
TENDENCIAS ACTUALES DE LA TAXONOMIA

EUCARIO
LÓPEZ-OCHOTER

Departamento
de Biología,
Facultad de
Ciencias, U.
N. A. M.

Es siempre conveniente al empezar a tratar un tema definir a éste de la mejor manera posible, y así de acuerdo con Mayr, 1953 definimos a la taxonomía o sistemática, "como la ciencia de la clasificación de los organismos". Por ser este término tan amplio el sistema actual de taxonomía, abarca demasiados campos simultáneamente, perdiéndose la claridad del tema, ya que trata al mismo tiempo de clasificar, nombrar, indicar grado de semejanza o afinidad y mostrar relaciones de descendencia entre los organismos.

Por lo anterior, estamos de acuerdo con Simpson, 1961 en delimitar el significado de términos que muy a menudo se utilizan como sinónimos, y así para este autor, "la taxonomía es el estudio teórico de la clasificación, incluyendo sus bases, principios, procedimientos y reglas" por otra parte "la sistemática es el estudio científico de las diferentes clases y diversidad de organismos y de cualquiera o de todas las relaciones entre ellos".

Además para este autor "la clasificación es el ordenamiento de organismos en grupos o juegos sobre la base de sus relaciones o de sus asociaciones, por contigüidad, similitud o ambos.

Es de hacer notar que la taxonomía elemental es casi siempre enseñada de manera muy deplorable y la taxonomía avanzada que es parte muy importante de la biología especializada es definitivamente ignorada o relegada, esto se debe, entre otras causas, a que falta generalmente una idea integral sobre la biología, pues se desconoce que todas las ramas de esta ciencia están íntimamente relacionadas entre sí y dispuestas alrededor de lo que podríamos llamar la idea unificadora de la biología actual, la teoría de la evolución.

Es creencia general que la evolución es dinámica y la taxonomía es estática, ignorándose definitivamente la relación tan estrecha entre ambas disciplinas, por lo que, muchos investigadores sin una preparación biológica adecuada, muestran abiertamente su desconocimiento de lo que es la biología, pues por un lado aceptan plenamente convencidos la idea de evolución y por el otro niegan y desechan totalmente a la taxonomía ignorando que una de las expresiones de la evolución está dada precisamente por ésta. A este respecto Petrunkevitch ha dicho "que la taxonomía es el espejo de la evolución" y Huxley ha enfatizado acerca del mismo punto que "lo importante de la Sistemática es que puede detectar a la evolución trabajando".

Una idea más de la relación entre la evolución y la taxonomía nos la da Grassé, 1952 cuando dice que "el caos de formas vivientes no puede ordenarse más que a la luz de la evolución".

Indudablemente que la taxonomía es al mismo tiempo la más elemental y la más amplia parte de la biología; la más elemental debido a que ningún organismo puede ser discutido de un modo científico, hasta que haya sido tratado desde un punto de vista taxonómico y la más amplia debido a que la taxonomía en sus diferentes modalidades utiliza y resume datos de tipo morfológico, fisiológico y ecológico.

Es necesario por lo tanto, reconocer la verdadera importancia de la taxonomía como una disciplina científica independiente, que tiene una relación directa y necesaria con todas las otras áreas de la biología.

La biología ha cambiado mucho sus métodos, sus objetivos y su problemática en estos últimos años y los ha cambiado muy de prisa, produciéndose como dice Medawar "una aceleración en el ritmo de la investigación biológica" trayendo esto como consecuencia la aproximación de ramas de esta ciencia que hasta hace poco estaban separadas y sin que, se sospechara, que podían tener puntos de contacto tan estrechos.

Así, a medida que nuestro conocimiento del mundo orgánico aumenta, lo inadecuado de nuestra actual sistema

de taxonomía se hace más ostensible, pues los tres niveles de la sistemática, que tienen una estrecha relación con las tareas del taxónomo sólo han podido llevarse a cabo en contados grupos, pues la taxonomía de la mayor parte de los organismos esta todavía en la fase alfa o sea que apenas están siendo nombrados e identificados, sin haber llegado aún a la fase beta ni mucho menos a la fase gamma, y para que esto ocurra posiblemente será necesario llevar a cabo, una Década Biológica Internacional relacionada con problemas taxonómicos para que de una manera lógica, coordinada y realmente efectiva se aclaren todos los problemas taxonómicos actuales.

Posiblemente también se deba a que la Jerarquía Lineana fue introducida sin tener a la filogenia en cuenta, pues sólo trataba de representar semejanzas entre las especies pero no relaciones filogenéticas.

Es sorprendente como un esquema lógicamente construido para un propósito, pueda ser usado para otro radicalmente diferente ya que con el advenimiento de la teoría evolutiva, los filogenetistas adoptaron la Jerarquía Lineana como un modo de representación taxonómica sin averiguar si su estructura llenaba los propósitos de la taxonomía filogenética.

La interpretación filogenética de las relaciones sistemáticas ha estado de moda desde hace casi 100 años cuando Haeckel en 1866 dio a conocer los árboles filogenéticos como una expresión gráfica de las relaciones de parentesco entre los organismos, indicado por los símbolos propios de estos diagramas, como son, el eje vertical, las furcaciones y su localización, el ángulo entre las ramas y el grueso del eje.

Naturalmente que si la evolución es el pensamiento rector de las investigaciones biológicas actuales, tiene que tener una influencia decisiva en la filosofía y teoría taxonómica y por lo tanto son las ideas filogenéticas las que actualmente son aceptadas; sin embargo, existen dos escuelas de pensamiento: una sostiene que una clasificación natural es aquella que está basada en la filogenia de los grupos concernientes, siendo esta idea la más aceptada por los biólogos actuales, la otra escuela siente dudas acerca, de si una clasificación lógica es siempre y necesariamente filogenética, ya que los datos en que se basa son generalmente especulativos.

Es aún dudoso si el significado del término "relaciones filogenéticas" está totalmente entendido, por lo que la resolución de estas diferencias es seguramente una de las grandes necesidades de la sistemática biológica.

Después de la aparición de la obra de Darwin "El origen de las especies" hubo un cambio en la taxonomía al suponer que las categorías sistemáticas tenían su base en el hecho de que sus miembros estaban relacionados entre sí, debido a que descendían de un ancestro común, por lo tanto un taxón era interpretado como un arreglo monofilético de formas emparentadas o relacionadas.

A raíz de la primera ola de entusiasmo se vio que no se puede usar a la filogenia para clasificar ya que en la mayoría de los casos la filogenia es desconocida, y a pesar de que esto se sabe bien, es constantemente ignorado. De hecho sólo se tiene una idea razonablemente correcta de la filogenia en contadas taxa y éstas ideas están basadas exclusivamente en evidencias paleontológicas. A pesar de esto estamos de acuerdo con Henning, 1950 en que el sistema filogenético actual es el más adecuado y el más simple. Este autor sostiene estos tres argumentos,

1º El sistema filogenético es el más significativo de todos los sistemas posibles, ya que todos los otros sistemas como los ecológicos, biogeográficos o morfológicos pueden ser derivados y explicados a través del sistema filogenético, lo que significa que un sistema natural es aquel de aplicación más general.

La teoría de la evolución en este caso es la más adecuada, la más unitaria y por lo tanto, la hipótesis más simple a la que pueden ser relacionados una gran variedad de fenómenos biológicos tales como distribución geográfica, adaptación fisiológica, similitud morfológica o complejidad biocenótica.

La filogenia puede verse así como la causa central de la biología a pesar de que no pueda usarse en un sentido explicativo como ocurre en la mayoría de los casos.

2º Las relaciones filogenéticas son al menos en principio medibles pero las similitudes no, esta opinión es opuesta a la sostenida actualmente.

3º No hay una correspondencia exacta entre la similitud morfológica y las relaciones filogenéticas y la convergencia puede enmascarar a estas.

A este respecto Michener y Sokal, 1957 han dicho que la clasificación no puede describir a la descendencia y a la afinidad en un solo esquema.

Henning, 1950, 1957 en Alemania y Simpson, 1961 en EE.UU. han defendido las ideas filogenéticas y así, a

pesar de que el sistema filético ha sido criticado por más de 100 años, no se ha alcanzado todavía un solo punto de acuerdo en su contra.

La crítica dice, que el récord fósil disponible es tan fragmentario que la filogenia de la mayor parte de la taxa es desconocida; la taxonomía como materia está restringida a pocos grupos favorecidos, simplemente para satisfacer el dogma de que, la clasificación natural debe de ser filogenética.

Ignorar las consideraciones filogenéticas para evaluar las relaciones taxonómicas es una tarea muy difícil para el biólogo de esta época, debido a la relación tan estrecha que ha habido en el último siglo entre el razonamiento taxonómico y el filogenético y la influencia y desarrollo tan decisivo de la Teoría de la Evolución.

Dentro de la historia del desarrollo de la taxonomía y debido a ser un hecho contemporáneo es necesario no olvidarnos del movimiento llamado "La Nueva Sistemática" que sin duda refinó técnicas de análisis e ideas convencionales de filogenia, así como también promulgó nuevas hipótesis evolutivas.

La Nueva Sistemática tiene en contra, que este movimiento en esencia, sólo tuvo relación directa con variaciones infraespecíficas y con mecanismos de especiación y como ha dicho Blackwelder, 1962 "La Nueva Sistemática falló en el hecho de proveer de una base adecuada a la taxonomía actual".

De acuerdo con Johansen, 1906 podemos distinguir además del genotipo o carácter hereditario de un individuo, dado por el genoma de la especie, al fenotipo, que es el carácter de un individuo resultante de la interacción del genoma con los factores del medio externo o lo que es lo mismo el individuo tal como se presenta con todos sus caracteres, llegando así a lo que se conoce como sistema fenético, al contrario del sistema filético y el cual hemos ya mencionado.

Tenemos que hacer referencia muy especial a Michel Adanson (1727-1806), botánico francés de origen escocés a quien no se ha dado todavía el crédito que merece como fundador del empirismo en la taxonomía y posiblemente olvidado por haber sido contemporáneo y rival de Linneo, ya que sus argumentos fueron relegados por Jussieu, De Candolle y Cuvier.

La idea fundamental de Adanson es que "para crear una taxonomía natural cada carácter del organismo debe de tener el mismo valor" esto, nunca se ha tomado en cuenta, pues agrupamos a los organismos en taxa de una manera intuitiva y no de una manera consciente.

La taxonomía de Adanson es en muchos aspectos más aceptable que la de Linneo o la de Cuvier, ya que carecía de las ofuscaciones propias de sistemas lógicos deductivos y de bases técnicas erróneas que actualmente están descartadas, pues, estaba basada principalmente en la simple evaluación de los datos observados. Cabe aclarar que el primer trabajo de Adanson aparecido en 1757 fue sobre Moluscos (del Senegal).

El principio fundamental de la escuela adansoniana es simple, observar y registrar el mayor número posible de características y después agrupar a los organismos de acuerdo a la mayoría de caracteres mostrados. Así, una especie, consiste de individuos con un número máximo de caracteres mostrados, lo que puede considerarse como una definición morfológica casi en el mismo sentido en que la concebía Linneo, pues para este biólogo una especie era una clase de organismos distinta de todas las otras clases.

Las ideas de Adanson pueden resumirse en sus axiomas, entre los que destacan los siguientes:

1º.—La taxonomía ideal es aquella en la cual la taxa tiene un gran contenido de información y está basada sobre la mayor cantidad de rasgos posibles.

2º.—*A priori*, cada rasgo o carácter es de igual valor para crear una taxa natural.

3º.—Sobre todo, la similitud es una función de la proporción de rasgos comunes.

4º.—Taxa distintas están basadas en hechos correlacionados.

Podemos afirmar que de acuerdo a esta escuela las especulaciones taxonómicas son fenéticas más que filéticas.

Por lo tanto, las ideas actuales que se han desarrollado basándose en métodos fenéticos, son colectivamente llamados Neoadansonianas.

Los nuevos métodos técnicos usados en taxonomía pueden ser llamados polifénicos y destacan entre otros, la cromatografía, iniciada por Proom y Woiwod en 1949 y Micks y Ellis en 1952; la electroforesis aplicada por Bregner y Enns en 1958 y por van Sande y Korchen en 1960 a las proteínas de la hemolinfa de los insectos y la espectrografía infrarroja iniciada por Randall en 1951 y por Stevenson y Bolduan en 1952 en diferentes grupos de microorganismos; los tres métodos antes citados son de naturaleza cuantitativa; además tenemos los desarrollados a partir de datos proporcionados por la serología comparada que se ha desenvuelto paralelamente a la inmunología médica y debida principalmente a los trabajos de Nultal, 1901 y 1904; Chester, 1937 y Boyden, 1942, 1943 y 1958. El principio básico de esta técnica es la reacción que se produce entre las proteínas y los anticuerpos de dos organismos similares.

Otro método es el de la citología y en especial la información dada por la citogenética de acuerdo con Frahm-Leviveld, 1958 y Löse y Löse, 1961. Por otro lado la bioquímica vegetal está proporcionando datos taxonómicos muy importantes como lo demuestra el "Symposium sobre Taxonomía Química Vegetal", promovido por T. Swain, 1963 y en el que se trata la distribución taxonómica de ciertas sustancias como los alcanos, los compuestos acetilénicos, las antocianinas, los ácidos grasos, etc.

El nuevo método de clasificación que ha sido mejor desarrollado y que sin duda en el futuro será el más discutido, es el denominado taxonomía numérica por sus impulsores, quienes la definen como "la evaluación numérica de la afinidad o similitud entre unidades taxonómicas y el ordenamiento de estas unidades en taxa, sobre la base de sus afinidades". Este método tiene relación con la conversión de información acerca de unidades taxonómicas, en cantidades numéricas.

Hay que hacer notar que el termino "taxonomía numérica" no incluye la aplicación de métodos estadísticos convencionales en la investigación sistemática, a pesar de que los primeros intentos de aplicar métodos numéricos a los datos taxonómicos datan desde el origen de la biometría a fines del siglo pasado, pues Heincke en 1898 usó ya, una medida de distancia fenética para distinguir diversas razas de arenques. Dentro de la historia de este método tenemos que mencionar a Smirnov quien en 1925 estableció tipos, sobre una base cuantitativa y de una manera similar a la de la taxonomía numérica.

Entre los primeros métodos desarrollados ya en un sentido taxonómico destacan entre otros los de Forbes, 1933, Sturtevant, 1942, James, 1953 y sin duda tenemos que hacer mención muy especial de Robert R. Sokal profesor de biología estadística de la Universidad de Kansas y entomólogo distinguido y de Peter H. A. Sneath, miembro del Instituto de Investigación Médica de Londres y especialista en bacterias quienes han desarrollado este método en los últimos años; tampoco podemos dejar de mencionar a Michener, a Rogers, a Erlich y a Jahn para sólo nombrar a unos cuantos de los investigadores directamente interesados en esta nueva fase de la taxonomía.

La taxonomía numérica está basada principalmente en los axiomas adansonianos, por lo que a los 4 ya expuestos podemos agregar los dos siguientes:

5°.—La taxonomía es una ciencia estrictamente empírica.

6°.—La afinidad es estimada independientemente de las consideraciones filogenéticas.

Además la taxonomía numérica considera de primera importancia a dos factores para evaluar los resultados, la repetición y la objetividad de los caracteres taxonómicos, pues reducen las ideas subjetivas de otros procedimientos.

La idea básica de la taxonomía numérica y que es al mismo tiempo la más discutida, es la estricta separación de las especulaciones filogenéticas, del procedimiento taxonómico y así las relaciones taxonómicas entre la taxa deben de ser evaluadas exclusivamente sobre la base de sus semejanzas existentes en el material a mano y no debe de tomarse en cuenta para nada el modo de origen de éstas, ni tampoco si el grado de semejanza ha aumentado o disminuido en el pasado.

Lo anterior debe de hacerse por dos razones principales:

1°.—Los datos filogenéticos son incompatibles con los factores de repetición y objetividad necesarios en el proceso taxonómico.

2°.—No deben de mezclarse datos de parecido fenético con deducciones filogenéticas, pues no se dispone de momento de un esquema de clasificación que nos dé simultáneamente información correcta sobre parecido, descendencia y grado de progreso evolutivo.

Cualquier procedimiento sistemático que se use está basado en caracteres taxonómicos y así para esta escuela, un carácter "es un rasgo que varía de una a otra clase de organismos" por lo que el primer paso de acuerdo a este método, será la selección cuidadosa de caracteres, que serán básicos para procedimientos posteriores.

De una manera elemental los caracteres taxonómicos son agrupados en cuatro clases:

Caracteres morfológicos (internos, externos, microscópicos, embriológicos).

Caracteres fisiológicos.

Caracteres etológicos (de comportamiento).

Caracteres ecológicos (hábitat, alimentos, huéspedes, parásitos, distribución geográfica).

Todos los caracteres son convertidos en "Unidades Taxonómicas Operacionales", OTU, y para poder ser utilizados tienen que ser codificados. Uno de los problemas actuales de este sistema es el de determinar cuántos caracteres mínimos deben de ser tomados en cuenta y si en realidad cada carácter debe de tener igual valor o como debe de ser considerado.

Todos los métodos de análisis están basados en formas de análisis multivariado, técnica que ha sido usada ya en psicología y en ecología por Goodall, 1953; Williams y Lambert, 1959 y en lingüística por Ross, 1950.

Cualquier método compara cada organismo con todos los otros organismos en estudio, produciendo así una figura que representa una estimación de la similitud para cada una de las comparaciones entre cada par de organismos (Los términos parecido, similitud y afinidad se usan como sinónimos).

Todos los métodos que se usan, emplean el mayor número de caracteres posibles por lo que por necesidades prácticas se necesitan máquinas computadoras electrónicas debido a lo extenso de los repetidos cálculos.

Debido a esto Kiriakoff, 1962 dice que el neoadansonianismo es una expresión del crecimiento de la mecanización, y una pérdida de los esfuerzos mentales superiores, y agrega que pueden estar ciertos desde el punto de vista cuantitativo o estadístico pero que están equivocados desde el punto de vista biológico.

Simpson, 1961, colocado en una posición más razonable habla de que los modernos adansonianos no están equivocados, sólo que sus trabajos son aún superficiales e incompletos; a lo que podríamos agregar nosotros que es lógico que esto ocurra debido al poco tiempo que tienen en desarrollo.

Dentro de los análisis de conjuntos (cluster analysis) destacan el desarrollado por Sneath y llamado (conjunto por parentesco simple) el de Sorensen (conjunto por parentesco completo), el de Sokal y Michener (conjunto por parentesco medio) y el de Rogers y Tanimoto (conjunto central o nodal). Además los métodos para representar estructuras taxonómicas están relacionados con métodos de análisis factorial y con coeficientes de asociación.

Una consecuencia de la aplicación de la taxonomía numérica y por lo tanto del uso de computadoras electrónicas, serán algunos cambios en la nomenclatura, así como que tendrá que ser abandonada la separación en los reinos animal y vegetal con la consecuente alteración de muchas reglas de los Códigos ahora en uso, especialmente aquellas relacionadas con los casos de homonimia entre plantas y animales.

Por otra parte será más fácil reconocer las pequeñas diferencias de rango entre los grupos y a pesar de que se podrán igualar las nuevas categorías creadas por la taxonomía numérica con las categorías tradicionales, muy probablemente se preferirán otras expresiones para lo cual se ha propuesto el término Fenón, el cual significa que son grupos que se aproximan a la taxa natural más o menos estrechamente y que como el término "taxón" podrán ser de cualquier rango jerárquico o de un rango indeterminado. Por otra parte el uso de los dendrogramas será cada vez mayor, ya que muestran muy claramente el porcentaje de similitud entre los Fenones.

Actualmente existen ya en pleno desarrollo varios esquemas para codificar nombres y así uno de los más completos es el International Plant Index (IPI), desarrollado en la Estación de Agricultura Experimental en New Haven Conn., U. S. A., y descrito por Gould en 1962. Por otra parte el Centro Químico Biológico de Coordinación (CBCC) durante la Segunda Guerra Mundial y haciendo pruebas con productos antimalariales codificó por primera vez el nombre de un organismo, tocándole a *Plasmodium hexamerium* el honor de ser llamado con el número 1310101D. Lo anterior significaba que estaba colocado en el phylum Protozoa (1), clase Sporozoa (13), familia

Plasmodiidae (13101), género *Plasmodium* (1310101) y la especie era D; así otra especie, *Plasmodium praecox* era 1310101C, en cambio *Amoeba proteus* tenía asignado el número 11101011.

Debemos aclarar que los procedimientos de codificación antes mencionados se han desarrollado independientemente de la taxonomía numérica y si hemos hecho referencia a ellos es que en el futuro será muy probable que tengan una relación muy estrecha ambos sistemas.

En zoología, la taxonomía numérica ha sido aplicada al estudio de las abejas por Michener y Sokal, 1957 y por Rohl y Sokal, 1962 estos estudios han mostrado que las afinidades y los dendrogramas obtenidos están de acuerdo con la taxonomía convencional del grupo. Rohl, 1962 ha estudiado 48 especies del mosquito del género *Aedes*. Little, 1963 se ha ocupado de 103 especies de la esponja del género *Celiona*, basando su estudio en 36 caracteres. En botánica, Morishima y Oka, 1960 se han ocupado de especies del género *Oryza*, mientras que Soria y Heiser, 1961, han aplicado el método al estudio de especies del género *Solanum*. Es posiblemente en bacteriología en donde este método ha sido usado más extensamente sobre todo en el estudio de variedades dentro de una misma especie, también en el estudio de los cocos y en los géneros *Pasteurella*, *Chromobacterium*, *Bacillus* y *Lactobacillus* respectivamente por Talbot y Sneath, 1960; Sneath, 1957; Sneath, 1962, y Cheeseman y Berridge, 1962.

Las críticas a la taxonomía numérica han sido muy numerosas en el poco tiempo que tiene desarrollándose, pues no se puede considerar que este nuevo procedimiento esté ya totalmente formado. Se le ha llamado un proceso antievolutivo, por considerar fundamentales las evidencias fenéticas y no las filéticas. Se ha dicho también que el sistema es tipológico, punto de vista ahora considerado en descrédito. También se ha dicho que la taxonomía numérica es incapaz de usar factores como son el espacio y el tiempo. Es indudable que los defensores de esta nueva idea tienen muchos argumentos en contra de las críticas antes expuestas y además, poseen otra serie de consideraciones que sostienen la conveniencia y lo práctico del sistema.

El hecho de que pocos biólogos tienen interés en las matemáticas a pesar de que está demostrada la importancia de esta ciencia en el estudio de la biología será sin duda uno de los principales problemas que tendrá la taxonomía numérica para poder ser claramente entendida y poder explicar con detalle todos sus argumentos. Por otra parte, otro problema que debe de considerarse en el desarrollo de este nuevo método es la necesidad de utilizar máquinas procesadores de datos, las que a pesar de que empiezan a ser relativamente comunes, no estarán por mucho tiempo aún, a disposición de los taxónomos. A este respecto se ha pronosticado que en pocos años dentro del entrenamiento de un taxónomo deberá incluirse un curso sobre el manejo del equipo electrónico necesario para manejar y almacenar correctamente los caracteres taxonómicos necesarios.

Jahn, 1961, es el iniciador de la controversia "el hombre contra la máquina", ya que en el futuro se tendrán que definir claramente las tareas del taxónomo y las de las máquinas computadoras que indudablemente tendrán que ser de naturaleza simbiótica.

Podemos resumir al procedimiento de la taxonomía numérica en los siguientes pasos:

- 1.—Selección de especímenes.
- 2.—Descubrimiento y medida de los caracteres.
- 3.—Codificación de los datos obtenidos.
- 4.—Cálculo de la afinidad (similitud entre los especímenes).
- 5.—Agrupación de los especímenes en Fenones.
- 6.—Extracción de los datos sobre la Taxa para la elaboración de clases.
- 7.—Identificación de otros especímenes.

El taxónomo tendrá que efectuar todos los pasos excepto el del *cálculo de afinidad*.

Basándonos en el reconocido prestigio científico de los investigadores que directamente están desarrollando la taxonomía numérica y de las controversias que ésta está provocando en el mundo científico y especialmente en el campo de la taxonomía, hecho que se manifiesta claramente en el número cada vez mayor de artículos referentes a este sistema que aparecen en revistas especializadas y después de hacer un análisis de lo que en realidad puede llegar a ser este nuevo método, podemos afirmar junto con Erlich, 1961 que en los próximos 20 años posiblemente, ocurrirán más cambios en la esencia de la taxonomía que los que han ocurrido en los últimos 200 años desde la

época de Linneo.

Por otro lado nos atrevemos también a afirmar que este nuevo impulso a la sistemática tendrá indudablemente grandes alcances no sólo dentro de la filosofía y teoría de la taxonomía sino en lo que es posiblemente más importante, en su aspecto práctico, por lo que es indudable que estamos asistiendo a un hecho histórico dentro de esta ciencia.

REFERENCIAS

- ERLICH, P. R. 1961. Systematics in 1970: Some Unpopular predictions. *Systematic Zool.* 10: 157-158.
- HAAS, O. 1962. Comment of Numerical Taxonomy. *Systematic Zool.*, 11: 186.
- HULL, D. L. 1964. Consistency and Monophyly. *Systematic Zool.*, 13: 1-11.
- JAHN, T. L. 1961. Man versus machine: a future problem in protozoan taxonomy. *Systematic Zool.*, 10: 179-192.
- , 1962. The use of computers in systematic. *J. Parasitol.*, 48: 656-663.
- KIRIAKOFF, S. G. 1962. On the Neo-Adansonian School. *Systematic Zool.*, 11: 180-185.
- MAYR, E., LINSLEY, E. G. & USINGER, R. L. 1953. Methods and Principles of Systematic Zoology. McGraw-Hill, New York. 328 pp.
- MICHENER, CH. D. 1963. Some Future Developments in Taxonomy. *Systematic Zool.*, 12: 151-172.
- SIMPSON, G. G. 1961. Principles of animal taxonomy. Columbia Univ. Press, New York. 247 pp.
- SNEATH, P. H. A. 1961. Recent Development in theoretical and Quantitative Taxonomy. *Systematic Zool.*, 10: 118-139.
- SOKAL, R. R. & SNEATH, P. H. A. 1963. The Principles of Numerical Taxonomy. W. H Freeman & Co., San Francisco. 359 pp.