

1. PROPUESTA DE UN NUEVO SISTEMA DE NOMENCLATURA  
PARA LA SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA I

NELSON PAPAVERO<sup>1,3</sup>  
JORGE LLORENTE-BOUSQUETS<sup>2</sup>  
JAIR MINORO ABE<sup>3</sup>

---

<sup>1</sup> *Museu de Zoologia, Universidade de São Paulo, Caixa Postal 7172-CEP 01064, São Paulo, Brasil*

<sup>2</sup> *Museo de Zoología "Alfonso L. Herrera" (MZFC), Facultad de Ciencias, UNAM, Departamento de Biología, Ciudad Universitaria, Apartado Postal 70-399, México 04510, D.F.*

<sup>3</sup> *Instituto de Estudos Avançados, Universidade de São Paulo. Av. Luciano Gualberto, Travessa J. 374 05508 São Paulo, Brasil.*



## RESUMEN

Se describe un nuevo sistema nomenclatural que, sin crear nombres nuevos, permite denominar a todas las especies y todos los subconjuntos propios de un sistema filogenético. Como resulta isomórfico al sistema filogenético, permite recuperar, a través de la clasificación, la filogenia. Se basa en el principio de la prioridad absoluta de nombres, y, análogamente, en la teoría de la Sistemática Filogenética de Hennig. Los taxones se distinguen por poseer heterobatmia nominal, o sea, A y B son distintos si A posee un autaponomástico y B también; para indicar que A y B son monofiléticos, se elige el nombre que tiene prioridad, y se agrega un índice numérico negativo, que funciona como sinaponomástico; el sinaponomástico así formado es, automáticamente, el autaponomástico de la especie antecesora inmediata. El sistema continúa hasta que se llegue a la especie antecesora de todo el grupo monofilético.

Palabras Clave: Nomenclatura, sistemática filogenética, heterobatmia nominal, autaponomástico, autaponomasia, sinaponomástico, sinaponomasia, ley de prioridad.

## ABSTRACT

A new system of nomenclature for phylogenetic systematics is proposed, in which, without ever creating new names, all the species and all the proper subsets of a phylogenetic system are named. As the nomenclatural system becomes isomorphic with the phylogenetic system, the classifications retrieves all the phylogenetic information, in the same order. It is based on the principle of absolute priority of names and, analogously, on Hennig's theory of Phylogenetic Systematics. Two taxa, A and B, are distinct if they possess nominal heterobathmy, *i.e.*, if A possesses an autaponomastic and B possesses another; monophyly of A and B is indicated by the possession of a synaponomastic, which is formed by taking the name which has priority, adding a negative index: the synaponomastic of A and B will be automatically the autaponomastic of the immediate ancestral species of A and B. The process goes on until the species ancestral to the entire group is named.

Key Words: Nomenclature, phylogenetic systematics, nominal heterobathmy, autaponomastic, autaponomasia, synaponomastic, synaponomasia, law of priority.



Existen métodos pero el mundo está inexplorado;  
 existen nombres pero no hay naturaleza en las palabras;  
 innominada es ciertamente la fuente de la creación;  
 pero las cosas tienen una madre y ella tiene un nombre.

El secreto espera a la agudeza del ingenio  
 de mentes despejadas de la vehemencia;  
 aquellos que están resueltos por el deseo  
 sólo ven la forma externa.

*Esos dos vienen pareados pero son distintos  
 por sus nombres.  
 De todas las cosas intensas,  
 dígame que su equiparamiento es más profundo,  
 el camino a la raíz del mundo*

Desde la antigüedad hasta ahora,  
 bajo nombres sin fin,  
 lo primero, el principio, está visto.  
 ¿Cómo saber el principio de todo?  
 ¿Cuál será su naturaleza?  
 ¡Por éstos!

**Lao Tzu, Tao te King (Caps. 1 y 21)**

Este sistema es análogo a la teoría de Hennig, sólo se sustituyen las apomorfías por nombres (onomásticos); entonces donde existen autapomorfías se reconocen autaponomásticos y en lugar de emplear sinapomorfías se usan sinaponomásticos. El uso de estos términos se basa en los siguientes requisitos y condiciones que se demandan a la clasificación biológica: 1. producir el menor número de nombres nuevos, 2. nombrar todos los linajes componentes de una filogenia, 3. conseguir un isomorfismo de orden entre el inf-reticulado que representa la filogenia y el que debe representar a la nomenclatura, 4. recuperar la información filogenética de la manera más simple con base en el isomorfismo citado (Abe y Papavero, 1991). A través de un ejemplo se puede advertir cómo funciona el sistema aquí propuesto. Pero antes algunos aspectos generales: por definición, dados dos taxones A y B, A y B son distintos si y solo si existe una heterobotmia nominal, esto es, si el taxón A tiene un autaponomástico y el B también. Por convención, para indicar que son monofiléticos, se toma el nombre que tiene prioridad absoluta (año, página, párrafo y línea) y se agrega el subíndice "-1" y ese nombre se atribuye a ambos taxones pasando a constituirse en un sinaponomástico; ahora, como el sinaponomástico es un autaponomástico del antecesor inmediato, el antecesor queda nombrado así.

### **FIGURA 1**

Veamos el ejemplo para aclarar los conceptos: si consideramos la Figura 1, que es la filogenia de los géneros de Erodiscini (Coleoptera, Curculionidae) (Vanin, 1986), puede advertirse que las especies antecesoras de los grupos terminales no tienen nombre.

Para nombrar a los antecesores y mantener la relación de orden -por inclusión- de esa filogenia se utilizan los siguientes procedimientos:

1. Se toma el taxón terminal que tenga el mayor número de elementos antecesores, que en este caso son dos: *Hammatostylus* y *Lancearius*, con cuatro antecesores cada uno.
2. Se consideran a *Hammatostylus* y *Lancearius* como autaponomásticos, respectivamente, de los linajes **L** y **M**; con ello se tiene una heterobotmia nominal entre los linajes (Figura 2).

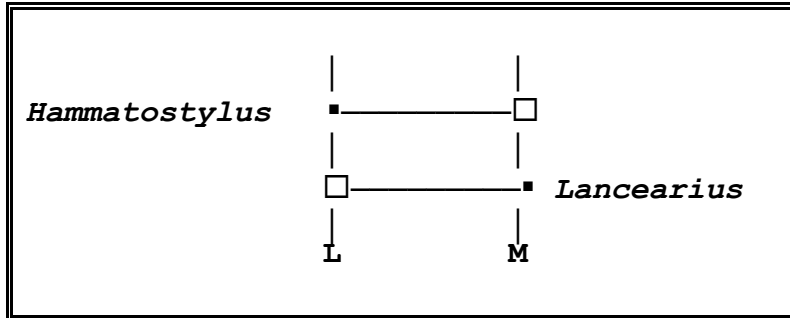


FIGURA 2

3. Se toma el nombre que tiene prioridad, esto es *Hammatostylus* Champion, 1903, le damos el subíndice "-1" y se le considera una "sinaponomasia" de los linajes **L** y **M** (Figura 3). Ahora el sinaponomástico de ambos linajes es el autaponomástico del linaje **K** que es la especie antecesora, de modo análogo a las sinapomorfías que forman caracteres autapomórficos del antecesor inmediato. Así la especie antecesora **K** se denomina con su autaponomástico *Hammatostylus*<sub>-1</sub>. No se necesita crear un nombre nuevo (Figura 4). Adviértase que el nombre para el antecesor conserva el nombre del autor y los datos de fecha que el nombre de origen.

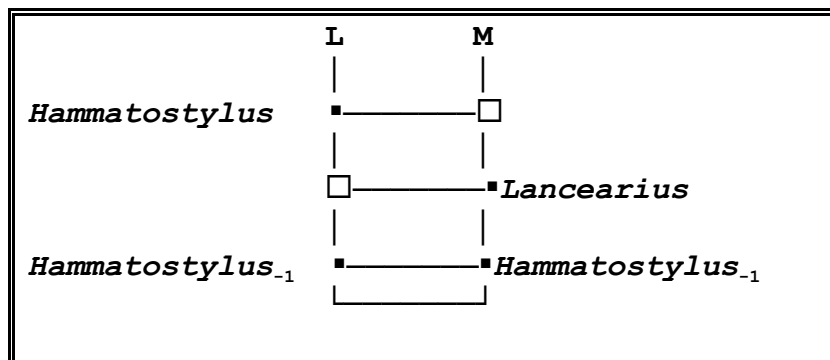
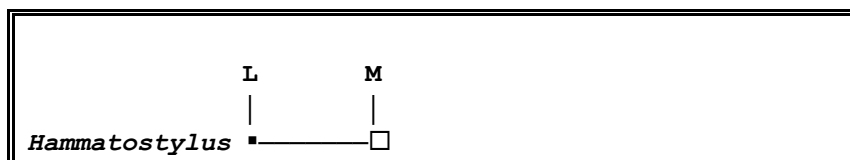


FIGURA 3



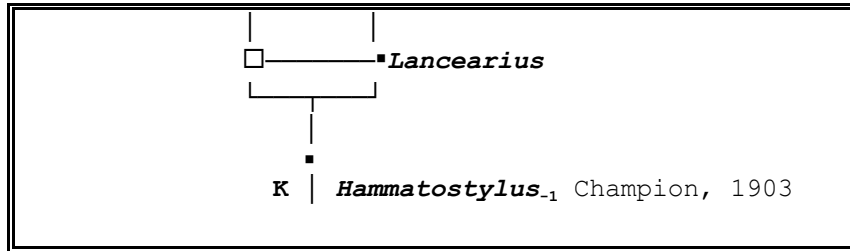


FIGURA 4

4. Este procedimiento se continúa sucesivamente; en consecuencia se tienen en la figura 5 los linajes hermanos **K** (*Hammatostylus*<sub>-1</sub>) y **J** (*Ludovix*). Se toma el nombre con prioridad, que en este caso es *Ludovix* Laporte, 1840, dándole el subíndice inferior siguiente, que es "-1" para transformarlo en un sinaponomástico e igualmente será el autaponomástico de la especie antecesora de *Ludovix* y *Hammatostylus*<sub>-1</sub>, esto es *Ludovix*<sub>-1</sub> que denomina al linaje **I** sin crear un nombre nuevo (Figura 6).

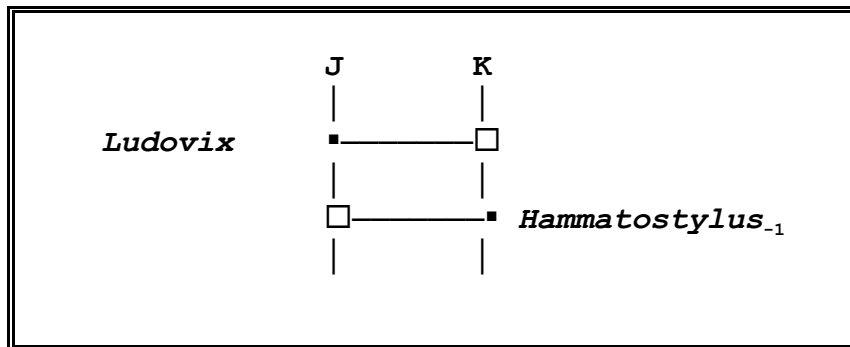


FIGURA 5

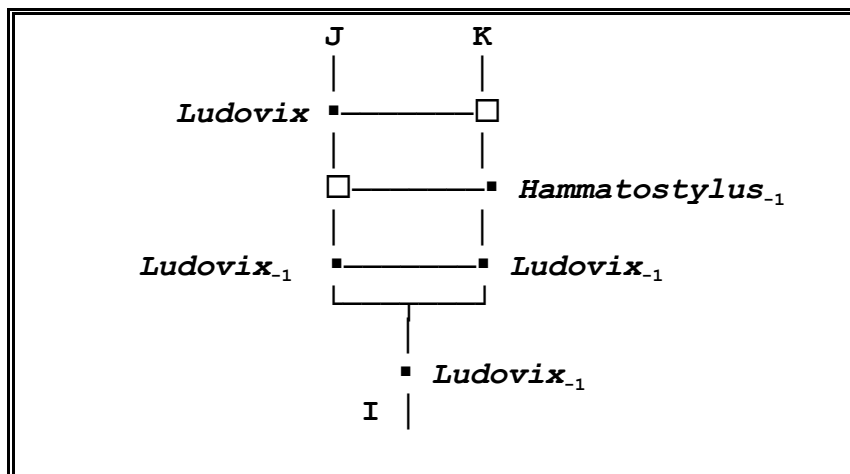


FIGURA 6



5. Consecutivamente los linajes **H** e **I** presentan heterobatmia (Figura 7), *Ludovix*<sub>1</sub> Laporte, 1840 tiene prioridad sobre *Prosicoderus* Vanin, 1986, por lo cual el sinaponomástico de ambos y autaponomástico de **C** es *Ludovix*<sub>2</sub> Laporte, 1840 (Figura 8).

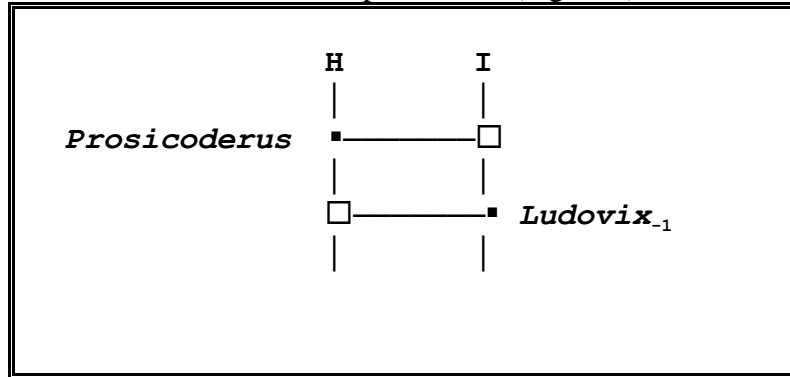


FIGURA 7

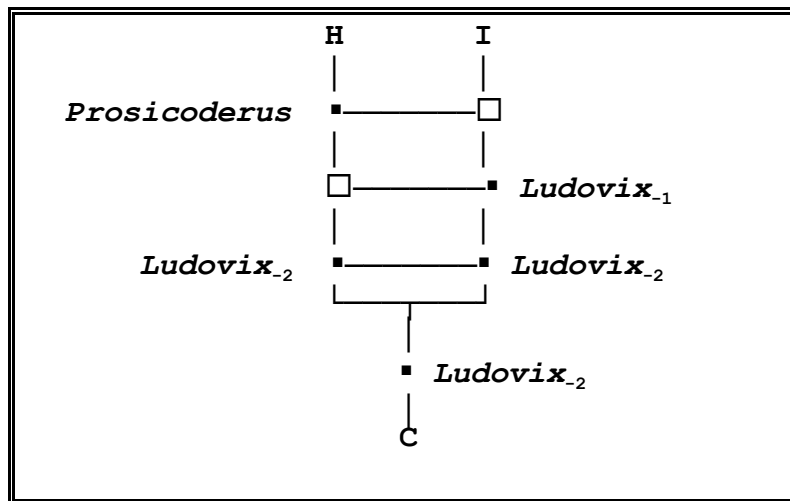


FIGURA 8

6. Para continuar requerimos conocer el autaponomástico de **B**; como no lo conocemos, se necesita reiniciar con otro elemento terminal, que en este caso toma el resto del cladograma (linajes **F**, **G**, **D**, **E**, **B**). *Ecnomorhinus* y *Pimelerodius*, con heterobatmia nominal, contienen el mayor número de especies antecesoras y ahora partimos de ellos; pero ambos linajes que denominan (**F** y **G**) poseen nombres dados por el mismo autor en la misma publicación, esto es con la misma fecha, por ende se escoge como sinaponomástico el nombre con prioridad de página, que es *Pimelerodius*, y en consecuencia se denomina a la especie antecesora **E** como *Pimelerodius*<sub>1</sub> (Figura 9). Con ello se asegura la heterobatmia nominal entre **E** y **D** (*Erodiscus* Schoenherr, 1825), donde *Erodiscus* tiene prioridad sobre *Pimelerodius* por lo que *Erodiscus*<sub>1</sub> es su sinaponomástico y en consecuencia la autaponomasia para **B** que es su especie antecesora (*Erodiscus*<sub>1</sub> Schoenherr, 1825), véase la Figura 10.

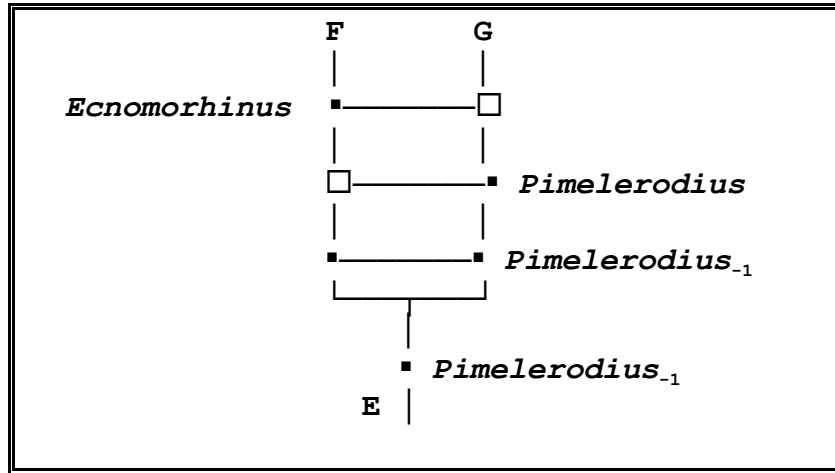


FIGURA 9

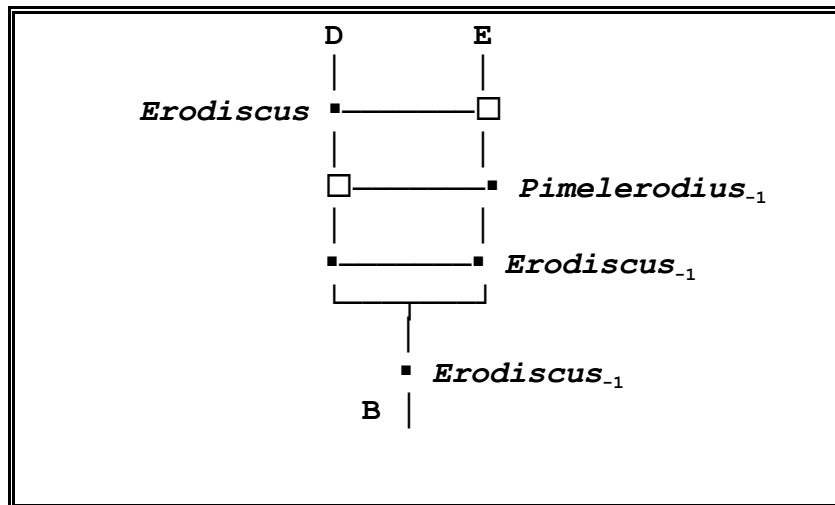
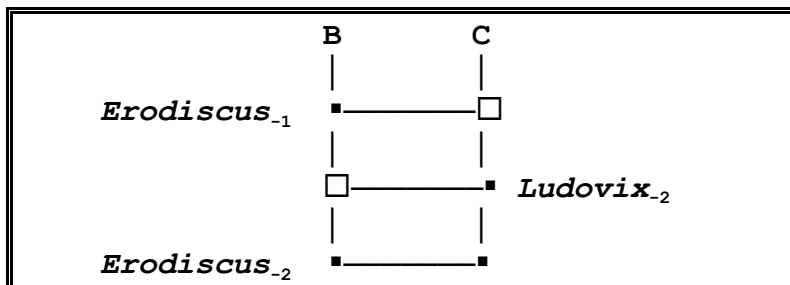


FIGURA 10

7. Finalmente se tiene heterobotmia nominal entre los linajes **B** y **C** y como *Erodiscus*<sub>-1</sub> tiene prioridad sobre *Ludovix*<sub>-2</sub>, su sinapomomástico debe ser *Erodiscus*<sub>-2</sub> y en consecuencia es la autapomomasia de **A**, con lo cual se completa el cladograma (Figura 11).



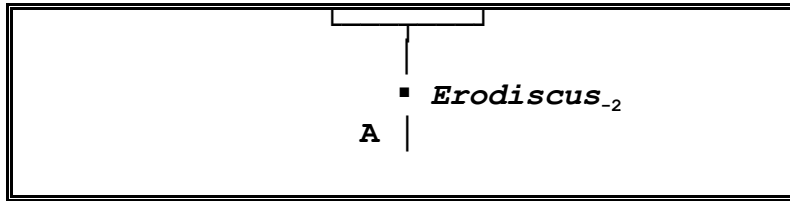


FIGURA 11

La Figura 12 muestra el cladograma completo, con todas las autaponomasias. Adviértase que **F**, **G** y **D** son equivalentes topológicamente al cladograma de la Figura 1.

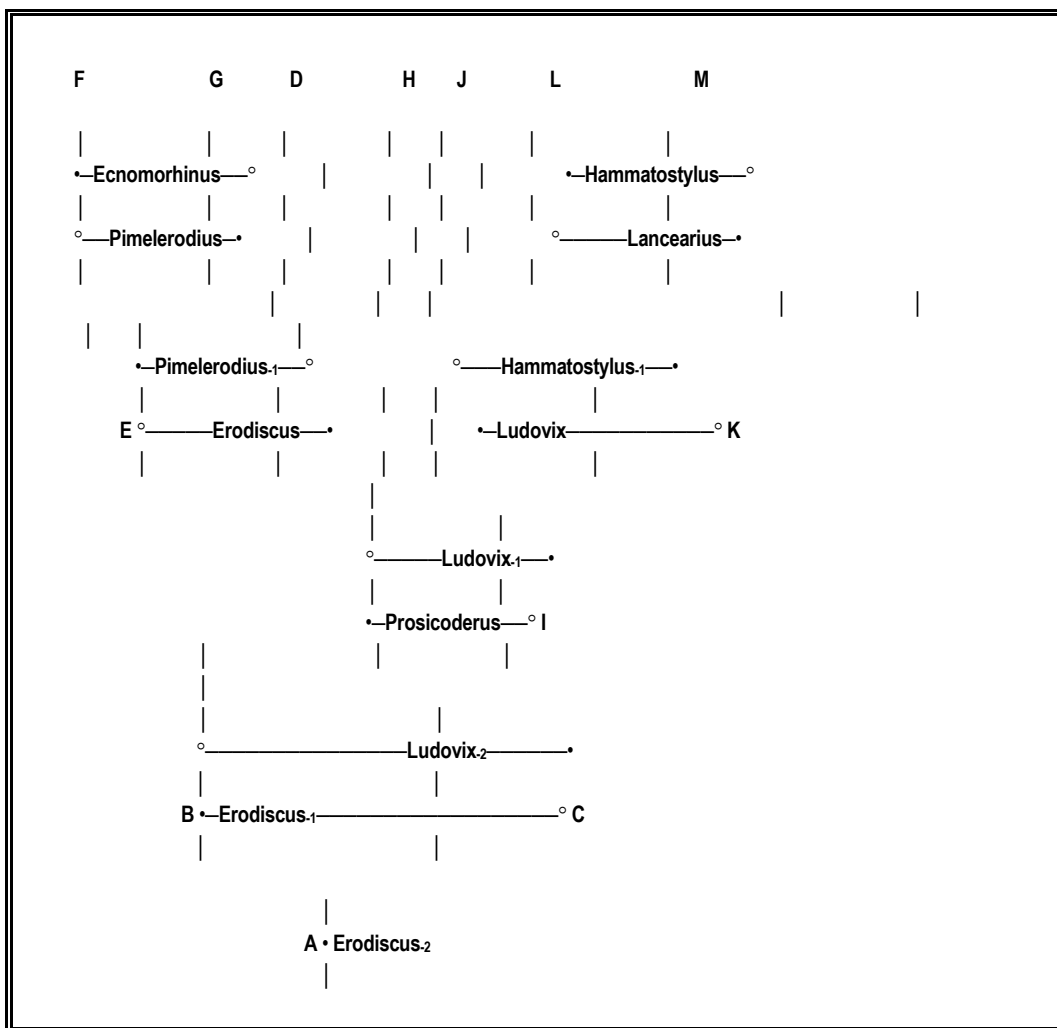


FIGURA 12

En este sistema no se requiere la invención de nombres nuevos; con base en las especies terminales se pueden nombrar las antecesoras de un cladograma propuesto y, además, una ventaja adicional es que, debido al isomorfismo entre nomenclatura y cladograma, la misma información

existente en el dendrograma genealógico (Figura 12) se puede expresar en una clasificación de la siguiente manera:

1. *Erodiscus*.<sub>2</sub> Schoenherr, 1825
2. *Erodiscus*.<sub>1</sub> Schoenherr, 1825: *Ludovix*.<sub>2</sub> Laporte, 1840
3. *Erodiscus* Schoenherr, 1825: *Pimelerodius*.<sub>1</sub> Vanin, 1986
4. *Pimelerodius* Vanin, 1986: *Ecnomorhinus* Vanin, 1986
5. *Ludovix*.<sub>1</sub> Laporte, 1840: *Prosicoderus* Vanin, 1986
6. *Ludovix* Laporte, 1840: *Hammatostylus*.<sub>1</sub> Champion, 1903
7. *Hammatostylus* Champion, 1903: *Lancearius* Vanin, 1986

Por convención, en cada una de las líneas, siempre se cita el nombre del taxón con prioridad absoluta (año, página, párrafo, línea); el símbolo ":" indica que los nombres unidos en una línea pertenecen a linajes hermanos *sensu* Hennig.

La primera línea de la clasificación se refiere al antecesor de todo el grupo. La segunda línea expresa la división primaria del antecesor, se cita en primer lugar el nombre que tiene prioridad y luego el de su grupo hermano; se continúa sucesivamente, siempre tomando el grupo con prioridad onomástica, hasta concluir con todas las especies terminales.

Inversamente se puede recuperar la genealogía del grupo a partir de la clasificación, debido al isomorfismo entre ellas y a la sencillez de las convenciones. Las figuras 13 a 16 muestran paso a paso el proceso de recuperación de las relaciones genealógicas a partir de la clasificación.

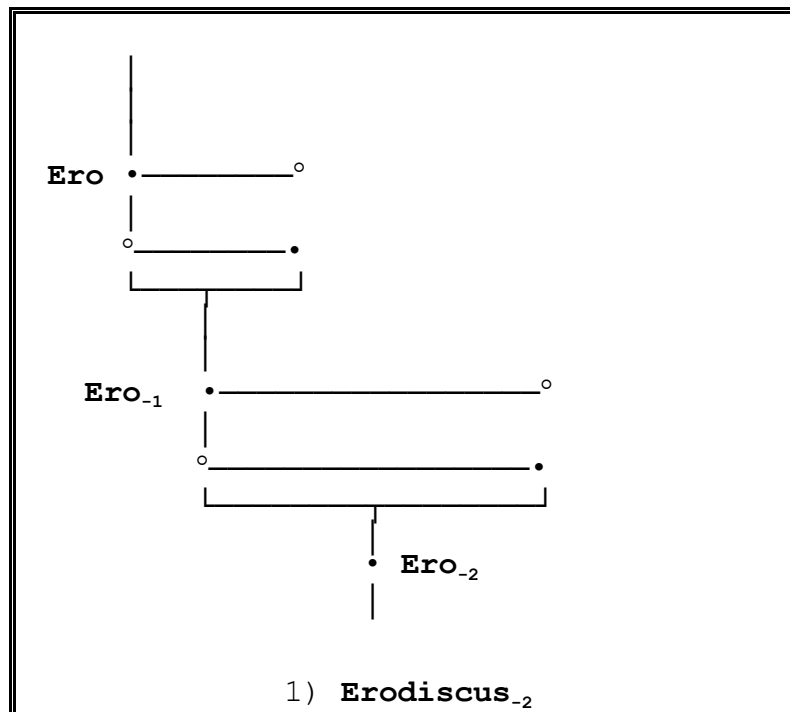




FIGURA 13

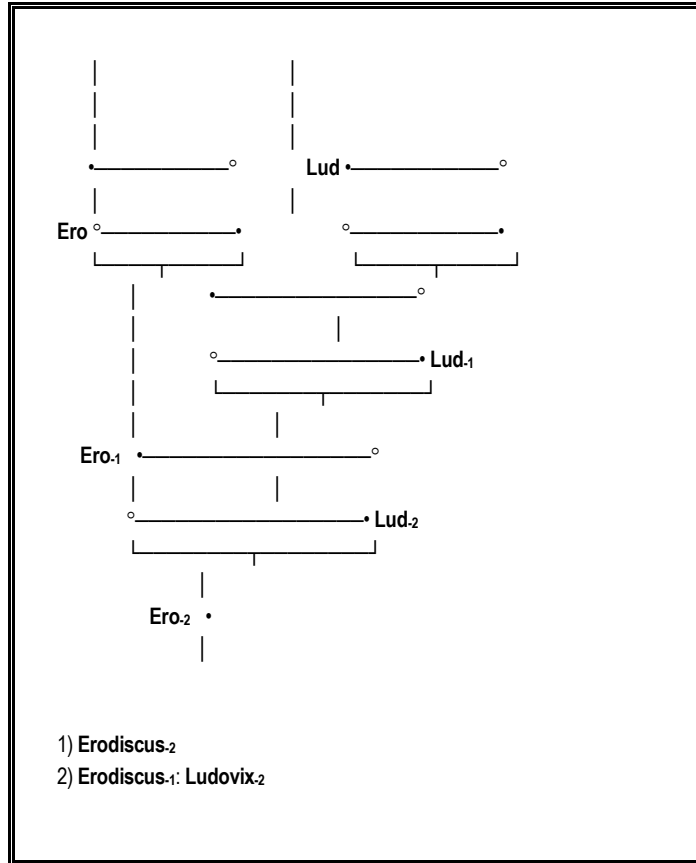
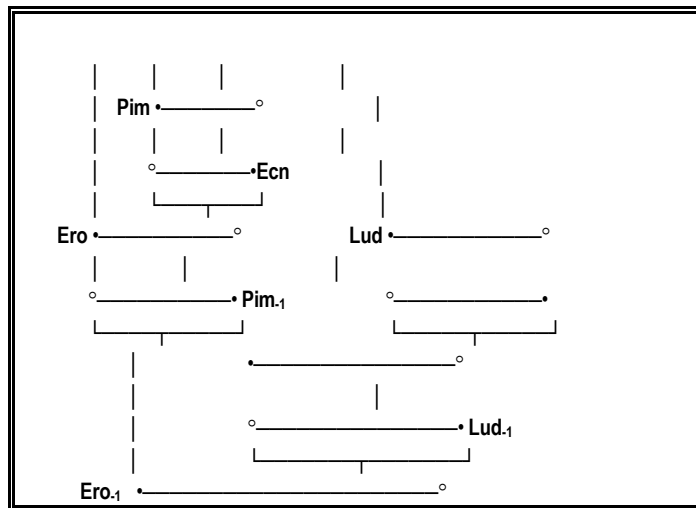


FIGURA 14



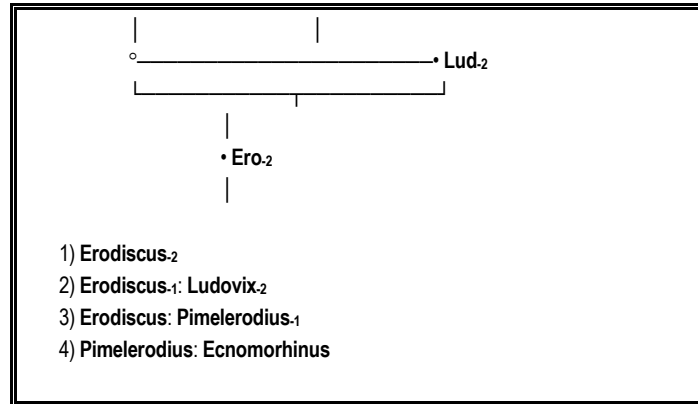


FIGURA 15

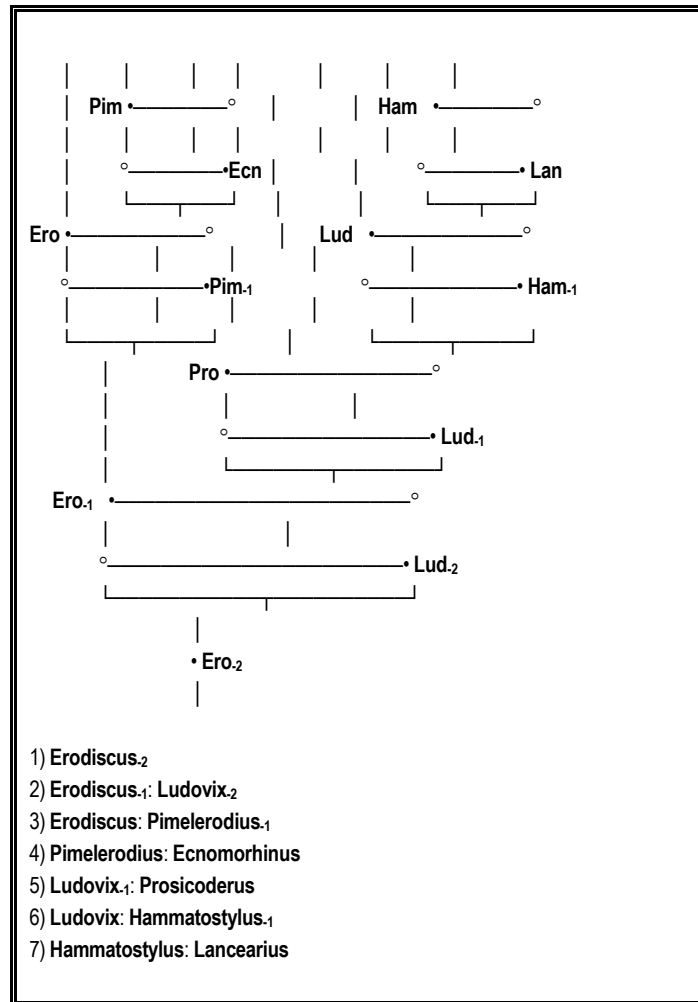


FIGURA 16

Con el sistema aquí propuesto, no sólo se recupera la información genealógica como se nombra cada linaje del cladograma, sea terminal o antecesor. También se puede hacer ésto para cualquier subconjunto de un conjunto filogenético ordenado. De acuerdo con la Figura 17 se tienen los siguientes subconjuntos:

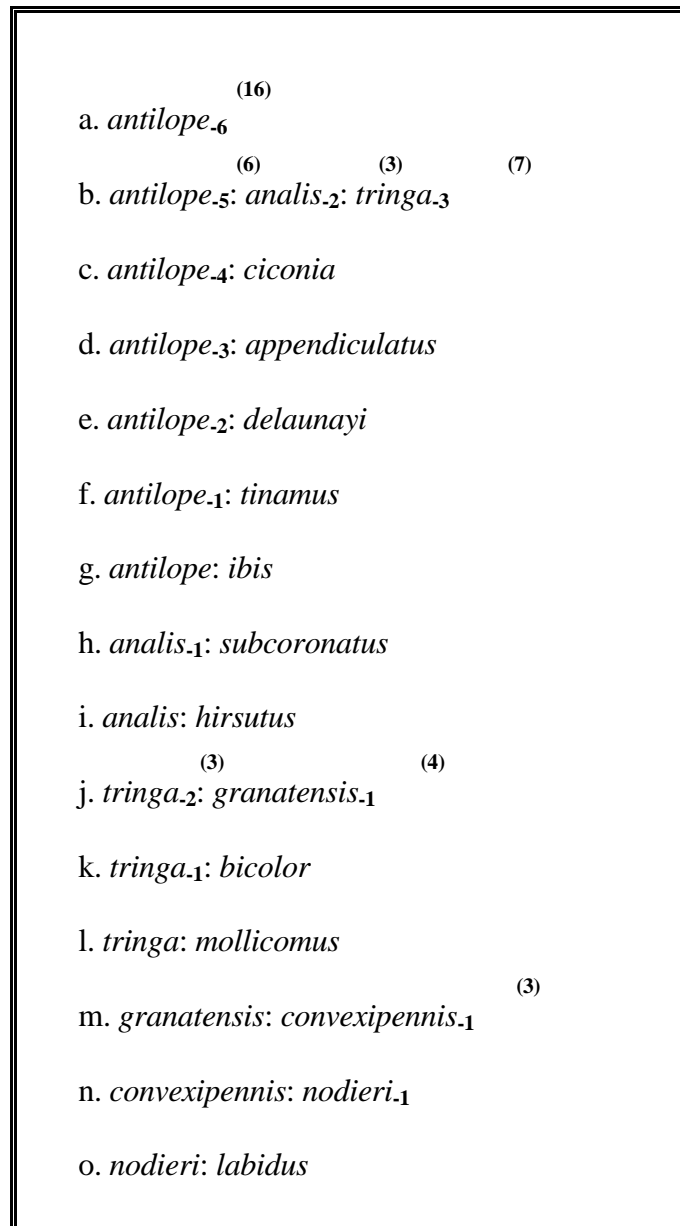
- A.*Erodiscus*.<sub>2</sub> Schoenherr, 1825  
 B.*Erodiscus*.<sub>1</sub> Schoenherr, 1825  
 C.*Ludovix*.<sub>2</sub> Laporte, 1840  
 D.*Erodiscus* Schoenherr, 1825  
 E.*Pimelerodius*.<sub>1</sub> Vanin, 1986  
 F.*Ecnomorhinus* Vanin, 1986  
 G.*Pimelerodius* Vanin, 1986  
 H.*Prosicoderus* Vanin, 1986  
 I.*Ludovix*.<sub>1</sub> Laporte, 1840  
 J.*Ludovix* Laporte, 1840  
 K.*Hammatostylus*.<sub>1</sub> Champion, 1903  
 L.*Hammatostylus* Champion, 1903  
 M.*Lancearius* Vanin, 1986  
 N.*Erodiscus*.<sub>1</sub> Schoenherr, 1825; *Erodiscus* Schoenherr, 1825: *Pimelerodius*.<sub>1</sub> Vanin, 1986;  
*Pimelerodius* Vanin, 1986: *Ecnomorhinus* Vanin, 1986  
 O.*Pimelerodius*.<sub>1</sub> Vanin; *Pimelerodius* Vanin, 1986: *Ecnomorhinus* Vanin, 1986  
 P.*Ludovix*.<sub>2</sub> Laporte, 1840; *Ludovix*.<sub>1</sub> Laporte, 1840: *Prosicoderus* Vanin, 1986; *Ludovix* Laporte,  
 1840: *Hammatostylus*.<sub>1</sub> Champion, 1903; *Hammatostylus* Champion, 1903:  
*Lancearius* Vanin, 1986  
 Q.*Ludovix*.<sub>1</sub> Laporte, 1840; *Ludovix* Laporte, 1840: *Hammatostylus*.<sub>1</sub> Champion, 1903;  
*Hammatostylus* Champion, 1903: *Lancearius* Vanin, 1986  
 R.*Hammatostylus*.<sub>1</sub> Champion, 1903; *Hammatostylus* Champion, 1903: *Lancearius* Vanin, 1986  
 S.*Erodiscus*.<sub>2</sub> Schoenherr, 1825  
*Erodiscus*.<sub>1</sub> Schoenherr, 1825: *Ludovix*.<sub>2</sub> Laporte, 1840  
*Erodiscus* Schoenherr, 1825: *Pimelerodius*.<sub>1</sub> Vanin, 1986  
*Pimelerodius* Vanin, 1986: *Prosicoderus* Vanin, 1986  
*Ludovix*.<sub>1</sub> Laporte, 1840: *Prosicoderus* Vanin, 1986  
*Ludovix* Laporte, 1840: *Hammatostylus*.<sub>1</sub> Champion, 1903  
*Hammatostylus* Champion, 1903: *Lancearius* Vanin, 1986

**FIGURA 17**



Se puede hacer el mismo proceso con especies de un género como puede reconocerse en las Figuras 18 a 20. Nótese en este ejemplo un caso de tricotomía y también adviértase (Figura 20) que se mantiene la relación de orden -por inclusión- entre los diversos linajes comparables.

Ahora se puede trabajar conjuntamente con los linajes tomados como conjuntos intensionales de nombres (Figura 20).



**FIGURA 18\***

- \* Los números entre paréntesis utilizados como 'potencias' indican el número de especies terminales de las cuales la ancestral es la especie afectada por la 'potencia'.

**FIGURA 19.** Filogenia de las especies de *Proscoderus* (apud Vanin, 1986).

- 1= {antilope.6}
- 2= {antilope.6, antilope.5}
- 3= {antilope.6, analis.2}
- 4= {antilope.6, tringa.3}
- 5= {antilope.6, antilope.5, antilope.4}
- 6= {antilope.6, antilope.5, ciconia}
- 7= {antilope.6, antilope.5, antilope.4, antilope.3}
- 8= {antilope.6, antilope.5, antilope.4, appendiculatus}
- 9= {antilope.6, antilope.5, antilope.4, antilope.3, antilope.2}
- 10= {antilope.6, antilope.5, antilope.4, antilope.3, delaunayi}
- 11= {antilope.6, antilope.5, antilope.4, antilope.3, antilope.2, antilope.1}
- 12= {antilope.6, antilope.5, antilope.4, antilope.3, antilope.2, tinamus}
- 13= {antilope.6, antilope.5, antilope.4, antilope.3, antilope.2, antilope.1, ibis}
- 14= {antilope.6, antilope.5, antilope.4, antilope.3, antilope.2, antilope.1, antilope}
- 15= {antilope.6, analis.2, analis.1}
- 16= {antilope.6, analis.2, subcoronatus}
- 17= {antilope.6, analis.2, analis.1, analis}
- 18= {antilope.6, analis.2, analis.1, hirsutus}
- 19= {antilope.6, tringa.3, tringa.2}
- 20= {antilope.6, tringa.3, tringa.2, tringa.1}

21= { <i>antilope</i> -6, <i>tringa</i> -3, <i>tringa</i> -2, <i>bicolor</i> }
22= { <i>antilope</i> -6, <i>tringa</i> -3, <i>tringa</i> -2, <i>tringa</i> -1, <i>tringa</i> }
23= { <i>antilope</i> -6, <i>tringa</i> -3, <i>tringa</i> -2, <i>tringa</i> -1, <i>mollicomus</i> }
24= { <i>antilope</i> -6, <i>tringa</i> -3, <i>granatensis</i> -1}
25= { <i>antilope</i> -6, <i>tringa</i> -3, <i>granatensis</i> -1, <i>granatensis</i> }
26= { <i>antilope</i> -6, <i>tringa</i> -3, <i>granatensis</i> -1, <i>convexipennis</i> -1}
27= { <i>antilope</i> -6, <i>tringa</i> -3, <i>granatensis</i> -1, <i>convexipennis</i> -1, <i>convexipennis</i> }
28= { <i>antilope</i> -6, <i>tringa</i> -3, <i>granatensis</i> -1, <i>convexipennis</i> -1, <i>nodieri</i> -1}
29= { <i>antilope</i> -6, <i>tringa</i> -3, <i>granatensis</i> -1, <i>convexipennis</i> -1, <i>nodieri</i> -1, <i>labidus</i> }
30= { <i>antilope</i> -6, <i>tringa</i> -3, <i>granatensis</i> -1, <i>convexipennis</i> -1, <i>nodieri</i> -1, <i>nodieri</i> }

**FIGURA 20**

### **AGRADECIMIENTOS**

A la bióloga Isabel Vargas Fernández quien nos ayudó en la edición cuidadosa, incluyendo dibujos y recuadros, nuestro especial reconocimiento. A los programas PADEP FC9214, CONACyT D11-903646, DGAPA IN-201789 y DGAPA-DO201592 por sus apoyos materiales y en el viaje del primer autor. A la Facultad de Ciencias, UNAM por todas las facilidades.

### **LITERATURA CITADA**

- ABE, J. y N. PAPAVERO. 1991. Teoría intuitiva dos conjuntos. Makron Books, Mc Graw-Hill. Brasil. 266 pp.
- VANIN, S.A. 1986. Systematics, cladistic analysis and biogeographical distribution of the tribe Erodiscini (Coleoptera, Curculionidae, Otidoccephalinae). Revta. bras. Ent., S. Paulo 30 (3-4): 427-670.