y la interpretación de la técnica. Un ejemplo notable de la aplicación y estandarización de esta técnica es su utilización en la identificación de "tipos" de *Mycobacterium tuberculosis*. En este caso, el ADN cromosómico se digiere con la enzima de restricción PvuII, y los fragmentos se separan por electroforesis. La detección de estos fragmentos se lleva a cabo mediante hibridación con una sonda de ADN que reconoce la secuencia de inserción IS6110 (Sougakoff, 2011). Asimismo, una variante de esta técnica es el ritotipado, en el cual se analizan los RFLPs obtenidos de los genes del ARN ribosomal (Fernández *et al.*, 2013).

Los métodos basados en la amplificación de ácidos nucleicos son técnicas que permiten analizar porciones reducidas del cromosoma. Este proceso de amplificación se lleva a cabo mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), utilizando como dianas genes o secuencias de ADN polimórficas que están distribuidas a lo largo del cromosoma. Tradicionalmente, los formatos empleados para la separación y detección de los amplicones se han fundamentado en la electroforesis en gel de agarosa, seguida de la tinción con bromuro de etidio. Sin embargo, en los últimos años se han desarrollado otros formatos que ofrecen ventajas adicionales en términos de eficiencia y rentabilidad (Singh *et al.*, 2006; Blanc, 2004; Foley *et al.*, 2009).

Un método de tipificación molecular ampliamente utilizado en los estudios de brotes es la rep-PCR, que emplea cebadores que hibridan de manera específica con secuencias de ADN repetitivas, conocidas como secuencias rep. Existe una clasificación de tres familias principales de estas secuencias repetitivas: las secuencias repetitivas palindrómicas extragénicas (REP), las secuencias consenso repetitivas intragénicas de enterobacterias (ERIC) y los elementos BOX. Estas secuencias presentan longitudes variables, con las secuencias REP que oscilan entre 35 y 40 pares de bases, las secuencias ERIC entre 124 y 127 pares de bases, y las secuencias BOX que cuentan con 154 pares de bases. De estas tres familias de ADN, las secuencias REP son las más utilizadas en el estudio de brotes (Singh *et al.*, 2006; Blanc, 2004; Foley *et al.*, 2009).

Por último, entre los métodos basados en la secuenciación del ADN, uno de los más experimentados es el MLST (tipificación por secuenciación de multilocus o multilocus sequence typing). Esta técnica se basa en la secuenciación parcial de 6 o 7

genes metabólicos altamente conservados, conocidos como *housekeeping genes*, que están sujetos a una presión selectiva mínima. Estos genes suelen estar asociados con funciones esenciales, como el metabolismo y factores de virulencia (estructuras o moléculas que les permiten infectar, sobrevivir y causar daño en el organismo huésped), así como con genes ribosomales. A pesar de que el MLST es una técnica laboriosa y costosa, presenta la ventaja de que los resultados obtenidos, es decir, las secuencias tipo, son objetivables y pueden ser almacenados en formato electrónico. Esto facilita el intercambio de datos entre laboratorios geográficamente distantes, lo que permite comparar perfiles o secuencias tipo entre aislados provenientes de diferentes países o continentes (Vásquez et al., 2004).

Clasificación de especie en procariontes

Continuando con nuestro análisis del estado actual de la clasificación bacteriana, en los capítulos anteriores hemos destacado cómo el desarrollo de la ciencia y la tecnología ha influido en los métodos utilizados por los científicos para clasificar microorganismos. En un primer momento, desde el siglo XVII, con las primeras observaciones y las consideraciones presentadas en los tratados de clasificación de seres vivos propuestos por Linneo, se cimentaron las bases de la taxonomía. Durante el inicio del siglo XX, las características fenotípicas adquirieron una importancia considerable, ya que los atributos estructurales y bioquímicos se convirtieron en elementos esenciales para la clasificación bacteriana.

No obstante, fue a partir de la década de 1960 que el descubrimiento del ADN comenzó a cambiar de manera fundamental la forma en que se clasificaban las bacterias. Este cambio inicial se centró en la comparación del porcentaje de hibridación de ADN-ADN entre diferentes grupos bacterianos, complementándose posteriormente con el análisis del contenido de G+C. Este enfoque evolucionó hacia el uso de marcadores genéticos, destacando el gen del ARN ribosómico 16S, hasta culminar en el desarrollo y la aplicación de la secuenciación de genomas completos. Este avance no solo ha redefinido los criterios de clasificación, sino que también ha enriquecido nuestra comprensión de la diversidad microbiana y las relaciones evolutivas entre especies.

En este contexto, la naturaleza de reproducción asexual de las bacterias, junto con la dificultad para obtener cultivos aislados y puros, así como la ausencia de registros fósiles, ha impedido la extrapolación directa y eficiente de los conceptos de especie

tradicionalmente utilizados en organismos superiores, tales como el Concepto Biológico de Especie, el Concepto Evolutivo de Especie y el Concepto Ecológico de Especie, entre otros. Esta complejidad resalta las limitaciones de las definiciones convencionales de especie cuando se aplican al mundo microbiano, sugiriendo la necesidad de desarrollar nuevos marcos conceptuales que reflejen más adecuadamente las singularidades de la biología bacteriana. La discusión sobre cómo abordar la clasificación de las bacterias no solo desafía la taxonomía actual, sino que también plantea preguntas filosóficas fundamentales sobre la naturaleza de las especies y su definición en contextos biológicos diversos.

En la actualidad, se continúa intentando desarrollar y definir un concepto de especie que sea universalmente aplicable a las bacterias, tomando en consideración las propiedades discutidas anteriormente. No obstante, a pesar de la ausencia de un concepto oficial ampliamente aceptado, se han formulado diversas definiciones propuestas por diferentes autores y comités de especialistas en el campo. Entre estas definiciones se puede citar la siguiente "...una especie microbiana se define como un concepto que representa un grupo de cepas que incluye cepas recién aisladas, cepas de reserva mantenidas *in vitro* durante períodos variables de tiempo y sus variantes. Estas cepas comparten un conjunto o patrón de propiedades estables correlacionadas que las distinguen de otros grupos de cepas" (Gordon, 1978).

En esta definición, es importante considerar que su aplicación se limita a cepas bacterianas que han sido aisladas y cultivadas en medios específicos dentro de un laboratorio. Sin embargo, esta restricción plantea una complicación significativa para la implementación de dicha definición, dado que se estima que solo alrededor del 1% de los microorganismos puede ser aislado y cultivado utilizando los métodos disponibles en la actualidad (Bull & Stach, 2004). Otra definición podría ser: "un grupo de cepas que muestran un alto grado de similitud general y difieren considerablemente de grupos de cepas relacionadas con respecto a muchas características independientes" (Colwell et al., 1995).

De esta manera, las características utilizadas para definir los grados de similitud entre grupos distintos se derivan de la integración de fuentes fenotípicas y genéticas, lo cual es ampliamente aceptado entre muchos taxónomos microbiológicos en el contexto de una taxonomía polifásica (Vandamme et al., 1996). Desde esta perspectiva polifásica, no existen límites claros en la clasificación taxonómica que permitan definir de manera universal los atributos fenotípicos y genotípicos de los microorganismos. No obstante,

ciertos valores han sido aceptados como indicadores relevantes, tales como los porcentajes de similitud de ADN-ADN y los grados de temperatura de fusión (T_m). En 1987, el Comité sobre la Reconciliación de Enfoques en Sistemática Bacteriana recomendó los siguientes parámetros para clasificar las especies bacterianas:

“las especies generalmente incluirían cepas con aproximadamente un 70% o más de relación ADN-ADN y con una temperatura de fusión (T_m) de 5°C o menos” (Wayne et al., 1987).

Sin embargo, como hemos mencionado anteriormente, la secuenciación del ADN en la década de 1970 permitió la utilización de ciertos marcadores genéticos que proporcionan información sobre el grado de parentesco entre diferentes grupos analizados desde una perspectiva filogenética. Un ejemplo destacado es la secuencia del ARN ribosomal 16S, que, al ser una estructura altamente conservada, facilita la evaluación de las relaciones entre grupos mediante el análisis de sus efectos genealógicos. Este enfoque se beneficia de la evolución de técnicas estadísticas que se han robustecido a medida que el desarrollo bioinformático ha prosperado en las últimas décadas. No obstante, aunque los análisis comparativos del ARN 16S se consideran un método útil para investigar las relaciones filogenéticas entre diferentes grupos, han demostrado ser menos efectivos para la clasificación precisa de organismos (Goodfellow et al., 1997).

A pesar de que no existe un concepto de especie universal aplicable a las bacterias, situación que se asemeja a la de los organismos eucariotas, se han adoptado diversos enfoques para clasificar a los microorganismos, dependiendo de los criterios específicos de cada concepto. Entre los enfoques más comunes se encuentran el Concepto Fenético de Especie, el Concepto Evolutivo de Especie y el Concepto Filogenético de Especie (Rossello-Mora y Amann, 2001, Stackebrandt 2006).

El Concepto Fenético de Especie, al igual que en los organismos eucariontes, se basa en la comparación de ciertos atributos de un grupo de individuos para determinar si pueden agruparse en un mismo taxón. Sin embargo, se caracteriza por ser uno de los conceptos con menor carga teórica, ya que no está respaldado por una teoría robusta que guíe la selección y valoración de los atributos utilizados para clasificar una especie. Este enfoque puede incorporar propiedades fenotípicas, genéticas o ecológicas (Van Regenmortel, 1997).

En el caso del Concepto Evolutivo de Especie, se trata de uno de los enfoques con mayor carga teórica, ya que incorpora la teoría de la evolución, a la cual están sujetos todos los organismos, incluidos eucariotas, arqueas y bacterias. Esto lo convierte en un

concepto aplicable a todos los tipos de especies (Mayden, 1997). Desde una perspectiva evolutiva, las especies se definen como linajes que se manifiestan en un contexto determinado de espacio y tiempo.

Sin embargo, para las bacterias, el Concepto Evolutivo de Especie presenta dos puntos de conflicto significativos. En primer lugar, la ausencia de registros fósiles dificulta el análisis histórico de estos organismos. En segundo lugar, la posibilidad de transferencia horizontal de genes puede llevar a resultados contradictorios al evaluar secuencias genéticas que no tienen un origen monofilético (es decir, que no derivan de un ancestro común), sino que provienen de otros individuos de especies distintas. Esta complejidad subraya la necesidad de un enfoque crítico y matizado al aplicar el concepto evolutivo a la taxonomía bacteriana (Rossello-Mora y Amann, 2001).

De manera similar, el Concepto Filogenético de Especie clasifica a las especies en función de su parentesco en un contexto de ancestro-descendencia (filogenia), utilizando marcadores moleculares como el ARN 16S. Aunque estos marcadores son valiosos para descubrir relaciones entre los taxones debido a su alto nivel de conservación evolutiva, es necesario complementar su uso con otros genes, como el gen RpoS, el factor de elongación Tu y la ATPasa, entre otros (O'Malley, 2014). Dentro de este marco, también encontramos el Concepto Monofilético de Especie, que define a una especie como “el grupo diagnósticamente más pequeño de organismos individuales dentro del cual existe un patrón de ascendencia y descendencia” (Hull, 1997). Así, el diagnóstico de estos pequeños grupos de taxones se logra a través de un enfoque polifásico o fenético que evalúa sus atributos. Sin embargo, en el caso de las bacterias, se presentan desafíos significativos, tales como la ausencia de registros fósiles y la transferencia horizontal de genes, que complican la aplicación de este concepto en la clasificación taxonómica (Rossello-Mora y Amann, 2002; Stackebrandt, 2006)

5.-Concepto Filo-fenético de especie bacterianas

Considerando el progreso histórico en el conocimiento y la tecnología en el ámbito de la microbiología durante los últimos años, se observa cómo esta evolución ha impactado la forma en que se clasifican las bacterias, pasando de clasificaciones macroscópicas a la secuenciación del genoma completo. A pesar de estos avances, hasta la fecha no existe un consenso que permita establecer un concepto de especie universal aplicable a las bacterias. A pesar de las diversas aproximaciones, como el Concepto

Filogenético, Evolutivo o Fenético, el acuerdo dentro de la comunidad científica tiende a ser más pragmático. En este contexto, uno de los conceptos más utilizados en la clasificación bacteriana incorpora tanto la perspectiva filogenética como la fenética, dando lugar al llamado Concepto Filo-Fenético (Rossello-Mora y Amann; 2021, Stackebrandt, 2006).

En su análisis, Rossello-Mora y Amann (2021) sostienen que la clasificación actual de las bacterias se circunscribe a tres diferentes aproximaciones. La primera consiste en la demarcación de los límites genéticos de una unidad, derivada de los análisis de hibridación ADN-ADN, así como del contenido de G+C y del tamaño del genoma. Esta corresponde a la definición genotípica del clúster de Mallet (Mallet, 1995). En este sentido, si bien no se pueden establecer límites absolutos que se apliquen de manera universal a todas las bacterias, existen rangos, como el 70-50% de similitud de ADN entre especies diferentes.

La segunda aproximación se centra en la descripción del fenotipo del taxón, lo que resulta en una clasificación exhaustiva que permite discriminar y determinar propiedades fenotípicas, describiendo así la diversidad interna de un grupo específico (por ejemplo, la plasticidad fenotípica entre grupos presentes en nichos diferentes). Esta estrategia ayuda a reducir el margen de error al trabajar con caracteres que podrían ser homoplasias en lugar de homólogos, es decir, falsas homologías derivadas de la evolución convergente. En este análisis fenético, se aplican no solo a las propiedades bioquímicas o fisiológicas, sino también a los análisis de marcadores quimio-taxonómicos, como el perfil de ácidos grasos. Asimismo, se utilizan métodos de tipificación basados en ADN (PFGE, RAPD) y métodos fenotípicos, como el análisis electroforético de proteínas totales o la electroforesis enzimática multilocus (Cowan, 1965).

Finalmente, la tercera aproximación se refiere al reconocimiento de miembros monofiléticos dentro de un mismo taxón. A través del análisis de la secuencia de ARN 16S, es posible identificar un patrón de ancestro-descendencia en el taxón estudiado, lo que puede confirmar la naturaleza monofilética del grupo (Wayne et al., 1987).

En este contexto, Rossello y Amann (2021) definen el concepto Filo-Fenético de Especie como:

“un clúster monofilético y genómicamente coherente de organismos individuales que presentan un alto grado de similitud general con respecto a muchas características independientes, y que es diagnosticable por una propiedad fenotípica discriminativa” (Rossello-Mora & Amann, 2021, p. 39).

La definición del concepto Filo-Fenético de Especie incluye los siguientes requisitos:

1. Las especies deben ser grupos de organismos monofiléticos que presentan un alto grado de similitud genética.
2. El límite genómico absoluto para la delimitación de cada especie independiente debe establecerse tras el análisis de su fenotipo.
3. La homogeneidad o heterogeneidad interna del grupo solo puede comprenderse a través del análisis fenético de múltiples caracteres posibles.
4. Una especie bacteriana no debe clasificarse sin que esta sea reconocida por diversas aproximaciones de identificación independientes, basadas en un conjunto determinado de propiedades fenotípicas.

Como menciona Ereshefsky y Reydon citando a Stackebrandt; “el ex-editor de la Revista Internacional de Bacteriología Sistemática, comenta: los bacteriólogos, en particular, siguen las directrices y recomendaciones que garantizan la estabilidad, la reproducibilidad y la coherencia en la taxonomía. El ejemplo de los tipos bacterianos no es un ejemplo marginal de práctica taxonómica poco conocida. El CFF es el enfoque más popular para las especies entre los microbiólogos” (Ereshefsky y Reydon, 2015, p. 974) La falta de un concepto universal de especie para las bacterias resalta la complejidad de los sistemas biológicos. Desde la perspectiva del pluralismo moderado, se sostiene que la coexistencia de múltiples definiciones de especie es necesaria y válida, adaptándose a diferentes contextos. En la clasificación bacteriana, se identifican tres enfoques principales: genotípico, fenotípico y filogenético, cada uno aportando herramientas únicas para su análisis.

El Concepto Filo-Fenético de Especie, que combina las perspectivas filogenética y fenética, ofrece una visión integral de la clasificación, subrayando que la biología es un campo que exige un análisis multifacético. Además, la tendencia hacia un enfoque pragmático en la clasificación destaca la importancia de la flexibilidad conceptual en la ciencia. Este enfoque permite una adaptación a las evidencias concretas, favoreciendo una comprensión dinámica de las especies bacterianas, lo que promueve un diálogo continuo en el ámbito de la microbiología.

La taxonomía bacteriana, en su evolución desde métodos fenotípicos a genotípicos, ejemplifica la dificultad persistente de definir un concepto de especie

universal, especialmente en microorganismos asexuales y variables. Si bien los métodos genotípicos ofrecen nuevas perspectivas filogenéticas, también enfrentan limitaciones.

Con estos antecedentes, revisaré el CFF bajo la mirada del realismo pluralista normativo de Ereshefsky, evaluando si cumple con las condiciones necesarias para ser considerado un concepto dentro de las reglas epistémicas que el modelo plantea.

6.-Análisis del pluralismo normativo según Ereshefsky y su implicancia para el CFF de especies bacterianas.

En el campo de la filosofía de la biología, Ereshefsky se distingue por su defensa de un pluralismo normativo en la taxonomía, particularmente en lo que respecta al concepto de especie. Su enfoque, lejos de abrazar un relativismo absoluto, reconoce la validez de múltiples perspectivas taxonómicas dentro de ciertos límites y condiciones. En su obra, Ereshefsky argumenta que "el pluralista mantiene que hay diferentes formas legítimas de clasificar el mundo biológico" (Ereshefsky, 2001, p. 131). Esta postura se basa en la premisa de que diferentes conceptos de especie (biológico, filogenético, ecológico, etc.) capturan distintos aspectos de la realidad biológica, y que cada uno puede ser útil en contextos específicos.

Un elemento central de su propuesta es la noción de que "las especies no son tipos naturales en el sentido tradicional. Son entidades históricas, linajes que cambian con el tiempo" (Ereshefsky, 2001, p. 157). Esta visión rechaza el esencialismo, la idea de que las especies tienen una esencia inmutable que las define, y enfatiza la naturaleza dinámica y evolutiva de las entidades biológicas. Ereshefsky también subraya que "diferentes conceptos de especie capturan diferentes aspectos del proceso evolutivo. Ningún concepto de especie único puede capturar toda la información relevante" (Ereshefsky, 2001, p. 175). Esta multiplicidad de perspectivas es esencial para comprender la complejidad de la biodiversidad.

Ereshefsky, en su libro *The Poverty of the Linnaean Hierarchy*, critica la taxonomía linneana por su estructura rígida y persistencia de concepciones esencialistas, argumentando que es inconsistente con la comprensión evolutiva actual, defendiendo un enfoque pluralista normativo que reconoce la validez de múltiples criterios (reproductivos, ecológicos, filogenéticos) para clasificar la vida, proponiendo una nueva metodología taxonómica post-linneana que incluso considera el abandono del concepto tradicional de especie en favor de un pluralismo basado en bioespecies, filoespecies o ecoespecies.

Sin embargo, la posición pluralista debe desarrollar una defensa frente a la objeción del “*todo vale*” que busca desacreditar a la tesis pluralista por la falta de criterios y coherencia al momento de seleccionar y considerar las diferentes visiones, “...deberíamos responder a la objeción de “todo vale” contra el pluralismo de especies determinando los objetivos de la taxonomía biológica y luego decidiendo qué reglas metodológicas seleccionan los conceptos de especie que satisfacen esos objetivos.” (Ereshefsky, 2001, p 158). En este contexto, Ereshefsky no tendrá un contra-argumento que busque una respuesta universal a la postura del “todo vale” que involucre reglas universales como el criterio de demarcación de teorías científicas y no científicas, en este escenario, se apoyara del naturalismo normativo de Larry Laudan que enfatiza la diversidad de criterios racionales en la evaluación de teorías y prácticas científicas y la importancia de considerar el contexto y los objetivos específicos. Así, propondrá sus propias reglas metodológicas que permitan responder y satisfacer los principios metodológicos de la taxonomía biológica. La línea argumentativa de Ereshefsky para el levantamiento y análisis de un grupo de reglas para el desarrollo de un pluralismo normativo, selecciona cuatro corrientes; taxonomía evolutiva, fenética, cladismo basado en procesos y el cladismo basado en patrones.

De esta manera, Ereshefsky presenta sus reglas metodológicas para la selección de teorías, agrupando las reglas en dos tipos: reglas primarias y reglas secundarias. Las reglas primarias son la que evalúan si un enfoque taxonómico puede satisfacer el objetivo de la taxonomía biológica. Sirven como estándares mínimos -aunque falibles- para juzgar el enfoque taxonómico. Algunas reglas primarias son: sensibilidad empírica, consistencia interna, coherencia inter-teórica y la coherencia intra-teórica. Para el caso de la Sensibilidad empírica Ereshefsky comenta:

Una forma mínima de juzgar si un enfoque taxonómico puede proporcionar clasificaciones empíricamente precisas es comprobar si sus principios de clasificación son sensibles a la evidencia empírica. Por ejemplo, si los principios de clasificación de un enfoque taxonómico clasifican a los organismos según sus nichos, entonces deberíamos poder medir los nichos. Si no se pueden medir los nichos, entonces no hay forma de juzgar la precisión empírica de las clasificaciones de ese enfoque (Ereshefsky, 2001, pp. 180).

En relación con la Consistencia Interna, Ereshefsky menciona “si las clasificaciones cumplen el objetivo de proporcionar una base para la inferencia, deben ser relativamente inequívocas. Supongamos que queremos inferir la historia filogenética de un taxón para

comprender la fisiología de sus organismos. Un enfoque taxonómico plagado de ambigüedad podría ubicar ese taxón en taxones superiores diferentes” (Ereshefsky, 2001, pp. 181). Más allá de tener diferentes clasificaciones desde la utilización de diferentes parámetros empíricos (genéticos, ecológicos, etc) lo que previene el Criterio de consistencia interna es la producción de múltiples clasificaciones según un único parámetro, no la producción de múltiples clasificaciones a través de diferentes parámetros. Para la tercera regla -Coherencia Inter-teórica- las diferentes aproximaciones taxonómicas tendrán un respaldo de hipótesis en conexión con otras hipótesis. Por ejemplo, para la construcción de árboles filogenéticos, la aproximación taxonómica debe estar conectada y ser coherente con los principios de la química y física que rigen el ADN, su separación molecular, hibridación y todo lo necesario para ser utilizado como un biomarcador. El no presentar una coherencia entre sí, nos enfrentaría a una situación donde el parámetro no se cumple. Por último, la cuarta regla, evalúa la coherencia intra-teórica a la cual se deben someter las aproximaciones taxonómicas, las que deberían ser coherentes con las teorías actuales que gobiernan las entidades que han sido clasificadas. En este caso, se puede observar a través de la historia de la biología que existen diferentes casos que entran en conflicto con la teoría actual de la evolución, de este modo, Ereshefsky comenta que “...debemos ser escépticos con las actuales propuestas de clasificación biológica que entran en conflicto con la contemporánea teoría de la evolución” (Ereshefsky, 2001, p. 182).

Por otro lado, las reglas secundarias, afectan el valor de un enfoque taxonómico, pero son menos importantes para juzgar si dicho enfoque cumplirá el objetivo de una disciplina y pueden ser: generalidad, simplicidad y estabilidad. A continuación, revisaremos los resultados en relación con la propuesta de Ereshefsky:

Tabla 1: Propuesta de análisis de Ereshefsky a cuatro conceptos de especies a través de las reglas primarias.

Concepto de especie	Sensibilidad Empírica	Consistencia Interna	Coherencia intra-teórica	Coherencia inter-teórica.
Fenético	Pasa	Falla	Falla	Pasa
Cladista	Pasa	Falla	Falla	Pasa
Biológico	Pasa	Pasa	Problemático	Pasa
Filogenético	Pasa	Pasa	Problemático	Pasa

Traducción y modificación propia (Ereshefsky, 2001, *The Poverty of the Linnaean Hierarchy*)

Bajo la propuesta pluralista normativa, Ereshefsky descarta los conceptos Fenético y Cladistas de especie ya que no pasan su evaluación para dos de cuatro reglas a comparación de los conceptos Biológico y Filogenético. A continuación, en el contexto de esta investigación que pone énfasis en el Concepto Filo-Fenético de especies, presentaré los argumentos de Ereshefsky que lo llevan a definir que el Concepto Fenético de Especie no tiene el suficiente sustento para pasar la regla de la Consistencia Interna y la Coherencia Intra-teórica y por lo tanto, no sería un candidato válido a considerar dentro de su pluralismo normativo

De esta manera, para el caso de la regla de la Consistencia Interna, el Concepto Fenético de Especie, debido a que utiliza diferentes caracteres para clasificar a los diferentes seres vivos, la ausencia de un criterio para la selección de dichos caracteres sobre otros, llevará a que se puedan desarrollar diferentes clasificaciones de un mismo grupo de seres vivos. Esto presentaría una *incoherencia interna* de la teoría de clasificación taxonómica. Sin embargo, se presenta que tanto el nivel de Sensibilidad Empírica y la Coherencia Inter-teórica, son dos reglas que el concepto logra pasar. En palabras de Ereshefsky: “En cuanto a la sensibilidad empírica, Sokal (1985) compara la fenética y el cladismo utilizando una base de datos hipotética con una filogenia conocida. Concluye que, en ciertas circunstancias, la fenética proporciona una mejor estimación de la filogenia real que la cladística. Por lo tanto, Sokal considera que la fenética es empíricamente sensible” (Ereshefsky, 2001, p. 187). Por último, Ereshefsky, menciona que clasificaciones fenéticas pueden llevar a que individuos de un mismo grupo pero de diferentes sexos, sean presentados como especies distintas e incluso que individuos en diferentes etapas de la vida, sean considerados como especies distintas. Esto iría en contra de la idea de que los individuos son los mismos durante todas las etapas de su vida y por lo tanto, presentaría una *incoherencia intra-teórica*. Para el caso del Concepto Cladista de especie, al igual que el fenético, este no pasaría las reglas de Consistencia Interna y Coherencia Intra-teórica.

De esta manera, Ereshefsky propone cómo válidos los conceptos Biológico y Filogenético y valida de esta manera su propuesta pluralista normativa:

[...] deberíamos preferir los conceptos biológico y filogenético. Los conceptos fenético y cladístico de patrones caen en el segundo nivel. Notemos que las reglas primarias no distinguen entre los conceptos biológico y filogenético: ambos se clasifican por igual. Por consiguiente, tenemos buenas razones para perseguir ambos simultáneamente. Las reglas primarias aconsejan el pluralismo taxonómico cuando se trata de especies, aunque un pluralismo de una clase muy exigente. (Ereshefsky, 2001, pp. 192-193).

En este contexto podríamos considerar el CFF de especies bacterianas como una propuesta a considerar y revisar mediante las reglas primarias y secundarias. Sin embargo, debido a su naturaleza híbrida que incorpora tanto al concepto fenético y al concepto filogenético que el Concepto Fenético no se cumplen los requisitos necesarios para ser considerado, la validación del CFF sería deficiente al depender en parte de las características fenéticas. Sin embargo, analizaremos en el siguiente punto, la propuesta que presenta Ereshefsky y Reydon (2015, 2022) de Programas clasificatorios, donde se validan la incorporación de valores no epistémicos, como los aspectos éticos, sociales, culturales o prácticos que influyen en la evaluación, aceptación o desarrollo de teorías y prácticas científicas, más allá de su utilidad para adquirir conocimiento, lo cual será profundizado en los capítulos siguientes. Esta nueva visión y la inclusión de valores no-epistémicos, podrían dar validez al CFF dentro del realismo pluralista normativo.

7.- Programa clasificatorio y valores no-epistémicos en rescate del pluralismo normativo.

Podemos considerar la apertura a nuevas argumentos, más allá de los epistemológicos en la filosofía de Ereshefsky y Reydon en su artículo “Scientific kinds” (2015). En esta propuesta los autores recomiendan sustituir la teoría de grupos de propiedades homeostáticas (HPC) de Richard Boyd¹ por un marco más pluralista, siendo la teoría HPC una de las concepciones predominantes sobre los tipos naturales en filosofía de la ciencia. Ereshefsky y Reydon, destacan que la HPC¹, centrada en la similitud causada por mecanismos causales, presenta limitaciones significativas al no abarcar diversas clases

¹ Se trata de la tesis de las especies como género natural estructurado como un cúmulo de propiedades homeostáticas (*homeostatic property cluster natural kinds*): “Una variedad de mecanismos homeostáticos –el intercambio de genes entre ciertas poblaciones y el aislamiento reproductivo respecto de otras, efectos de factores selectivos comunes, complejo de genes coadaptados y otras limitaciones en la variación heredable, desarrollo constreñido, los efectos causados en el organismo por el nicho evolucionario, y otros– actúan para establecer los patrones de estasis evolucionario que reconocemos como manifestaciones de especies biológicas” (Boyd, 1999, p. 165).

científicas reconocidas en las prácticas reales, como las clases no causales, funcionales y heterostáticas.

La nueva visión debe ser capaz de reconocer la diversidad de objetivos y prácticas en la clasificación científica, promoviendo una conceptualización de las clases naturales más ajustada a la complejidad y variedad de las ciencias reales mencionando: "...por un lado, deseamos una explicación de las clases que capture con mayor precisión las prácticas clasificatorias de la ciencia que la teoría HPC. Por otro lado, buscamos una explicación moderadamente normativa que establezca restricciones sobre lo que se considera una clase natural" (Ereshesky y Reydon, 2015, p. 979). Planteando de esta manera un "programa clasificatorio" que cumpla ciertos requisitos como; principios de ordenamiento, principios motivadores y clasificaciones. De esa manera, diferentes programas de clasificación pueden tener diferentes principios: los principios de clasificación del CFF de especies bacterianas emplean marcadores genéticos, similitud genética general y rasgos fenéticos, mientras que los principios de clasificación del Concepto de Especie Biológico se centran en la reproducción. El principio motivador del CFF es destacar tipos estables con condiciones de identidad claras, mientras que el Concepto de Especie Biológico busca abarcar grupos de organismos que evolucionan como una unidad (Ereshefsky y Reydon, 2015, p. 979). Al mismo tiempo presenta tres criterios fundamentales para identificar clases naturales en clasificaciones científicas: Coherencia interna, Contrastabilidad empírica y Progresividad.

Ereshefsky y Reydon (2021) señalan que las teorías filosóficas tradicionales sobre las clases naturales evidencian una desconexión con las prácticas clasificatorias actuales en ciencia, siendo muchas de estas teorías fundamentadas en consideraciones *a priori* o en criterios generalizados que no reflejan la diversidad de motivos y objetivos que guían a los científicos en la clasificación. Como alternativa, presenta la Explicación de la Funcionalidad Fundamentada (en inglés, *Grounded Functionality Account*, GFA), como un marco que integra valores epistémicos y no epistémicos, enfocándose en la eficacia de las clasificaciones para cumplir diversos objetivos en la ciencia real.

La GFA establece condiciones de funcionalidad y fundamentación que aseguran la relevancia y utilidad práctica de las clasificaciones, adhiriéndose a un enfoque naturalista y normativo. Este marco de GFA, permitirá la incorporación de valores no epistémicos dentro de las teorías de clasificación y enfrentar el escepticismo filosófico respecto a la relevancia de estas investigaciones. La propuesta, promueve un enfoque pragmático, contextual y normativamente informado, que favorece una interpretación

más fiel a la práctica científica y a sus distintas metas en diversas áreas. En este contexto, Ereshefsky y Reydon, vuelven a presentar al CFF de especies bacterianas como un caso de éxito dentro de su Programa clasificatorio: “El CFF de especies bacterianas busca destacar grupos de microorganismos estables y fácilmente identificables. Su principio motivador es obtener grupos microbianos estables para su uso en investigación microbiana y médica. Sus principios de clasificación utilizan diversos parámetros genéticos para clasificar los microbios en grupos estables, como las similitudes en los genes del ARNr 16S y la hibridación ADN-ADN. Según el GFA, que el CFF de especie ofrezca clasificaciones de especies naturales depende de la eficacia de sus principios de clasificación para satisfacer el principio motivador de dicho programa de clasificación, es decir, identificar especies microbianas estables. Según numerosos microbiólogos -por ejemplo, Roselló-Mora y Amann 2001, Stackebrandt 2006-, el CFF logra su objetivo. Por lo tanto, también obtiene una buena puntuación en el GFA.” (Ereshefsky y Reydon, 2021, p. 31)

Posteriormente en el trabajo *Cómo Incorporar Valores No Epistémicos en una Teoría de la Clasificación* de Reydon y Ereshefsky (2022) postulan como los valores no-epistémicos (éticos, sociales, políticos, etc.) influyen en teorías de clasificación científica (conceptos de especie) y cómo pueden integrarse en una teoría filosófica de la clasificación. Presentan el modelo mencionado anteriormente de la Explicación de la Funcionalidad Fundamentada (GFA) como una alternativa que integra tanto los valores epistémicos como los no epistémicos, ofreciendo una comprensión más completa de cómo se construyen y utilizan las clasificaciones científicas dando un importancia a los valores no-epistémicos ya que son estos quienes juegan un papel importante en la práctica clasificatoria, influyendo en las decisiones científicas y a su vez, presentando una crítica a las teorías existentes que se centran principalmente en los valores epistémicos y no logran incorporar explícitamente los valores no epistémicos.

De esta manera, podemos observar que el CFF ha sido integrado de manera efectiva hacia la nueva visión pluralista que presenta Ereshefsky, en esta oportunidad no solo considerando los valores epistémicos mencionados en el punto anterior (reglas primarias y secundarias) en la cual, por consideración teóricas hubiese sido descartado como una teoría que no cumple los requisitos al igual que el Concepto Fenético y el Concepto Cladista de especies. En este punto, bajo el soporte de los valores no-epistémicos el CFF podría encontrar respaldo. A continuación, analizaré algunos ejemplos de valores no epistémicos en la clasificación biológica, centrandome especialmente

la atención en el caso del complejo *Acinetobacter*. A través de este análisis, podrá evidenciarse la evolución teórica del campo a lo largo de la historia, lo que permitirá fortalecer la comprensión de la influencia decisiva que ejercen los valores no epistémicos en los programas clasificatorios de especies bacterianas.

8.- Valores no epistémicos en casos de clasificación taxonómica

La problemática filosófica de los valores no epistémicos sostiene que la investigación científica no se desarrolla en un vacío neutral, sino que está influenciada por valores éticos, sociales y políticos que impactan tanto la dirección como los resultados de la investigación. Esto destaca la necesidad de integrar consideraciones no epistémicas en la práctica científica.

Helen Longino argumenta que la ciencia es un proceso social que requiere la inclusión de diversas voces para alcanzar una verdadera objetividad. Por otro lado, Philip Kitcher, en *Science, Truth, and Democracy* (2001), destaca que las decisiones sobre financiación deben estar guiadas por valores democráticos y que la ciencia debe orientarse hacia el mejoramiento social. Sandra Harding critica la objetividad científica en *The Science and Politics of Women's Health* (1998), abogando por un enfoque que considere las diferencias sociales y culturales. Oreskes y Conway (2010), examina cómo los valores no epistémicos pueden distorsionar el debate científico, especialmente en el contexto del cambio climático, resaltando la influencia de factores políticos y económicos.

Estas perspectivas sugieren que, para una comprensión adecuada de la ciencia, es crucial reconocer la interrelación de los valores no epistémicos y fomentar prácticas científicas más conscientes y responsables. En este contexto y considerando el énfasis de esta investigación revisaremos diferentes puntos de reflexión de la propuesta de Ereshefsky y Reydon para poder vincularlos con la manera en que, en el contexto de definición y clasificación de especies bacterianas, podría estar considerado la utilización de estos valores no epistémicos (Ereshefsky, 2009; Reydon & Ereshefsky, 2022).

Un ejemplo de cómo los valores no-epistémicos están involucrados en las teorías de clasificación es el presentado por Zacchos y Col (2013) en su investigación *Species inflation and taxonomic artefacts—A critical comment on recent trends in mammalian classification* en el cual se critica la reciente tendencia a aumentar el número de especies de mamíferos, principalmente mediante la elevación de subespecies a rango de especie, impulsada por el Concepto Filogenético de especie (CFE). Los autores argumentan que

esta "inflación taxonómica" es a menudo artificial debido a deficiencias en el CFE y al uso injustificado de datos morfológicos y genéticos insuficientes. Algunas de las críticas que en la práctica se observan son: una aplicación indiscriminada del CFE, señalando que la diagnosabilidad y la monofilia pueden extenderse a niveles intraespecíficos, lo que lleva a una proliferación innecesaria de especies; el uso de árboles genéticos basados únicamente en ADN mitocondrial y análisis fenéticos enfocados en la diagnosabilidad, argumentando que no proporcionan evidencia suficiente para la separación de especies; se discuten casos concretos de división de especies, como tigres, ciervos rojos, klipspringers y serows, donde la evidencia para la separación es considerada débil o basada en datos limitados. Por último, presentan que la aceptación acrítica de nuevas especies puede crear una carga innecesaria en la conservación de la biodiversidad, desviando recursos y esfuerzos.

Por otro lado, Frankham et al., 2012 destacan que el concepto de especie utilizado en la conservación de la biodiversidad tiene implicaciones significativas para la gestión y el éxito de los esfuerzos de conservación. Se argumenta que el concepto filogenético de especie puede ser contraproducente en algunos contextos, y se recomienda un enfoque que priorice la aptitud física y el potencial evolutivo para maximizar los beneficios de la conservación, teniendo como recomendación que las delineaciones de especies se basen en los conceptos de especie biológica y de aptitud diferencial, que consideran el aislamiento reproductivo y la aptitud física.

Al mismo tiempo, R. Attenborough (2015) en su trabajo "What are species and why does it matter? Anopheline taxonomy and the transmission of malaria", explora la importancia de los conceptos de especies y la taxonomía en el contexto de la transmisión de la malaria, centrándose en el género de mosquitos *Anopheles*. Attenborough, argumenta que una taxonomía precisa y detallada es crucial para comprender y combatir la malaria de manera efectiva. Para el caso de la taxonomía del género *Anopheles*, el cual incluye los mosquitos vectores de la malaria, ha experimentado una expansión en el número de especies reconocidas debido a la aplicación de técnicas moleculares y a la identificación de especies crípticas. En este contexto, Attenborough revisa diferentes conceptos de especies, incluyendo el CBE y el CFE, destacando las limitaciones del CBE y la creciente adopción del CFE. De esta manera, la investigación subraya que una taxonomía precisa y detallada de los mosquitos *Anopheles* es fundamental para comprender y combatir la transmisión de la malaria. La identificación de especies crípticas y la comprensión de sus características específicas son esenciales para diseñar

intervenciones efectivas y dirigidas contra la malaria, presentando este ejemplo como un caso donde la clasificación de especie es influenciada por valores no-epistémicos como lo es la responsabilidad moral del cuidado de la salud humana.

En el contexto de mi investigación presentaré el caso del Complejo *Acinetobacter* como una referencia histórica de lo que ha sido su clasificación durante las últimas décadas, destacando la importancia que ha tenido la problemática de la resistencia bacteriana y, por lo tanto, del cuidado de la salud humana como algunos de los valores no-epistémicos involucrados al momento de definir su clasificación biológica.

9. Valores no-epistémicos en el casos de clasificación taxonómica del Complejo *Acinetobacter*

En una revisión de la historia de la taxonomía bacteriana en los argumentos anteriores, el estudio del Complejo *Acinetobacter*, se presenta como un ejemplo ilustrativo de los cambios en su clasificación a lo largo de las últimas décadas. El análisis del caso de *Acinetobacter* permitirá ejemplificar cómo la clasificación bacteriana ha sido influenciada por el desarrollo de la ciencia y la tecnología, así como por valores no-epistémicos, como en el caso de los brotes de enfermedades infecciosas en contextos de problemáticas de salud mundial, como la resistencia a antimicrobianos.

Acinetobacter baumannii se ha consolidado en las últimas décadas como uno de los patógenos más problemáticos en las instituciones de cuidado de la salud a nivel mundial, debido a su rápida capacidad de desarrollar resistencia a los antibióticos en los últimos 15 años. En este contexto, la Organización Mundial de la Salud ha priorizado la investigación y el desarrollo de nuevos antibióticos, con un énfasis particular en aquellos dirigidos contra las cepas de *A. baumannii* resistentes a carbapenémicos. Esta bacteria es capaz de prosperar en ambientes hospitalarios durante períodos prolongados, incluso en superficies secas, lo que la convierte en uno de los principales patógenos nosocomiales en hospitales y clínicas, entre otros. Ante esta situación, *A. baumannii* se ha asociado con brotes infecciosos, lo que ha llevado a científicos y epidemiólogos a buscar estrategias de prevención e intervención eficaces. Entre estas estrategias, se destaca la identificación, tipificación y análisis de las secuencias genéticas de la bacteria como herramientas fundamentales para abordar su impacto en la salud pública (Rafei *et al.*, 2014; Halachev *et al.*, 2014; Kanamori *et al.*, 2015).

Las bacterias representan un porcentaje significativo de la diversidad biológica en la Tierra. Sin embargo, gran parte de este grupo microbiano permanece inexplorado

debido a la complejidad de métodos como el crecimiento en cultivos *in vitro*. La microbiología, en consecuencia, ha sido un campo de investigación en constante desarrollo, logrando avances significativos en la comprensión de estos organismos microscópicos y su relación con el medio ambiente, así como con los seres humanos.

Muchos de estos microorganismos son patógenos que pueden causar enfermedades graves e incluso la muerte. Durante el último siglo, una de las soluciones para combatir las enfermedades infecciosas ha sido el uso de antibióticos, particularmente a partir del descubrimiento y desarrollo de la penicilina en 1929 por el médico e investigador escocés Alexander Fleming, junto con los científicos británicos Howard Florey y Ernst Boris Chain. Sin embargo, en las últimas décadas, hemos observado un incremento alarmante de bacterias resistentes a los antibióticos, resultado de la respuesta intrínseca de estos organismos y acelerado por la presión selectiva generada por el uso excesivo y prolongado de antibióticos en el tratamiento de infecciones en humanos, así como en la producción animal, afectando a especies como salmones, pollos y cerdos.

En este contexto, entender el tipo de bacteria que se enfrenta a un determinado antibiótico es crucial para el tratamiento efectivo de la infección. La identificación precisa de la cepa bacteriana se convierte en un factor determinante en la evaluación de los antibióticos que deben ser utilizados, destacando la importancia de la microbiología en la medicina contemporánea y la necesidad de abordar la creciente problemática de la resistencia bacteriana.

El género *Acinetobacter*, si bien presenta actualmente una guía de clasificación establecida, tiene una historia que se remonta a comienzos del siglo XX. En 1911, el microbiólogo alemán Martinus Beijerinck describió un microorganismo denominado *Micrococcus calcoaceticus*, que fue aislado del suelo utilizando un medio enriquecido en calcio y acetato (Beijerinck, 1911). Sin embargo, en las décadas subsiguientes, organismos con características similares fueron asignados a distintos géneros y especies, sumando un total de 15, incluyendo *Diplococcus mucosus* (von Lingelsheim, 1908), *Micrococcus calcoaceticus* (Beijerinck, 1911), *Alcaligenes haemolysans* (Henriksen, 1973), *Mima polymorpha* (DeBord, 1939), *Moraxella iwoffi* (Audureau, 1940), *Herellea vaginicola* (DeBord, 1942), *Bacterium anitratum* (Schaub & Hauber, 1948), *Moraxella iwoffi* (Piechaud et al., 1951), *Neisseria winogradskyi* (Lemoigne et al., 1952), *Achromobacter anitratus* (Brisou, 1953) y *Achromobacter mucosus* (Mannheim & Stenzel, 1962).

El nombre *Acinetobacter*, derivado del griego 'akinetos', que significa 'sin movimiento', fue propuesto por Brisou y Prévot en 1954 para distinguir las bacterias no móviles de las móviles dentro del género *Achromobacter* (Brisou & Prévot, 1954). En sus inicios, el género *Acinetobacter* incluía bacterias no móviles, gran negativas, saprófitas, y en su mayoría oxidasa negativa, aunque también se registraron cepas oxidasa positiva. La distinción entre estas características se consolidó en la década de los 60 (Gerner-Smidt, 1987). Sin embargo, estudios posteriores revelaron que las cepas oxidasa negativa eran diferentes de las cepas oxidasa positiva. En 1971, el Subcomité sobre la Taxonomía de *Moraxella* y Bacterias Afines, recomendó que el género *Acinetobacter* debía limitarse únicamente a las cepas oxidasa negativa (Lessel, 1971). De este modo, se estableció una aproximación a la clasificación del género *Acinetobacter*, contribuyendo a los tests de identificación como una de las bases de discriminación.

El estado actual de la taxonomía de *Acinetobacter* se define por características específicas: se clasifica como una bacteria Gram negativa, con formas de cocobacilos y un contenido de G+C en el ADN que varía entre el 39% y el 75%. Estas bacterias son estrictamente aeróbicas, no móviles, catalasa positivas y oxidasa negativas, con un crecimiento óptimo sobre medios a temperaturas entre 20 y 30 °C, sin requerimientos adicionales de factores de crecimiento, aunque la reducción de nitratos ocurre en raras ocasiones. En el contexto de la delimitación de la especie, se siguen utilizando métodos de hibridación y estudios de secuenciación de ADN para establecer las relaciones entre diferentes organismos. Se ha propuesto una definición de especie molecular que establece que se considera una entidad cuando incluye cepas con aproximadamente un 70% o más de relación ADN-ADN, y una divergencia de Tm de 5 °C o menos. Las especies genómicas, que pueden ser diferenciadas a partir de sus propiedades fenotípicas, pueden recibir un nombre formal de especie.

Históricamente, la clasificación de *Acinetobacter* comenzó con la hibridación del ADN; en la edición de 1974 del *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*, el género fue inicialmente representado por una sola especie, *Acinetobacter calcoaceticus* (Lautrop, 1974). La *Approved List of Bacterial Names* incluida en el mismo contexto reconocía dos especies: *A. calcoaceticus* y *A. lwoffii* (Skerman et al., 1980). Hasta la fecha, se han identificado un grupo de 19 especies genómicas dentro del género *Acinetobacter* basado en homología de ADN, aunque a menudo existe falta de consenso en los resultados obtenidos entre diferentes laboratorios. Sin embargo, se han alcanzado ciertos acuerdos en cuanto al parentesco, como es el caso del complejo *A. calcoaceticus* - *A. baumannii*,

lo que evidencia la necesidad de desarrollar métodos rápidos y confiables para asignar nuevos aislados a especies genómicas específicas (Bergogne-Bérézin & Towner, 1996).

Actualmente, los métodos más utilizados para la identificación fenotípica y genotípica de las especies de *Acinetobacter* incluyen sistemas bioquímicos y la secuenciación del gen del ARN ribosómico 16S, que es el método predominante para la determinación de especies en este género. Sin embargo, como se mencionó anteriormente, el alto grado de conservación del gen ARN 16S a nivel evolutivo limita la capacidad para identificar diferentes tipos de especies dentro de *Acinetobacter*. Una alternativa prometedora es el uso del gen *rpoB* como marcador molecular; este gen codifica la subunidad β de la ARN polimerasa bacteriana. No obstante, los árboles filogenéticos contruidos a partir de la secuencia del gen ARN 16S en comparación con el *rpoB* pueden proporcionar resultados variados en cuanto a las relaciones de parentesco entre especies de *Acinetobacter*, tal como lo han demostrado Wang *et al.* (2014). Por otro lado, para el análisis de propiedades fenotípicas, especialmente en microbiología clínica, se ha implementado un análisis de espectrometría de masas conocido como MALDI-TOF (Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization-Time of Flight), que se ha vuelto crucial para la identificación rápida y efectiva de estas bacterias (Wang *et al.*, 2014).

De esta manera, podemos ver una intrincada relación entre los valores no epistémicos y la clasificación científica, ilustrada a través de los ejemplos de clasificación de especies en contexto de protección de la biodiversidad, la taxonomía de *Anopheles* vinculado a la malaria y el complejo *Acinetobacter* relacionado al problema de salud de la resistencia bacteriana. La integración de consideraciones éticas, sociales y políticas en la práctica científica no solo enriquece la comprensión de la biodiversidad y la salud humana, sino que también promueve una ciencia más responsable y alineada con las necesidades de la sociedad contemporánea al mismo tiempo que subraya la importancia de un enfoque crítico y reflexivo en la investigación científica, donde los valores no-epistémicos son reconocidos y discutidos abiertamente especialmente en el contexto de la clasificación de especies.

El programa clasificatorio del CFF de especies bacterianas dependerá de valores no epistémicos, como los relacionados con el área de la salud. Se plantea la identificación o el desarrollo de un sistema que sea reproducible y contrastable, con el fin de encontrar medidas de salud que contribuyan a mejorar la calidad de vida de las personas. Sin embargo, este enfoque deberá ser contrastado con teorías empíricas fundamentales, como las genéticas, evolutivas y fenotípicas, entre otras. Sin embargo, a pesar de que los valores

no-epistémicos y el programa clasificatorio propuesto por Ereshefsky y Reydon, podrían sostener el realismo del CFF como un buen modelo dentro la propuesta pluralista, es posible revisar en un contexto histórico el programa clasificatorio y contrastar en el tiempo con algún otro programa del mismo taxa biológico como el modelo morfológico de clasificación bacteriana de comienzo del siglo XX o el programa clasificatorio centrado en parámetros bioquímicos de la décadas de los 40' del siglo pasado o el programa clasificatorio basado en hibridación y similitud de ADN de la década de 1960. Cada uno de estos programas fueron exitosos hasta que se presentó nueva evidencia y tuvieron que ser reemplazados o complementados por el siguiente. Así, el programa filofenético actual podría ser discutido desde el punto de vista del argumento de la Inducción Pesimista, descartando así su valor como teoría de la clasificación biológica en bacterias. A continuación, revisaré cómo la postura de la Meta Inducción Pesimista de Laudan podría propiciar una discusión en contra del realismo del CFF de especie en bacterias. Posteriormente, presentaré cómo una alternativa al pluralismo normativo, el modelo de Dupré del realismo *promiscuo*, con que se puede defender la condición realista del CFF de especie en bacterias.

10. Discusión

10.1 Argumento de la Inducción Pesimista de Larry Laudan en el contexto histórico de la taxonomía y conceptos de especies.

En la filosofía de la ciencia, el realismo científico enfrenta un desafío constante a su afirmación central: que las teorías científicas exitosas nos proporcionan una imagen verdadera, o al menos aproximadamente verdadera, del mundo. Uno de los argumentos más influyentes en este debate es el de la inducción pesimista, articulado por Laudan. Este argumento antirrealista cuestiona la noción de que el éxito empírico de una teoría científica sea una razón sólida para creer en su verdad aproximada. Laudan basa su crítica en una exhaustiva revisión histórica de la ciencia, destacando que numerosas teorías, alguna vez consideradas exitosas y verdaderas, fueron posteriormente refutadas y reemplazadas.

En la tesis de Laudan, se postula que la historia de la ciencia está repleta de ejemplos de teorías que, aunque empíricamente exitosas en su tiempo, luego se demostró que eran falsas. Si tantas teorías exitosas del pasado resultaron ser falsas, no hay razón para asumir que nuestras teorías actuales, incluso las que consideramos más exitosas, sean necesariamente verdaderas o siquiera aproximadamente verdaderas. Como Laudan

mismo señala, "yo argumentaría que la historia de la ciencia, cuando se entiende correctamente, ofrece muy poco apoyo a la tesis de que las teorías genuinamente exitosas son también aproximadamente verdaderas" (Laudan, 1981, p. 22).

Para ilustrar su argumento, Laudan recopiló una lista de teorías científicas del pasado que fueron consideradas exitosas en su época, pero que luego fueron abandonadas o refutadas. Ejemplos notables incluyen la teoría del éter, la teoría del flogisto, la teoría humoral de la medicina, la teoría de la generación espontánea y la teoría de la deriva continental (en su formulación original). Estas teorías no eran meras especulaciones; poseían cierto éxito empírico, explicando fenómenos conocidos, haciendo predicciones confirmadas y siendo utilizadas en aplicaciones prácticas.

A pesar de su éxito empírico, estas teorías fueron posteriormente refutadas por nuevas evidencias o por el desarrollo de teorías más precisas y completas. Laudan argumenta que, basándose en esta evidencia histórica, no podemos inferir de manera confiable que el éxito empírico de una teoría sea un indicador de su verdad. En palabras de Laudan, "por cada teoría altamente exitosa en el pasado de la ciencia que ahora creemos que es una explicación genuinamente referencial y aproximadamente verdadera del mundo, ha habido muchas teorías igualmente exitosas que ahora creemos que no son ni referenciales ni aproximadamente verdaderas" (Laudan, 1981, p. 19).

En consecuencia, el pesimismo inductivo socava la inferencia realista de que el éxito empírico de una teoría es una razón para creer en su verdad aproximada. Si el éxito empírico no es un indicador confiable de la verdad, entonces carecemos de una base sólida para creer que las entidades y procesos postulados por nuestras teorías científicas realmente existen. Laudan concluye, por lo tanto, que "la afirmación de que las teorías empíricamente exitosas son *ipso facto* aproximadamente verdaderas es injustificada" (Laudan, 1984, p. 84).

La clasificación taxonómica de bacterias ha experimentado una notable transformación, transitando desde métodos fenotípicos, centrados en la morfología y características observables, hacia enfoques genotípicos que exploran la composición y secuencia del ADN. No obstante, a pesar de estos avances, la dificultad de establecer un concepto de especie universal persiste, especialmente en microorganismos caracterizados por la reproducción asexual y una elevada variabilidad genética.

La historia de la taxonomía bacteriana, desde los esfuerzos iniciales de Müller y Ehrenberg hasta la actual era de la genómica, ilustra la naturaleza dinámica del conocimiento científico y las técnicas de clasificación. Sin embargo, la falta de un

consenso definitivo y la proliferación de métodos, como la taxonomía numérica y las técnicas quimio-taxonómicas, ponen de manifiesto la complejidad inherente a la clasificación de la vida microbiana.

La transición hacia métodos genotípicos, ejemplificada por el análisis del ARN ribosomal y la tipificación del ADN, ha brindado nuevas perspectivas sobre las relaciones filogenéticas y la variabilidad intraespecífica. A pesar de ello, incluso estos enfoques enfrentan limitaciones, como la variabilidad en la composición química de las células bacterianas y la influencia de las condiciones ambientales en la expresión genotípica.

En este contexto, el argumento del pesimismo inductivo de Laudan cobra particular relevancia. La historia de la taxonomía bacteriana, con sus constantes cambios y revisiones, sirve como ejemplo de cómo las teorías y clasificaciones científicas o, programas clasificatorios, que en un momento se consideraron exitosos pueden ser reemplazados por nuevas perspectivas. Esto sugiere que nuestras clasificaciones actuales, incluso aquellas basadas en análisis genéticos avanzados, podrían ser objeto de revisión o incluso refutación en el futuro.

En consecuencia, si bien la taxonomía bacteriana ha logrado avances significativos y el CFF puede ser considerado un buen modelo dentro de la propuesta de Ereshefsky y Reydon, la dificultad de establecer que puede ser considerado solo por el éxito de su programa clasificatorio podría ser contrastado con lo que en su momento fueron los programas clasificatorio en base a morfologías de comienzo de siglo XX o el programa clasificatorio basado en complementariedad y similitud de ADN de la década de 1960, los cuales igual tuvieron cierto grado de éxito en sus respectivos momentos. Este valor de “éxito” que presenta el actual concepto de especie bacteriana CFF, podría ser cuestionado al ser contrastado de manera histórica con los otros programas clasificatorios de la taxonomía bacteriana, argumentando así, que no es suficiente para presentar el CFF como una teoría que efectivamente da cuenta de mundo objetivo.

Al mismo tiempo, podríamos proyectar un contra-argumento a la postura pesimista de Laudan y el Argumento de la Familiaridad de Boyd, Kitcher y Psillos mencionado por Suárez (2019), analizando cuales serían los términos que se mantienen durante los cambios teóricos en relación a la taxonomía bacteriana considerando que las teorías científicas están compuestas por conceptos fundamentales que permanecen relativamente estables a lo largo del tiempo, sirviendo como puntos de referencia ontológicos que reflejan la continuidad en la estructura de la realidad. Así, el CFF que identifica las especies bacterianas a través de sus relaciones de parentesco filogenético,

podría funcionar como un concepto fundamental que otorga coherencia y persistencia a la interpretación de las especies, incluso ante cambios en los supuestos accesorios o hipótesis complementarias. Este argumento reforzaría la idea de que las teorías científicas progresan hacia una descripción más veraz de la realidad, sino que también contrarresta el escepticismo generado por la Meta inducción pesimista de Laudan, al sostener que la estabilidad y la continuidad de los conceptos fundamentales en la clasificación de especies evidencian una relación verdadera con la estructura objetiva del mundo.

10.2. Realismo Promiscuo de Dupré como fundamento epistemológico para la mantención del CFF de especie en bacterias como una teoría real.

En su trabajo, “Natural Kinds and Biological Taxa” (1981), Dupré, examina la aplicabilidad de la teoría de las clases naturales de Putnam y Kripke a la taxonomía biológica. Argumenta que la correspondencia entre los términos del lenguaje ordinario y los taxones biológicos, un supuesto central de la teoría es problemática debido a la vaguedad del lenguaje y la arbitrariedad de las clasificaciones taxonómicas superiores. En este escenario propone una alternativa, el "realismo promiscuo", que reconoce la validez de múltiples esquemas clasificatorios según su utilidad para diferentes propósitos. En palabras de Dupré:

La posición que me gustaría defender podría describirse como realismo promiscuo. El realismo se deriva del hecho de que existen muchas relaciones de similitud que sirven para distinguir clases de organismos de maneras relevantes para diversas inquietudes; la promiscuidad se deriva del hecho de que ninguna de estas relaciones es privilegiada. La clase de los árboles, por ejemplo, es tan real como la clase de las angiospermas; es solo que tenemos diferentes razones para distinguirlos. Es cierto que, en el caso de las especies, existe un rango de clases en gran medida, aunque no totalmente, determinado que pretendemos identificar. La existencia de especies, sugiero, puede verse como consistente en el siguiente hecho. Si fuera posible mapear organismos individuales en un espacio de cualidades multidimensional, encontraríamos numerosos cúmulos o protuberancias. En algunas partes de la biología, estos cúmulos serán casi completamente discretos. En otras áreas, habrá un continuo de individuos entre los picos (Dupré, 1981, p. 82)

De esta manera, Dupré, criticará la existencia de *privileged sameness relations* afirmando "... que no se pueden encontrar relaciones de similitud privilegiadas para la delimitación de las especies" (p. 83), desafiando la aplicabilidad de la teoría de Putnam a

la biología (y un posible esencialismo). En la sección final de su trabajo de 1981, revisa tres argumentos para desacreditar la existencia de relaciones o propiedades preferenciales (*privileged sameness relations*) para su uso en una clasificación entre los miembros de una especie. Las relaciones o propiedades que discutirá son: propiedades intrínsecas de los individuos, aislamiento reproductivo de un grupo de individuos y el linaje ancestro descendiente de un grupo de individuos. A continuación, revisaré los tres puntos:

En relación con el criterio morfológico, Dupré apela directamente a que es una visión esencialista, donde se buscan características propias y exclusivas para cada taxón, de la cual se desmarca al contrastar bajo la mirada de la teoría de la evolución que nos lleva a considerar que los seres vivos son susceptibles al cambio y no son seres fijos inmutables. Al mismo tiempo, ataca la propuesta del material genético como una nueva y mejor propiedad esencial de cada individuo (similar a la propuesta de microestructuras) debido a la gran diversidad genética que puede haber incluso dentro de una misma población o especie, siendo las características morfológicas y fisiológicas un reflejo de la interacción ente material genético y el ambiente:

Existen varias razones por las cuales la evolución debería favorecer a las especies con un alto grado de variabilidad genética. En primer lugar, una reserva de variedad genética puede permitir a la especie sobrevivir a condiciones ambientales cambiantes. En otras palabras, una especie puede ser capaz de producir individuos adaptados a una variedad de situaciones ambientales. En segundo lugar, parece que los individuos heterocigotos (es decir, individuos con pares de genes diferentes en varios loci) a menudo están mejor adaptados que los individuos homocigotos (Dupré, 1981, p. 85)

En relación con el criterio del aislamiento reproductivo, Dupré menciona los problemas que este tipo de clasificación puede presentar debido a que solo es aplicable para organismos de reproducción sexual, dando ejemplo que en plantas, peces y anfibios se pueden encontrar casos de hibridación. Sin mencionar los seres vivos como el caso de las bacterias o los conflictos que se podrían encontrar en especies en estado de especiación:

Así, la sugerencia de que este criterio para las especies proporciona una relación privilegiada entre sus individuos constituyentes falla por dos razones. Primero, habrá individuos que no serían asignados a ninguna especie según este criterio; y segundo, habrá vínculos reproductivos que conectan a individuos que ciertamente pertenecen a diferentes especies. Este último punto se refuerza por el hecho de que la capacidad de producir descendencia viable no es transitiva. Existen cadenas de especies, donde dos miembros adyacentes cualesquiera pueden producir

descendencia viable, pero los miembros terminales de las cuales no son capaces de entrecruzarse...(Dupré, 1981, pp. 86-87)

En relación con el criterio de árboles evolutivos (concepto filogenético), Dupré presenta la complejidad de poder tener como historias evolutivas para definir los taxones debido a la ausencia de una gran cantidad de registro del pasado de esta historia, al mismo tiempo que para comparar taxones se necesitaría la totalidad del árbol filogenético. Por otro lado, Dupré al incorporar en su análisis de este criterio el fenómeno de especiación, vuelve a considerar que en algún punto debe estar presente una característica del taxón para que pueda ser diferenciado de otro, en este caso el problema circular del argumento esencialista:

cualquier procedimiento de clasificación que se base en la ascendencia presupone que, en algún momento del pasado, los organismos ancestrales pudieron haber estado sujetos a algún tipo de clasificación. Uno puede imaginar trazar un árbol filogenético y nombrar alguna de sus ramas; pero la realidad objetiva de la rama no puede ser mayor que la realidad objetiva de la agrupación de organismos que constituye el comienzo de la rama. Pero he afirmado que, dados todos los organismos existentes en un solo momento, no existen propiedades o relaciones privilegiadas por medio de las cuales estos puedan ser clasificados de manera inequívoca y exhaustiva en clases objetivamente significativas. En resumen, el criterio filogenético debe ser parásito de algún otro principio taxonómico sincrónico. No puede generar propiedades privilegiadas por sí solo (Dupré, 1981, p. 88).

De esta manera, Dupré propone que los organismos existen en un tiempo particular pero que no hay relaciones o propiedades preferenciales por las cuales los podamos clasificar dentro de clases no ambiguas: “no pretendo afirmar que las especies no son reales, sino sólo que carecen de propiedades esenciales y que sus miembros no pueden distinguirse por alguna relación de igualdad privilegiada”.

La aplicación del realismo promiscuo al estudio de las especies bacterianas conlleva importantes implicaciones y desafíos. Permite una mayor flexibilidad y adaptabilidad en la clasificación bacteriana, reconociendo que las definiciones pueden ser revisadas a medida que se obtienen nuevos datos y se comprenden mejor los procesos evolutivos. Fomenta la investigación empírica para comprender la variabilidad y la complejidad de las especies bacterianas, en lugar de basarse en definiciones teóricas preestablecidas, desafiando las jerarquías tradicionales en la clasificación biológica, al reconocer que diferentes criterios pueden ser relevantes en diferentes contextos. Sin embargo, requiere la integración de datos provenientes de diversas fuentes (genómicos,

fenotípicos, ecológicos, etc.), lo que puede representar un reto técnico y metodológico. Existe, además, el riesgo de que el pluralismo promiscuo conduzca a un relativismo epistemológico, donde cualquier clasificación se considere tan válida como otra, aunque este riesgo puede mitigarse mediante el establecimiento de criterios claros y transparentes para la evaluación de las clasificaciones.

El CFF se fundamenta en la integración de datos filogenéticos y fenotípicos, combinando información derivada de secuencias de genes (filogenia) con características observables (fenotipo) para delimitar las especies bacterianas promoviendo la flexibilidad y adaptabilidad, reconociendo que la delimitación de especies bacterianas puede depender del contexto ecológico, evolutivo o valoraciones no epistémicas proveniente del contexto social y que las definiciones pueden ser revisadas a medida que se obtienen nuevos datos. En este contexto, considero que el CFF de especies bacterianas puede ser incorporado de manera más versátil en la mirada del realismo promiscuo de Dupré, debido a la propuesta de la inexistencia de relaciones o propiedades preferenciales en comparación de la propuesta pluralista normativa de Ereshefsky revisada anteriormente y marco epistemológica de reglas primarias y secundarias. En este contexto, podríamos seguir sosteniendo el valor objetivo del CFF de especies bacterianas bajo la propuesta del realismo promiscuo de Dupré.

10.3 Sobre la complejidad microbiana y el concepto de especie: hacia una filosofía de la biología renovada

La filosofía de la biología, tradicionalmente anclada en el estudio de sistemas biológicos macroscópicos, se encuentra ante una profunda transformación al adentrarse en la complejidad inherente al mundo microbiano. Estos organismos, tradicionalmente relegados a roles secundarios o presentados como entidades de simplicidad engañosa, revelan una intrincada red de interacciones, adaptaciones y procesos que desafían las categorías conceptuales establecidas. Esta revelación exige una reconsideración crítica de los enfoques preexistentes y la construcción de marcos filosóficos más robustos para abordar la sofisticación intrínseca de estos sistemas vitales a menudo subestimados.

El desafío al individuo: la microbiota y la ontología biológica

El núcleo de esta transformación reside en el desafío a la noción tradicional del "individuo biológico". La microbiota, lejos de existir en aislamiento, exhibe un exceso de

interacciones que trascienden las fronteras entre entidades discretas, desde la promiscuidad genética horizontal hasta la formación de comunidades complejas y estructuradas, como las biopelículas. Estas entidades, que van más allá de la mera agregación de microorganismos, se configuran como sistemas autoorganizados que manifiestan funciones emergentes, superando las capacidades individuales. La transferencia horizontal de genes (THG), al propiciar una fluidez del genoma que desdibuja las demarcaciones individuales y desafía la supremacía del linaje vertical, impulsa una reformulación ontológica que demanda una reflexión profunda: ¿Cómo aprehender la identidad y la individualidad en un contexto dinámico donde los linajes se entrelazan y los genes migran entre organismos distintos? ¿Son los microorganismos componentes subordinados a sistemas más amplios, o conservan algún tipo de autonomía discernible? (Dupré & O'Malley, 2007; O' Malley, 2014.) En esta misma línea, se puede revisar la postura de Ereshefsky. & Pedroso (2015) en relación con los biofilms bacterianos como un individuo y no, como una comunidad

El laberinto taxonómico: el problema de las especies en bacterias

Esta problemática ontológica se entrelaza de manera inextricable con el desarrollo de un concepto de especie en bacterias, un problema conceptual que pone en tela de juicio la aplicabilidad de los criterios tradicionales de clasificación. La taxonomía, concebida como la disciplina encargada de ordenar y dar sentido a la diversidad biológica, se ve confrontada con la plasticidad genética y las interacciones horizontales que caracterizan al mundo microbiano. La aplicación de criterios basados en la morfología, la reproducción sexual o la ascendencia común, se revela inadecuada para discernir unidades taxonómicas estables y coherentes. La THG, al desafiar la idea de una herencia vertical y al propiciar la adquisición y pérdida constante de genes, desestabiliza la noción misma de una "esencia genética" definitoria para cada especie la cual vimos que es parte central del desarrollo de filogenético propuestos en el desarrollo taxonómico de la actualidad. En este contexto, la pregunta fundamental es: ¿cómo podemos conceptualizar y clasificar la diversidad microbiana de una manera que capture su dinamismo evolutivo y su interconexión ecológica? Dupré & O'Malley (2007) comentan "...el conjunto de evidencias anterior no solo desafía la perspectiva unicelular en la microbiología misma, sino que también plantea cuestiones importantes para la filosofía de la biología, especialmente en relación con cómo los filósofos entienden la individualidad biológica,

las transiciones y los procesos evolutivos, y el concepto de especie”. (Dupré & O'Malley, 2007; O' Malley, 2014).

Un nuevo paradigma: de la competencia a la colaboración

Ante esta complejidad, O'Malley y Dupré (2009) proponen un cambio de paradigma fundamental: en vez de concebir la vida como una propiedad intrínseca a entidades discretas y autónomas, abogan por una perspectiva alternativa centrada en la colaboración y la interdependencia. A través del análisis de un espectro que abarca priones, plásmidos, virus y comunidades microbianas, se cuestiona la aplicabilidad de criterios tradicionales como la autonomía metabólica y la descendencia lineal, sugiriendo que la vida emerge en la intersección dinámica de linajes reproductivos y metabolismos colaborativos. Esta visión desdibuja las fronteras entre lo vivo y lo no vivo, y nos invita a repensar la unidad de selección, desplazándola del individuo aislado hacia entramados simbióticos donde la colaboración se erige como fuerza motriz de la organización y la evolución biológica. Este cambio de enfoque requiere una reevaluación de los principios fundacionales de la teoría evolutiva, tradicionalmente centrada en la competencia y el éxito individual (Dupré & O'Malley, 2009; O' Malley, 2014).

10.4 Casos de reinterpretación taxonómica de especies bajo nuevos criterios moleculares.

A continuación, mencionaré tres casos, en otros taxas diferentes a las bacterias, para observar el efecto que pueden tener los criterios taxonómicos al momento de clasificar y definir especies. Presentaré los casos de la filogenia de *Mallomus* (polillas), el resurgimiento del género *Stephanocyclus* (diatomeas), y la reclasificación de las termitas como una familia (Termitidae) dentro del mismo orden (Battodea) donde se encuentran las cucarachas.

La investigación filogenética del género de polillas andinas *Mallomus* (Lepidoptera: Geometridae), descrita en la tesis de Sepúlveda (2015), ilustra las complejidades epistemológicas inherentes a la delimitación de entidades taxonómicas. La controversia en torno a la monofilia del género, la propuesta sinonimia de Malleco y la necesidad de erigir un nuevo género (*Emirzarum*) para albergar a *M. gentili* no solo reflejan las limitaciones de la evidencia morfológica tradicional (análisis de órganos reproductores), sino también la tensión entre la estabilidad de las categorías taxonómicas

y la constante revisión a la luz de datos moleculares. La llamada a realizar análisis más profundos con datos moleculares debido a la ausencia de un dato morfológico, no solo apunta a una mejor resolución filogenética, sino que también implica un cambio metodológico fundamental, donde la "realidad" de las relaciones evolutivas se define cada vez más a través del prisma de la genómica comparada, en este caso, el gen mitocondrial Citocromo Oxidasa I. En este contexto, podemos observar que la taxonomía se revela no como una mera descripción objetiva del mundo natural, sino como un proceso dinámico influenciado por los marcos teóricos y las tecnologías disponibles (Sepúlveda, 2015).

Por otro lado, podemos observar el resurgimiento del género de diatomeas *Stephanocyclus* (Coscinodiscophyceae: Stephanodiscaceae), sustentado en la convergencia de datos moleculares (18S rDNA y parte del plastidial rbcL) y morfológicos, ejemplificando así, las tensiones propias de la práctica taxonómica y la construcción de jerarquías filogenéticas. La propuesta de rehabilitar un género previamente relegado al olvido, *Stephanocyclus*, y la consiguiente transferencia de especies desde el género *Cyclotella* (específicamente *Cyclotella cryptica*, *C. gamma* y *C. meneghiniana*) no solo pone de manifiesto el carácter revisable y provisorio de las clasificaciones biológicas, sino que también evidencia cómo la elección de criterios (moleculares y morfológicos) influye en la delimitación de los géneros. La constatación de que *Cyclotella* resulta ser no monofilético, a la luz de esta nueva evidencia, subraya la complejidad de conciliar las categorías taxonómicas con las relaciones evolutivas reales, planteando interrogantes sobre la naturaleza de las especies y la estabilidad de los sistemas de clasificación en la era de la genómica comparada. La proposición de nuevas combinaciones, como *Stephanocyclus cryptica*, *Stephanocyclus gamma* y *Stephanocyclus meneghiniana*, es un acto performativo que materializa la modificación de nuestra comprensión del mundo natural y las relaciones entre sus componentes (Kulikovskiy et al., 2022)

Otro caso donde podemos observar cambios taxonómicos de ciertos grupos de seres vivos es en el realizado por Inward et al. (2007), donde analizan filogenéticamente a través de la utilización de cinco muestras moleculares; dos mitocondriales (12S y Citocromo Oxidasa II) y tres nucleares (28S, 18S e Histona 3), de que las termitas son, en realidad, cucarachas eusociales y no un orden separado (Isoptera) dentro de los Dictyoptera. La investigación, ilustra de manera paradigmática la naturaleza dinámica y, a veces, contraintuitiva de la clasificación biológica y como se ve afectada por el uso de nuevas técnicas y criterios de clasificación (caracteres moleculares). Este hallazgo, que

propone reclasificar a las termitas como una familia (Termitidae) dentro del orden Blattodea (cucarachas), subraya la importancia de los datos moleculares en la revisión y refinamiento de las hipótesis filogenéticas basadas tradicionalmente en la morfología y abre la discusión sobre los valores no epistémicos que puedan estar en juego al momento de seleccionar dichos criterios. La identificación de *Cryptocercus*, una cucaracha de la madera, como el grupo hermano de las termitas, arroja luz sobre la trayectoria evolutiva que condujo a la eusociabilidad en estos insectos, un camino distinto al seguido por los Hymenoptera (hormigas, abejas, avispas), evidenciando así la convergencia evolutiva en la búsqueda de soluciones adaptativas a desafíos ecológicos similares.

En conjunto, estos casos de reinterpretación taxonómica, que abarcan desde diatomeas hasta polillas y termitas, evidencian la creciente influencia de los atributos genéticos en la clasificación taxonómica y su profundo impacto en la definición y comprensión de las especies biológicas. La convergencia de la evidencia molecular, particularmente a través del análisis de genes mitocondriales y nucleares, no solo ha permitido resolver controversias filogenéticas y redefinir los límites entre géneros y familias, sino que también ha desafiado las concepciones tradicionales basadas en la morfología y la ecología. Estos cambios taxonómicos, ejemplificados por el resurgimiento de *Stephanocyclus*, la reconfiguración de *Mallomus* y la inclusión de las termitas dentro de Blattodea, subrayan la naturaleza dinámica y revisable de las clasificaciones biológicas, así como la primacía que ha adquirido la información genética en la construcción de hipótesis filogenéticas más robustas y precisas. La creciente dependencia de datos moleculares en la taxonomía moderna no solo refleja el avance tecnológico, sino que también implica un cambio metodológico fundamental, donde la "realidad" de las relaciones evolutivas se define cada vez más a través del prisma de la genómica comparada, con consecuencias directas en la comprensión de los procesos de especiación y diversificación biológica. Esta nueva mirada, sin embargo, también nos invita a reflexionar sobre los valores no-epistémicos que pueden influir en la selección de estos criterios genéticos y sobre la necesidad de un enfoque integrador que combine la evidencia molecular con otros tipos de datos, reconociendo la complejidad y la multidimensionalidad del mundo natural.

10.5 La complejidad multidimensional del problema del concepto de especie biológico.

En el ámbito de la filosofía de la ciencia, la tensión entre las concepciones esencialistas y pluralistas sobre las categorías científicas se manifiesta en un debate

fundamental: ¿reflejan las clases naturales una estructura inherente al mundo, independiente de la mente humana, o son, en cambio, construcciones sociales y epistémicas, moldeadas por nuestros intereses y prácticas científicas? Esta dicotomía la podemos ver a través de dos enfoques contrastantes: uno centrado en la referencia directa y la designación rígida, arraigado en la filosofía del lenguaje, y otro enfocado en la funcionalidad y el valor explicativo de las categorías dentro de la práctica científica real (Crane, 2021), en esta tesis, hemos abordado de manera principal la dimensión epistemológica sin desconocer esta área del problema vinculada a la filosofía del lenguaje.

La exploración de esta tensión revela que la búsqueda de una teoría de referencia directa universal para las categorías científicas puede ser un objetivo inalcanzable, debido al carácter relacional y contextualmente dependiente de muchas clasificaciones científicas, desafiando así la noción de una correspondencia unívoca entre términos científicos y entidades ontológicas fijas y preexistentes.

La persistente problemática en torno al concepto de especie, rastreable desde Aristóteles hasta las formulaciones contemporáneas, refleja la complejidad inherente a la clasificación de la diversidad biológica y destaca las limitaciones de imponer categorías rígidas a un mundo natural intrínsecamente dinámico y evolutivo. A pesar de los avances empíricos y tecnológicos, la multiplicidad de formas de vida y la naturaleza maleable de sus características biológicas resisten la formulación de un concepto de especie universalmente aceptado, como evidencia la proliferación de enfoques, catalogados exhaustivamente por Mayden (1997) y otros, que enfatizan, de forma irreconciliable, propiedades específicas como la incompatibilidad reproductiva, las diferencias ecológicas, la monofilia, la morfología o la genética. Esta tensión es exacerbada por la comprensión de la evolución como un proceso gradual que desafía la noción de discontinuidad entre especies, impulsando redefiniciones poblacionales donde la dificultad de delimitar variedades y especies sugiere que estas no son entidades objetivas, sino agrupaciones convencionales construidas sobre similitudes compartidas, una decisión metodológica influenciada por el contexto de investigación y los objetivos específicos del estudio que, en última instancia, refuerza la necesidad de un enfoque flexible y adaptativo en la clasificación biológica que reconozca la naturaleza, genética, fenotípica y evolutiva de la vida, en contextos ambientales y de investigaciones científicas con sus propios interés no-epistémicos.

11. Bibliografía

Attenborough, R. (2015): 'What are species and why does it matter? Anopheline taxonomy and the transmisión of malaria', in: Behie, A.M. & Oxenham, M.F. (Eds): *Taxonomic Tapestries: The Threads of Evolutionary, Behavioural and Conservation Research*, Canberra: ANU Press, pp. 129-151.

Audureau, A. (1940). Etude du genre *Moraxella*. *Ann. Inst. Pasteur* 64:126– 166.

Beijerinck, M. (1911). Pigmenten als oxydatieproducten gevormd door bacterien. *Versl. Koninklijke Akad. Wetensch. Amsterdam* 19:1092–1103.

Bergogne-Berezin, E., & K.J. Towner (1996) *Acinetobacter* spp. as Nosocomial Pathogens: Microbiological, Clinical, and Epidemiological Features. *Clinical Microbiology Reviews*, Vol. 9, No. 2, p. 148–165.

Blanc DS. (2004). The use of molecular typing for epidemiological surveillance and investigation of endemic nosocomial infections. *Infect Genet Evol.* 2004;4:193-7.

Boyd, Richard (1984). The current status of scientific realism. En Jarret Leplin (Ed), *Scientific Realims* (pp. 41-82). Berkeley: University of California Press.

Boyd, R. (1999) "Homeostasis, Species, and Higher Taxa", en Wilson, R. (ed.), *Species. New Interdisciplinary Essays*. The MIT Press: Cambridge, Mass,

Brisou, J. (1953). Essay on the system of the genus *Achromobacter*. *Ann. Inst. Pasteur (Paris)* 84:812–814
Juni, E. 1972. Interspecies transformation of *Acinetobacter*: genetic evidence evidence for a ubiquitous genus. *J. Bacteriol.* 112:917–931.

Brisou, J., and Prevot, A.R. (1954) "Etudes de systematique bacterienne. X. Revision des especes reunies dans le genre *Achromobacter*." *Annales de l'Institut Pasteur (Paris)* (1954) 86:722-728.

Bull, A. & Stach, J. (2004) An overview of biodiversity? Estimating the scale. In microbial diversity and bioprospecting (ed Bull, A.T) pp. 15-28 ASM Press Washinton, D.C.

Busse, J. and Auling, G. (1988) Polyamine pattern as a chemotaxonomic marker within Proteobacteria. *Syst. Appl. Microbiol.* 11 1-8.

Cracraft, J., (1983), “Species concepts and speciation analysis”, R.F. Johnson, ed., *Current Ornithology*, New York, Plenum Press, 159-87 p. 170.

Crane, J.K. (2021) Two approaches to natural kinds. *Synthese* **199**, 12177–12198. <https://doi.org/10.1007/s11229-021-03328-9>.

Colwell, R.R., Clayton, R.A., Ortiz-Conde, B.A., Jacobs, D. and Russek-Cohen, E. (1995) The microbial species concept and biodiversity. In: *Microbial diversity and Ecosystem Function*. Pp. 3-15. CAB International, Oxon.

Cohan, F. (2002) What are bacterial species? *Annu. Rev. Microbiol.* 2002. 56:457 -87.

Cowan, S.T. (1965) Principles and practice of bacterial taxonomy – a forward look. *J. Gen. Microbiobiol.* 39, 148-159.

D’Amato, E.E. Taylor, R.H., Blannon, J.C. and Reasoner, D.J. (1991) Sustrate profile system for the identification of bacteria and yeast by rapud and automated approaches. In: *Manual of Clinical Microbiology* (Balows A., Hausler, W.J.J.

DeBord, G. (1939). Organisms invalidating the diagnosis of gonorrhoeae by the smear method *J. Bacteriol.* 38:119–120.

Dobzhansky, Theodosius (1937). *Genetics and the Origin of Species* (Columbia Univ. Press, New York, ; 2nd Ed., 1941; 3rd Ed., 1951.

DeBord, G. (1942). Descriptions of Mimeae trib. nov. with three genera and three species and two new species of Neisseria from conjunctivitis and vaginitis. *Iowa State Coll. J. Sci.* 16:471–480.

de Queiroz, Kevin. (2008) *Species Concepts and Species Delimitation*. *Systematic Biology* 56(6):879-86.

Diéguez, Antonio (2010) *Filosofía de la Ciencia*. España Editorial Biblioteca Nueva. Segunda Ed. pp 334.

Dupré, J. (1981). Natural Kinds and Biological Taxa. *The Philosophical Review*, 90(1), 66–90. <https://doi.org/10.2307/2184373>. Hermann, K.L., Isenberg, H.D. and Shadomy, H.J., Eds.), pp. 128-136.

Dupré, J., & O'Malley M. (2007). Size doesn't matter: towards a more inclusive philosophy of biology. *Biology and Philosophy* (2007) 22:155–191.

Dupré, J., & O'Malley M. (2009) *Varieties of Living Things: Life at the Intersection of Lineage and Metabolism*. *Philos Theor Biol* (2009) 1:e003.

Ereshefsky, Marc. (2001). *The Poverty of the Linnaean Hierarchy: A Philosophical Study of Biological Taxonomy*. Cambridge University Press. pp.316.

Ereshefsky, M., & Reydon, T. A. C. (2015). Scientific kinds. *Philosophical Studies*, 172 (4), 969-986.

Ereshefsky, M., & Reydon, T. (2022). How to Incorporate Non-Epistemic Values into a Theory of Classification. *European Journal for Philosophy of Science* (2022) 12: 4.

Ereshefsky M., & Pedroso M. (2015). Rethinking evolutionary individuality. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 112, 10126–10132.

Fernández, F., L. and Hernández, A. (2013) Técnicas de tipificación molecular para la vigilancia y control de la infección. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*. Vol. 31. p 20-25.

Feyerabend, Paul K. (1986) *Tratado contra el método. Esquema de una teoría anarquista del conocimiento*, Ed. Tecnos. pp 314.

Foley SL, Lynne AM, Nayak R. (2009). Molecular typing methodologies for microbial source tracking and epidemiological investigations of Gram-negative bacterial foodborne pathogens. *Infect Genet Evol.* 2009;9:430-40.

Fine, Arthur (1984). The Natural ontological attitude. En Jarret Leplin (Ed), *Scientific Realms* (pp. 61 -77). Berkeley: University of California Press.

Frankham, R., Ballou, J. D., Dudash, M. R., et al. (2012). Implications of different species concepts for conserving biodiversity. *Biological Conservation*, 153, 25–31.

Gerner-Smidt, P. (1987). Endemic occurrence of *Acinetobacter calcoaceticus* biovar *anitratus* in an intensive care unit. *J. Hosp. Infect.* 10:265–272

Goodfellow, M., Manfio, G.P. and Chun, J. (1997) Towards a practical species concept for cultivable bacteria. In: *Species: the Units of Biodiversity* (Claridge, M.F. and Dawah, H.A., Eds), pp 25-59

Goodfellow, M. & O' Donnell, A.G. (1993) Roots of bacterial systematics. In: *Handbook of New bacterial Systematics* (Goodfellow, M. and O'Donnell, A.G.,Eds), pp3-54 Academic Press Ltd., London

Gordon, R.E. (1978) A species definition. *Int. J.Syst. Bacteriol.*28, 605-607.

Hacking, Ian (1996) *Representar e intervenir*. México, Editorial Paidós Primera Edición, pp 321.

Halachev MR, Chan JZ-M, Constantinidou CI et al (2014) Genomic epidemiology of protected hospital outbreak caused by multidrug-resistant *Acinetobacter baumannii* in Birmingham, England. *Genome Med.* 6(11), 70.

Harding, S. (1998). *The Science and Politics of Women's Health: Group Politics and the Politics of Knowledge.* The University of Chicago Press.

Henriksen, S. D. (1973). *Moraxella, Acinetobacter, and the Mimeae.* *Bacteriol. Rev.* 37:522–561.

Hennig, W., (1966), *Phylogenetic systematics,* Urbana, University of Illinois Press.
Laporte, J.

Hey, Jody (2001). The mind of the species problem. *Trends in Ecology & Evolution.* Vol. 16. Issue 7 pp 326-329

Hull, D. (1976) Are species individuals? *Syst Zool* 25:174–191.

Hull, D. (1980) Individuality and selection. *Ann Rev Eco Syst* 11:311–332.

Hull, D.L (1997) The ideal species concept-and why we can't get it. In: *Species: the units of biodiversity* (Claridge, M.F., Dawah, H.A. and Wilson, M.R Eds), pp.357-380. Chapman and Hall, London.

Inward, D., George Beccaloni, G., & Paul Eggleton. P. (2007). Death of an order: a comprehensive molecular phylogenetic study confirms that termites are eusocial cockroaches. *Biol. Lett.* (2007) 3, 331–335

Kanamori H., Parobeck CM, Weber DJ (2015) Next-generation sequencing and comparative analysis of sequential outbreaks caused by multidrug-resistant *Acinetobacter baumannii* at a large academic burn center. *Antimicrob. Agents Chemother.* 60(3), 1249-1257

Kitcher, Phillips (1993). *The advancement of science.* Oxford: Oxford University Press.

- Kitcher, P Phillips (2001). *Science, Truth, and Democracy*. Oxford University Press.
- Kulikovskiy, M., Genkal, S., Maltsev, Y., Glushchenko, A., Kuznetsova, I., Kapsutin, D., Gusev, E., Martynenko, N. and Kociolek, J.P. (2022) Resurrection of the diatom genus *Stephanocyclus* (Coscinodiscophyceae: Stephanodiscaceae) on the basis of an integrated molecular and morphological approach *Fottea, Olomouc* 22(2): 181–191
- Maxim K., Genkal, S., Maltsev, Y., Glushchenko, A., Kuznetsova1, I., Kapustin, D., Gusev E., Martynenko N., & Kociolek J. (2022) Resurrection of the diatom genus *Stephanocyclus* (Coscinodiscophyceae: Stephanodiscaceae) on the basis of an integrated molecular and morphological approach. *Fottea, Olomouc, 22(2): 181–191, 2022*
- Laudan, L. (1981). *Science and Values: The Aims of Science and Their Role in Scientific Debate*. University of California Press.
- Laudan, L. (1984). Realism Without Reduction. In R. S. Cohen & L. Laudan (Eds.), *Physics, Philosophy and Psychoanalysis: Essays in Honor of Adolf Grünbaum*. Springer, 83-99.
- Lemoigne, M., H. Girard, and G. Jacobelli. (1952). Soil bacteria easily utilizing 2-3, butanediol. *Ann. Inst. Pasteur (Paris)* 82:389–398.
- Lessel, E. F. 1971. Minutes of the Subcommittee on the Taxonomy of *Moraxella* and Allied Bacteria. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 21:213–214.
- Logan, N.A (1994) *Microbial Cultures and Natural Populations*, Blackwell Scientific Publication, London.
- Longino, Helen. (1990). *Science as Social Knowledge: Values and Objectivity in Scientific Inquiry*. Princeton University Press.
- Ludwing, W., Trun, O., Klugbauser, S., Klugbauer, N., Weizenegger, M., Neumaier, J., Bachleitner, M. and Schleifer, K-H (1998) Bacterial phylogeny base don comparative sequence análisis. *Electrophoresis* 19, 554-568

Ludwing, W., & Schleifer, K-H (1999) Phylogeny of Bacteria Beyond the 16S rRNA estándar. *ASM News* 65, 752-757.

Mallet, M (1995) A species definition for the modern synthesis. *Trends Ecol. Evo.* 10, 294-299.

Mannheim, W., and W. Stenzel. (1962). Zur Systematik der obligat aeroben gram-negativen Diplobakterien des Menschen. *Zentralbl. Bakteriol.* 198: 55–83.

Mayr, E. (1940). Speciation phenomena in birds. *American Naturalist*, 74, 249–278.

Mayr, E., (1949), “Speciation and systematics”, in G.L Jepsen, G. G Simpson, and E. Mayr, eds., *Genetics, paleontology, and evolution*, Princeton, Princeton University Press.

Mayr, E. (1982). *The growth of biological thought: Evolution, diversity, and inheritance.* Cambridge,

Mayden, R.L. (1997) A hierarchy of species concepts: the denouement in the saga of the species problema. In: *Species: the Units of Biodiversity* (Claridge, M.F., Dawah, H.A. and Wilson, M.R Eds), pp.381-424. Chapman and Hall, London.

Maclaurin, J. & Sterelny, K., (2008). *What is Biodiversity?.* University of Chicago Press. pp224

O'Malley, Maurren (2014). *Philosophy of microbiology.* Cambridge University Press. pp269

Oreskes, N. & Conway, M. (2010) *Mercaderes de la duda: Cómo un puñado de científicos oscureció la verdad sobre cuestiones que van desde el humo del tabaco hasta el calentamiento global.* Prensa de Bloomsbury (2010)

Piechaud, D., M. Piechaud, and L. Second. (1951). Etude de 26 souches de *Moraxella iwoffi*. *Ann. Inst. Pasteur* 80:97–99.

Putnam, Hilary (1975). *Mathematics, matter and method*. Vol. 1 of *Philosophical Papers*. Cambridge: Cambridge University Press.

Rafei R, Kempf M, Eveillard M, Dabboussi F, Hamze M, Joly Guillou M-L (2014) Current molecular methods in epidemiological typing of *Acinetobacter baumannii*. *Fut. Microbiol.* 9(10), 1179-1194

Rosello-Mora, R., & Amann, R. (2001) The species concept for prokaryotes. *FEMS Microbiology Reviews* 25 39-67.

Schaub, I. G., and F. D. Hauber.(1948). A biochemical and serological study of a group of identical unidentifiable gram-negative bacilli from human sources. *J. Bacteriol.* 56:379–385.

Schlegel, H.G. (1999) Vol 28. *Deutsche Akademie der Naturforscher Leopoldina, Halle*.

Schlegel, H.G and Kohler, W (1999) *Bacteriology paved the way to cell biology: a historical account*. In: *Biology of the prokaryotes* (Lengele, J.W. Drews, G. and Schlegel H.G Eds) Thieme, Stuttgart.

Schleifer, K.-H and Kandler, O. (1972). Peptidoglycan types of bacterial cell walls and their taxonomic implications. *Bacteriol. Rev.* 36 143-187.

Sepúlveda, E. (2015). *Filogenia del género Mallomus Blanchard, 1852 (Lepidoptera; Geometridae)* Tesis de magister, Universidad de Concepción, p51.

Singh A, Goering RV, Simjee S, Foley SL, Zervos MJ (2006). Application of molecular techniques to the study of hospital infection. *Clin Microbiol Rev.* 2006; 19:512-30.

Skerman, V. B. D., V. McGowan, and P. H. A. Sneath. (1980). Approved list of bacterial names. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 30:225–420.

Sneath P., & Sokal R. (1973). Numerical taxonomy: The principles and practice of numerical classification. San Francisco: Freeman

Stackebrandt, E. & Goebel, B.M. (1994). Taxonomic note: a place for DNA-DNA reassociation and 16S rRNA sequence analysis in the present species definition in Bacteriology. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 44, 846-849

Stackebrandt, E. (2006). Defining taxonomic ranks. In M. Dworkin (Ed.), *Prokaryotes: A handbook on the biology of bacteria* (Vol. 1, pp. 29–57). New York: Springer.

Staley, J.T. and Krieg, N.R. (1989) Classification of procaryotic organisms: an overview. In: *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*, Vo. 4 (Williams, S.T., Sharpe, M.E, and Holt, J.G., Eds) pp2299-2302 Williams and Wilkins, Baltimore, MD.

Sougakoff W. (2011). Molecular epidemiology of multidrug-resistant strains of *Mycobacterium tuberculosis*. *Clin Microbiol Infect.* 2011;17:800-5.

Sokal, R. R., and Crovello, T. (1970). The biological species concept: A critical evaluation. *Am. Nat.* 104:127–153.

Suarez, Mauricio.(2019). *filosofía de la Ciencia: Historia y práctica*. España. Editorial Tecnos, pp 224 .

Suzuki, K., Goodfellow, M. and O' Donnell, A.G. (1993) Cell envelopes and classification. In: *Handbook of New Bacterial Systematics* (Goodfellow, M. and O'Donnell, A.G., Eds), pp. 195-250. Academic Press Ltd.London.

Tamaoka, J. (1994) Determination of ADN base composition. In: *Chemical Methods in Prokaryotic Systematics*, pp 463-469.

Torres, Julio, (2020) Código de barras de ADN: Problemas conceptuales de una analogía científica. Vol. 40. Núm. 2 Análisis Filosófico, SADAF.

van Frassen, Bas C (1980). *Laws and symmetry*. Oxford: Clarendon Press Wary, K. Brad (2015). Pessimistic inductions: Four varieties. *International studies in the philosophy of science*, 1(29), 67-73

Van Regenmortel, M.H.V. (1997) Viral species. In: *Species: the Units of biodiversity* (Claridge, M.F. and Dawah, H.A. Eds), pp. 17-24

Van Niel, C. & Allen, M. (1952) A note on *Pseudomonas stutzeri*. *J. Bacteriol.* 64, 413-422-

Vandamme, P., Pot, B., Gillis, M., De Vos, P. and Swings, J. (1996) Polyphasic taxonomy, a consensus approach to bacterial systematics. *Microbiol. Rev.* 60, 407-438.

Vázquez JA, Berrón S. (2004) Multilocus sequence typing: el marcador molecular de la era de Internet. *Enferm Infecc Microbiol Clin.* 2004;22:113-20.

Villuendas, Mario. (2019) Una discusión en torno a los límites del concepto especie. *Revista de Humanidades de Valparaíso*, 2019, No 14, 241-273

von Lingelsheim, W. (1908). Beitrage zur Epidemiologie der epidemischen Genickstarre nach den Ergebnissen der letzten Jahre. *Z. Hyg. Infektkrankh.* 59:457–460

Wang, J., Ruan, Z., Feng, Y., Fu, Y., Jiang, Y., Wang, H. & Yu, Yunsong (2014). Species distribution of clinical *Acinetobacter* isolates revealed by different identification techniques. *Plos One*. Vol 9. E104882

Wayne, L.G. et al (1987) Report of the Ad Hoc Committee on reconciliation of approaches to bacterial systematics. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 37, 463-464

Weiner, Johnathan (2002). *El pico del pinzon. Una historia de la evolución de nuestros días*. Galaxia Gutenberg, S.L. p 529.

Wray, K. Brad (2015). Pessimistic inductions: Four varieties. *International studies in the philosophy of science*, 1(29), 67-73

Woese, C.R. (1992) Prokaryote systematics: the evolution of a science. In: The prokaryote. Second Edition, Vol. 1 (Balows, A., Trüper, H.G., Dworkin, M., Harder, W. and Schleifer, K-H Eds.), pp3-18. Springer-Verlag, Berlin.

Zachos, F. E., Apollonio, M., Bärmann, E. V., et al. (2013). Species inflation and taxonomic artefacts—A critical comment on recent trends in mammalian classification. *Mammalian Biology*, 78, 1–6.