

**REAL ACADEMIA DE CIENCIAS
EXACTAS, FÍSICAS Y NATURALES DE ESPAÑA**

DISCURSO INAUGURAL

DEL AÑO ACADÉMICO 2026-2027

**LEÍDO EN LA SESIÓN CELEBRADA EL DÍA 30 DE SEPTIEMBRE DE 2026
POR LA ACADÉMICA NUMERARIA**

EXCMA. SRA. D.^a ANA MARÍA CRESPO DE LAS CASAS

SOBRE EL TEMA

**APOLOGÍA DE LA TAXONOMÍA EN
LOS ALBORES DE LA INTELIGENCIA
ARTIFICIAL**



**MADRID
DOMICILIO DE LA ACADEMIA
VALVERDE, 22 - TELÉFONO 917 014 230
www.rac.es
2026**

ISSN: 1138-4093

ISBN: 978-84-87125-99-7

Depósito legal: M-24083-2026

*Mi agradecimiento a José S. Carrión y a Thorsten Lumbsch
por su indispensable contribución a esta reflexión discursiva.*

*También a José Bonet, José Duato, Daniel Peña
y Juan Rojo, por su ayuda y sugerencias en el texto.*

Introducción

Académicos y amigos: Es un honor y un estímulo asumir la responsabilidad de impartir la Lección Magistral en esta sesión de apertura del curso académico 2026-2027. Como algunos recordarán, estas lecciones son una tradición que se incorpora a la historia de nuestra Real Academia en el año 1921. Constituyen un género muy personalizado en el que cada ponente plasma su propia trayectoria como investigador o investigadora y reflexiona, a su manera, sobre el marco científico en el que se ha movido, abriendo también una ventana al futuro.

Al incorporarme a este distinguido grupo de académicos que han tenido la suerte de abrir el curso, es inevitable para mí citar a algunos protagonistas de sesiones precedentes, por anécdota o, «por razón de la sinrazón que a mi razón se hace», en expresión bien conocida del Quijote. Pero todos me habrían servido, porque la institución atesora, también en esto, sabiduría y buen hacer. La primera lección de la serie fue pronunciada por el físico canario Blas Cabrera Felipe en 1921, con el título *Momento actual de la Física*, en una época de profundas transformaciones en el conocimiento cuántico y de la relatividad. En décadas recientes hemos asistido a disertaciones de todas las disciplinas que se practican en esta Casa y que han dejado documentos de notable nivel científico. Cito, como recuerdos recientes, la número 100 de José Bonet sobre *Demostraciones matemáticas y el ordenador*, la de Jon Marcaide en 2025 titulada *Algunos apuntes sobre la exploración del Universo* y, la última de Ciencias Naturales, la de Luis Franco sobre *Una apasionante exploración: la regulación de la expresión génica*.

Desde la primera disertación, la lección inaugural brinda una ocasión para mirar una disciplina desde cierta distancia, para preguntarnos qué sabemos, cómo hemos llegado a saberlo y, sobre todo, qué seguimos sin saber. Me propongo hablarles de la Taxonomía, una ciencia que, a lo largo del siglo pasado, pareció para algunos más propia de otra época. Intento presentarla ante ustedes como una ciencia moderna: lo fue desde el Siglo de las Luces y lo es hoy, manteniendo el rico acervo acumulado por los grandes naturalistas e incorporando, al mismo tiempo, las herramientas de la biología molecular y la ciencia de datos.

El siglo XXI consolida una renovación iniciada a finales del siglo XX, cuando la genética y la informática implantaron herramientas capaces de leer caracteres taxonómicos tan finos como genomas completos, comparando millones de secuencias. Las bases nucleotídicas pasan a considerarse caracteres de comparación, al igual que los morfológicos o biogeográficos, para inferir relaciones evolutivas. Y aquí conviene plantearse una pregunta fundamental a la que tendremos que volver: nunca habíamos tenido tanta capacidad para analizar información sobre los seres vivos y, sin embargo, esa capacidad depende cada vez más de saber con precisión qué seres vivos estamos analizando.

El título de esta lección es *Apología de la Taxonomía en los albores de la Inteligencia Artificial*. Con la IA se abre no solo la posibilidad de reconstruir con mayor solidez los itinerarios evolutivos, sino de integrar más eficientemente los caracteres clásicos –morfológicos, paleontológicos, climáticos, geográficos, metabólicos– con los moleculares y genómicos. Todavía hoy la inteligencia artificial no ha entrado en la taxonomía con aportaciones verdaderamente

revolucionarias, pero cabe esperarlas. No intento hacer una defensa nostálgica de una ciencia antigua; es la presentación de una disciplina que se sitúa en un lugar central para interpretar correctamente la nueva biología evolutiva. Y toda la cuestión puede resumirse, de momento, en una pregunta muy sencilla: ¿qué estamos mirando?

La formación académica en Botánica Taxonómica

Como ha ocurrido a la mayoría de los taxónomos botánicos de mi generación, nuestro trabajo científico se ha desarrollado junto a colegas especialistas en plantas, micólogos, ficólogos, ecólogos, fitosociólogos, palinólogos y protistólogos. Las infraestructuras del siglo XX en los centros de investigación eran las necesarias entonces: el herbario con sus salas de preparación, microscopía y laboratorios de ecofisiología, fitoquímica o quimiotaxonomía. En el siglo XXI se han añadido laboratorios de estudios moleculares y sistemas computacionales avanzados.

Pero en un centro botánico se hacían y se hacen también cientos de horas de trabajo de campo al año, observando y tomando muestras en su medio. En botánica sistemática no se trabaja con un organismo modelo para conocer lo que es común a los seres vivos; se trabaja más bien para conocer lo que diferencia y hace distintos a los hongos o las plantas en su propio entorno. La práctica de campo enseña a disfrutar de la naturaleza y a vivir la aventura de lo sorprendente, abonando esa pasión cajalana (Ramón y Cajal, 1897) por un quehacer científico singularmente atractivo.

El trabajo *in situ* enseña a reconocer organismos por su morfología, pero también por las características de su hábitat y geografía, enfrentando al botánico con evidencias que no pueden inferirse desde una pantalla. La mirada del taxónomo se construye acumulando contextos: un ejemplar no es solo una morfología ni una secuencia; es un organismo que vive en un lugar, bajo determinadas condiciones y en relación con otros seres vivos. Por ello, antes de preguntarnos por sus relaciones filogenéticas o por cómo funciona su genoma, necesitamos saber con precisión a quién tenemos delante. Sin embargo, aquí comienza la dificultad central: dos organismos pueden parecer iguales y no serlo, o parecer diferentes y pertenecer a un mismo linaje unitario. El propio concepto de individuo se tambalea en diversos grupos de hongos.

La Biodiversidad que no vemos

La palabra *Biodiversidad* como enfoque global alcanzó una difusión extraordinaria a finales de la década de 1980. Edward O. Wilson (1929–2021) contribuyó decisivamente a popularizar el concepto a partir del volumen *Biodiversity* (1988), fruto del National Forum on BioDiversity de Washington (1986), y posteriormente con su obra *The Diversity of Life* (1992). Wilson fue, antes que nada, un naturalista y un extraordinario especialista en hormigas; hay algo profundamente taxonómico en su recorrido intelectual: para intentar comprender el conjunto, primero hay que aprender a distinguir sus partes.

La expansión del concepto coincidió con la conciencia de que la diversidad biológica no es un inventario decorativo, sino una dimensión fundamental del funcionamiento de la biosfera, como han advertido informes desde el *Global Biodiversity Assessment* (Heywood, 1995) hasta las evaluaciones de la Plataforma Intergubernamental Científico-Normativa sobre Diversidad Biológica y Servicios de los Ecosistemas (IPBES, 2019). El estudio de la Biodiversidad exige identificar organismos, comparar poblaciones, conservar ejemplares de referencia (especialmente tipos nomenclaturales) y decidir dónde empiezan y terminan los linajes que llamamos especies. La Taxonomía es la herramienta mediante la cual la Biodiversidad se hace científicamente visible.

No obstante, nuestro conocimiento entre los distintos grupos biológicos es extraordinariamente desigual. Esta ignorancia lastra la comprensión del proceso evolutivo. Como analizaremos más adelante en detalle, nos enfrentamos a vacíos de conocimiento masivos en los denominados *Dark Taxa* –grupos hiperdiversos donde menos del 10 % de las especies han sido descritas formalmente (Hartop et al., 2022)—, donde las tasas de extinción son alarmantemente altas (IPBES, 2019).

¿Qué significa clasificar la naturaleza?

Por tradición, el término Botánica se aplica al estudio de plantas, algas y hongos desde perspectivas muy diversas. Pilar Catalán, en su Lección Magistral de la Universidad de Zaragoza (Catalán, 2026), profundiza en tales perspectivas. El término Taxonomía se asocia a la identificación, delimitación, clasificación y nomenclatura de los organismos, mientras que la sistemática abarca el conjunto de evidencias científicas utilizadas para estudiar su diversidad y relaciones (Stace, 1989; Devesa & Carrión, 2012; Catalán, 2016). Sin ser sinónimos, Taxonomía y Sistemática se superponen en el trabajo práctico.

Llamamos taxón a una entidad reconocida dentro de una clasificación y situada en una determinada categoría (por ejemplo, la familia *Parmeliaceae* o la especie *Astragalus castroviejoii*). La Nomenclatura proporciona las reglas formalizadas en códigos internacionales para asignar nombres de forma estable y universal. El término sistemática lo empleaba Linneo desde 1735, mientras que taxonomía se atribuye al botánico francés Augustin Pyramus de Candolle (1778–1841). Por su parte, la Filogenia reconstruye la historia evolutiva y las relaciones de parentesco.

La clasificación jerárquica (reino, división/filo, clase, orden, familia, género, especie) organiza la diversidad en construcciones humanas con las que intentamos representar una realidad biológica evolutiva. La especie como unidad ocupa la posición central y es objetivo esencial de la Taxonomía su delimitación precisa; aunque la filogenia suministra el patrón, el concepto exige integrar tantas otras evidencias como sea posible. La incorporación del ADN cambió y amplió nuestras preguntas. Cuanto más sabemos, más visible se hace la magnitud de lo que ignoramos: la taxonomía moderna no consiste en elegir entre «lo clásico» y «lo molecular», sino en contrastar continuamente hipótesis para que nuestras clasificaciones representen fielmente la historia evolutiva de la naturaleza.

De Aristóteles a Linneo: construir un lenguaje para la diversidad

Podemos iniciar este recorrido histórico con Aristóteles (384–322 a. C.) y Teofrasto (371–287 a. C.), continuándolo con Andrea Cesalpino (1519–1603), Joachim Jungius (1587–1657), John Ray (1627–1705) y Joseph Pitton de Tournefort (1656–1708). Aunque no eran taxónomos en el sentido moderno, construyeron una forma sistemática de observar, describir y comparar elementos de la naturaleza.



Figura 1. Selección de portadas históricas de obras esenciales para la Taxonomía de los hongos liquenizados. De izquierda a derecha: Linneo, Acharius, Darwin, Hawksworth y Gargas.

Sobre esa larga tradición se levantó la obra de Carl Linnaeus o Linneo (1707–1778) (Linnaeus, 1753, 1758). Su gran aportación no fue solo nombrar las aproximadamente 6.000 especies conocidas en su época, sino consolidar un modelo jerárquico y una nomenclatura binomial estable. Jean-Jacques Rousseau (1771–1773), en su faceta de botánico, expresó su admiración por Linneo, y Johann Wolfgang von Goethe lo consideró una de las mayores figuras del conocimiento de su tiempo. Casi tres siglos después, seguimos escribiendo los nombres mediante el binomen linneano. Linneo proporcionó el lenguaje para ordenar la diversidad; pero todavía faltaba explicar por qué la diversidad tenía ese orden. La taxonomía precedió a la teoría evolutiva y preparó el terreno que Darwin necesitaría. Y seguimos utilizando categorías parcialmente semejantes.

De Linneo a Darwin: de la clasificación al árbol de la vida

Charles Darwin (1809–1882) transformó profundamente el significado de la Taxonomía. En *On the Origin of Species* (1859), las semejanzas y diferencias entre organismos pasaron de ser meros criterios de clasificación a interpretarse como huellas de ascendencia común. Darwin se apoyó en una vasta acumulación de observaciones y antecedentes: Georges Cuvier (1769–1832), Jean-Baptiste Lamarck (1744–1829), Alexander von Humboldt (1769–1859) –cuyos relatos de viajes fascinaron al joven Darwin–, James Hutton (1726–1797), Charles Lyell (1797–1875), Erasmus Darwin (1731–1802), Robert Chambers (1802–1871) y Alfred Russel Wallace (1823–1913).

La imagen del árbol filogenético de base cladística le dio al inventario tiempo y genealogía. Como enfatizaría el paleontólogo Stephen Jay Gould (1941–2002) (Eldredge & Gould, 1972), la historia biológica está atravesada por la contingencia. Cada especie actual es una superviviente provisional de un camino extraordinariamente largo, merecedora de un «respeto paleontológico». Más tarde, la síntesis evolutiva conectó genética y evolución; Theodosius Dobzhansky (1900–1975) resumió esta transformación en 1973 con su célebre frase: *Nothing in biology makes sense except in the light of evolution*, escrita en defensa de la ciencia frente al creacionismo.

La Biodiversidad perdida

La dimensión histórica nos obliga a considerar la Biodiversidad extinta: se estima que más del 99 % de las especies que han habitado la Tierra ya no existen (Taylor, 2004). La Biodiversidad actual representa solo una pequeña fracción de la historia de la vida. Reconocer y situar los fósiles proporciona puntos de calibración fundamentales para estimar tiempos de divergencia en filogenias moleculares. Una clasificación sin fósiles sería una historia escrita solo por los supervivientes.

Como afirmó el dramaturgo Heiner Müller (1929–1995) en su discurso del Premio Georg Büchner (1985): «Reflexionar sobre los muertos es un imperativo democrático: constituyen la mayoría de la humanidad». En la historia de la vida, los «muertos» constituyen una abrumadora mayoría, y su estudio es indispensable para comprender cómo se construyó el presente.

El renacimiento de la Biodiversidad y de la Taxonomía

Con la aceleración del cambio global, la pregunta de «¿qué especies existen?» adquirió una urgencia renovada. Los taxónomos custodian una memoria comparativa de la diversidad articulada a través de los herbarios y museos. Los herbarios son archivos de una Biodiversidad detenida en el tiempo: un ejemplar recogido hace un siglo puede responder hoy preguntas genómicas que su recolector ni siquiera podía imaginar.

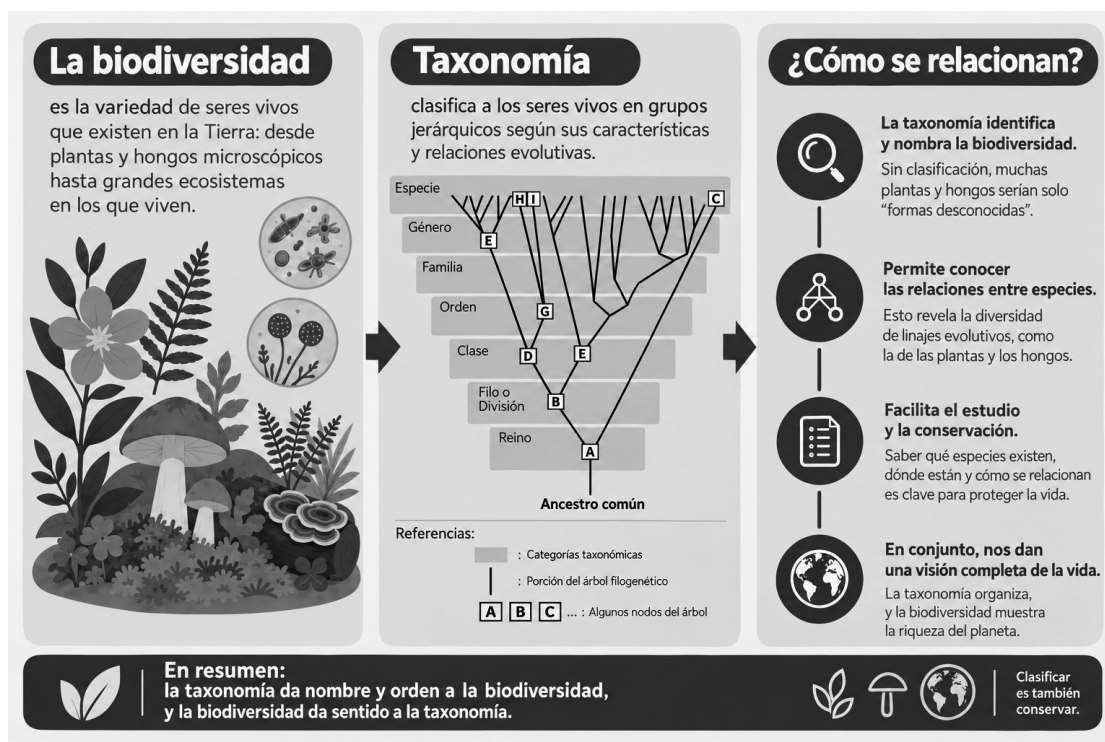


Figura 2. Esquema que relaciona Taxonomía y Biodiversidad.

La digitalización ha transformado las colecciones en plataformas de información integradora (Catalán, 2026). Este aspecto resulta crucial para la inteligencia artificial: la calidad y el significado biológico de los resultados algorítmicos dependerán directamente de la precisión con la que fueron identificados y conservados los ejemplares de referencia.

La especie: de la morfología a la unidad evolutiva

El concepto biológico de especie de Ernst Mayr (1942), basado en el aislamiento reproductivo, fue muy influyente pero presenta severos límites ante organismos asexuales, híbridos, poliploides o fúngicos. En botánica se ha recurrido tradicionalmente a discontinuidades morfológicas, aunque no existe un «carácter mágico» definitivo (Catalán, 2026).

Kevin de Queiroz (1998, 2005, 2007) propuso el Concepto General o Unificado de Linaje, definiendo la especie como un linaje de metapoblaciones que mantiene una trayectoria evolutiva independiente. Las propiedades como el aislamiento reproductivo, la discontinuidad morfológica o la monofilia o menos frecuentemente la parafilia, pasan a ser evidencias empíricas que respaldan esa independencia evolutiva. Esto permite separar la definición conceptual de especie de las metodologías prácticas empleadas para delimitarla, y además permite utilizar criterios genéticos numéricos como, por ejemplo, la distancia, evidenciando las relaciones entre poblaciones a cualquier otro nivel taxonómico (Del-Prado et al., 2010).

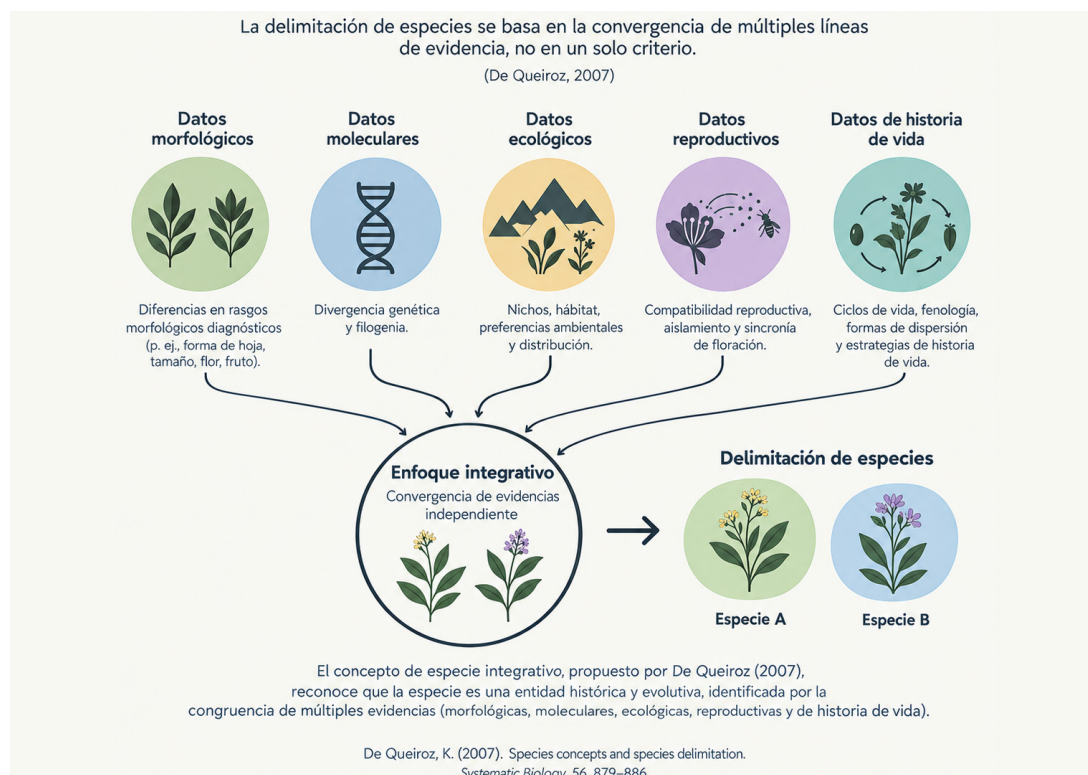


Figura 3. Representación de la convergencia de múltiples líneas de evidencia (morfología, ecología, genética, química) según el Concepto General de Linaje en las especies propuesto por de Queiroz.

Otras evidencias no bastan sin filogenia

Aunque la morfología es imprescindible, la convergencia evolutiva puede producir estructuras semejantes en linajes distantes. La llegada de la PCR (Kary Mullis, Premio Nobel 1993) y la secuenciación, revolucionaron la sistemática. En hongos, la región ITS se convirtió en el marcador universal de código de barras (*DNA barcode*) (Schoch et al., 2012). Sin embargo, una secuencia de ADN no es una especie: es una evidencia sobre un linaje, y una rama en un árbol filogenético no se convierte automáticamente en taxón formal.

Karbstein y colaboradores (2024) conceptualizaron este progreso metodológico como el paso de la **Species Delimitation 1.0** (basada en caracteres clásicos morfológicos) a la **Species Delimitation 2.0** (incorporación sistemática de datos moleculares) y a la **Species Delimitation 3.0** (aproximaciones integrativas multi-fuente), sentando las bases metodológicas que preludian la integración de la inteligencia artificial.

Mecanismos evolutivos en la formación de especies

Los procesos de especiación varían profundamente entre reinos. Como señaló Alfred Traverse (1988), las plantas parecen «marchar al ritmo de un tambor diferente». La hibridación, la introgresión y la poliploidía (autopoliploidía, alopoliploidía y aneuploidía; Stebbins, 1950; Soltis et al., 2014, 2015, 2016; Mason & Wendel, 2020) juegan un papel capital en el reino Plantae.

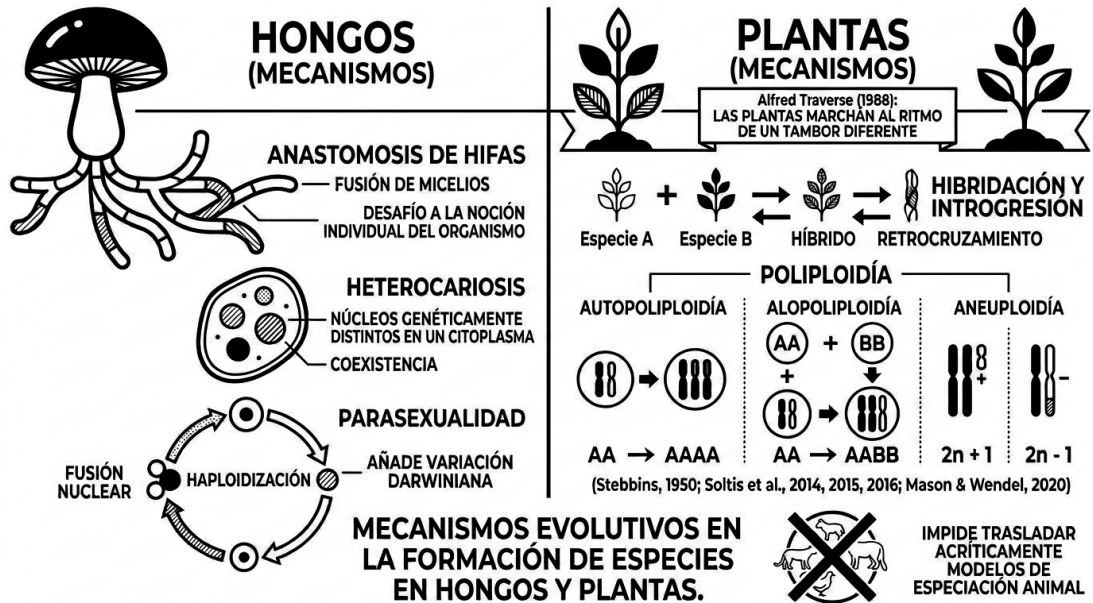


Figura 4. Diagrama de diferentes mecanismos de especiación en plantas y hongos. Una especie puede entenderse como un linaje evolutivo, pero los procesos mediante los cuales los linajes se separan, se mantienen o intercambian son muy diversos. Los mecanismos evolutivos no operan de la misma manera en las grandes ramas del árbol de la vida.

En los hongos, la complejidad se incrementa por fenómenos de heterocariosis (coexistencia de núcleos genéticamente distintos en un citoplasma) y parasexualidad (que introduce variación darwiniana añadida), así como por la anastomosis de hifas que fusiona micelios, desafiando la noción individual del organismo. Esto impide trasladar acríticamente los modelos de especiación animal a hongos y plantas.

Taxonomía Integrativa: de varias evidencias a una hipótesis de especie

La respuesta moderna a esta complejidad es la taxonomía integrativa (Dayrat, 2005), cuyo objetivo es combinar fuentes independientes de evidencia para contrastar hipótesis de linajes. Ante clados filogenéticos sin evidencias morfológicas o ecológicas definitivas, la taxonomía integrativa emplea denominaciones operativas como especies candidatas (*candidate species*) o Unidades Taxonómicas Operativas (OTU).

En el ámbito fúngico, Taylor et al. (2000) formalizaron el criterio GCPSR (*Genealogical Concordance Phylogenetic Species Recognition*), evaluando la concordancia entre genealogías de múltiples loci. La taxonomía integrativa evalúa dónde existen coincidencias y dónde emergen discrepancias, convirtiendo estas últimas en señales de historias evolutivas complejas.

Dark Taxa: los taxones oscuros

Al ampliar la escala de observación emergen los denominados *Dark Taxa* o taxones oscuros: grupos hiperdiversos donde menos del 10 % de las especies estimadas han recibido una descripción formal (Hartop et al., 2022). La «oscuridad» es estrictamente nuestra: refleja nuestro desconocimiento ante una inmensa diversidad de insectos, hongos y organismos microbianos.



Figura 5. Esquema del protocolo LIT (Large-Scale Integrative Taxonomy) a los *Dark Taxa*.

Para abordar este desafío, Hartop y colaboradores (2022) diseñaron el protocolo LIT (*Large-Scale Integrative Taxonomy*), combinando un cribado molecular masivo y rápido (*DNA Barcoding*) para agrupar especies putativas con la evaluación morfológica selectiva de especímenes de referencia. El protocolo demostró su eficacia al procesar más de 18.000 ejemplares de moscas fóridas (Phoridae) en Suecia. Este tipo de aproximaciones escalables constituirá un pilar esencial para alimentar adecuadamente a los modelos de inteligencia artificial.

Especies crípticas: la diversidad taxonómica que permanecía invisible

Un fenómeno fascinante en biología evolutiva son las especies crípticas: linajes evolutivamente independientes que no presentan diferencias morfológicas evidentes (Stengel et al., 2022; Lücking, Leavitt & Hawksworth, 2021). Crespo y Pérez-Ortega (2009) y Crespo y Lumbsch (2010) demostraron que este fenómeno alcanza una significación extraordinaria en los hongos liquenizantes.

Como advierte Lumbsch (2026), la estasis fenotípica puede persistir durante periodos evolutivos prolongados: linajes con profunda divergencia genética mantienen morfologías semejantes. Este escenario evoca la famosa deducción de Sherlock Holmes en *Estrella de Plata* (Conan Doyle, 1993): la ausencia de ladrido del perro durante la noche constituía la clave fundamental del caso. Análogamente, la falta de cambio morfológico visible no equivale a ausencia de historia evolutiva. Ignorar estas especies distorsiona gravemente los cálculos de Biodiversidad, biogeografía y tasas de diversificación.

Líquenes: cuando clasificar significa primero comprender qué estamos viendo

Los líquenes, con unas 20.000 especies descritas y una diversidad real ampliamente superior (Hawksworth & Lücking, 2017), constituyen un modelo idóneo para analizar estas cuestiones. Lo que observamos como una unidad vegetativa (el talo) se nombra taxonómicamente a partir del hongo (micobionte), aunque funciona ecológicamente como un sistema fotosintético al asociarse con algas o cianobacterias (fotobionte).

Históricamente clasificados entre las algas por Linneo, su naturaleza dual fue descifrada por Simon Schwendener (1829–1919), y Heinrich Anton de Bary (1831–1888) acuñó en 1879 el término *simbiosis* a partir de ellos. Como rememora Leopoldo G. Sancho en *El triunfo de una extraña amistad* (2024), la simbiosis es un motor evolutivo central. Las investigaciones del grupo de Eva Barreno demostraron que el esquema clásico «un hongo + un alga» es insuficiente: en *Ramalina farinacea* coexisten habitualmente dos fotobiontes del género *Trebouxia* (*T. jamesii* y *T. lynnae*) con respuestas fisiológicas diferenciales (Casano et al., 2011; Expósito et al., 2020; Moya et al., 2020).

Sumado al descubrimiento del microbioma bacteriano y de hongos endoliquénicos (Spribille et al., 2022), el líquen se revela como un complejo holobionte. Dado que la liquenización ha surgido como una estrategia nutricional, de forma polifilética en diversas ramas de Ascomycota (especialmente Lecanoromycetes) y Basidiomycota (Gargas et al., 1995; Lumbsch, 2026), la pregunta taxonómica reemerge con fuerza: ¿qué estamos mirando?

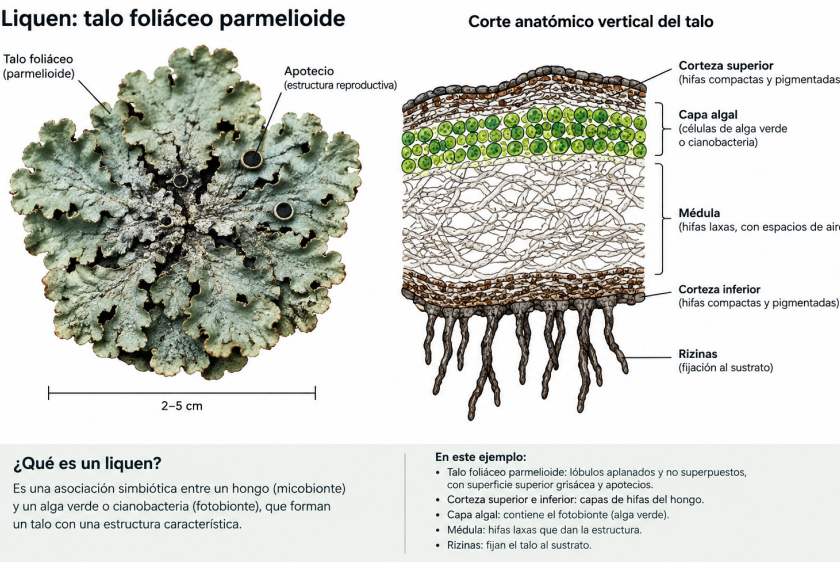


Figura 6. Morfologías representativas de los líquenes: talo foliáceo.

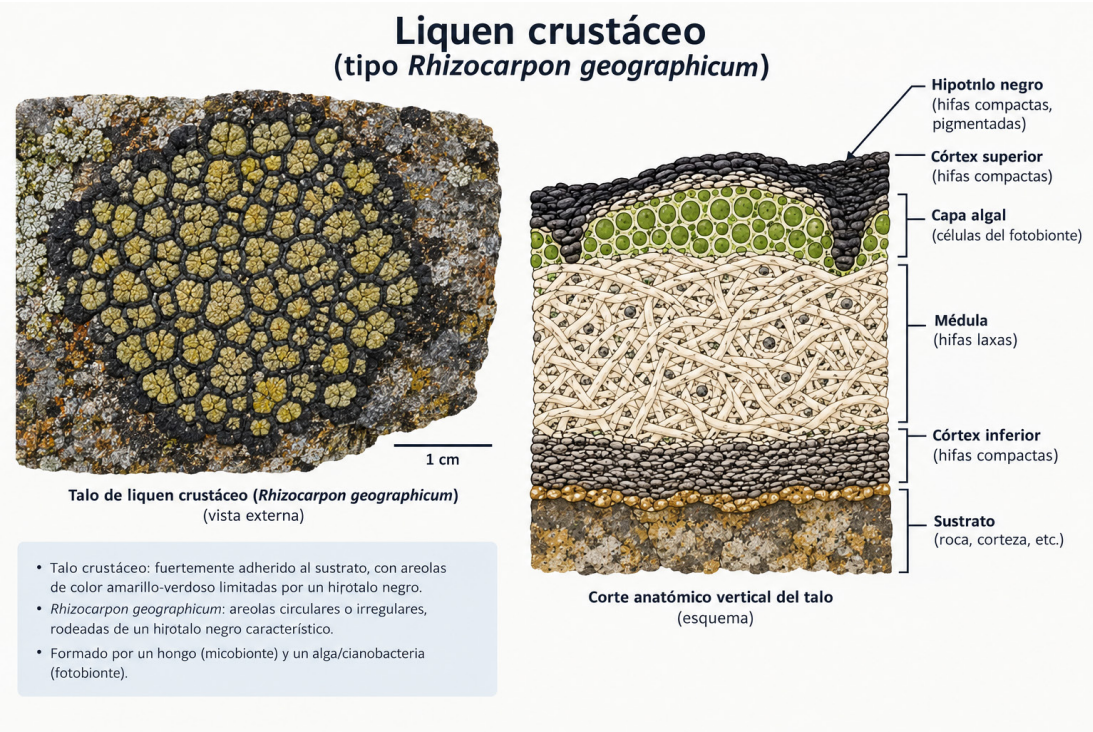


Figura 7. Morfología representativa de los líquenes: talo crustáceo.

El líquen como desafío taxonómico: hongo, fotobionte y microbioma

La caracterización de la diversidad fotosintética muestra que un mismo micobionte puede asociarse con distintos fotobiontes, y viceversa. En la tesis de Beatriz Roca Valiente (2013) sobre el grupo *Rhizocarpon geographicum*, se constató que *Trebouxia jamesii* y *T. angustilobata* eran los biontes fotosintéticos predominantes, mostrando una flexibilidad asociativa sin selectividad estricta hacia un único haplotipo algal.

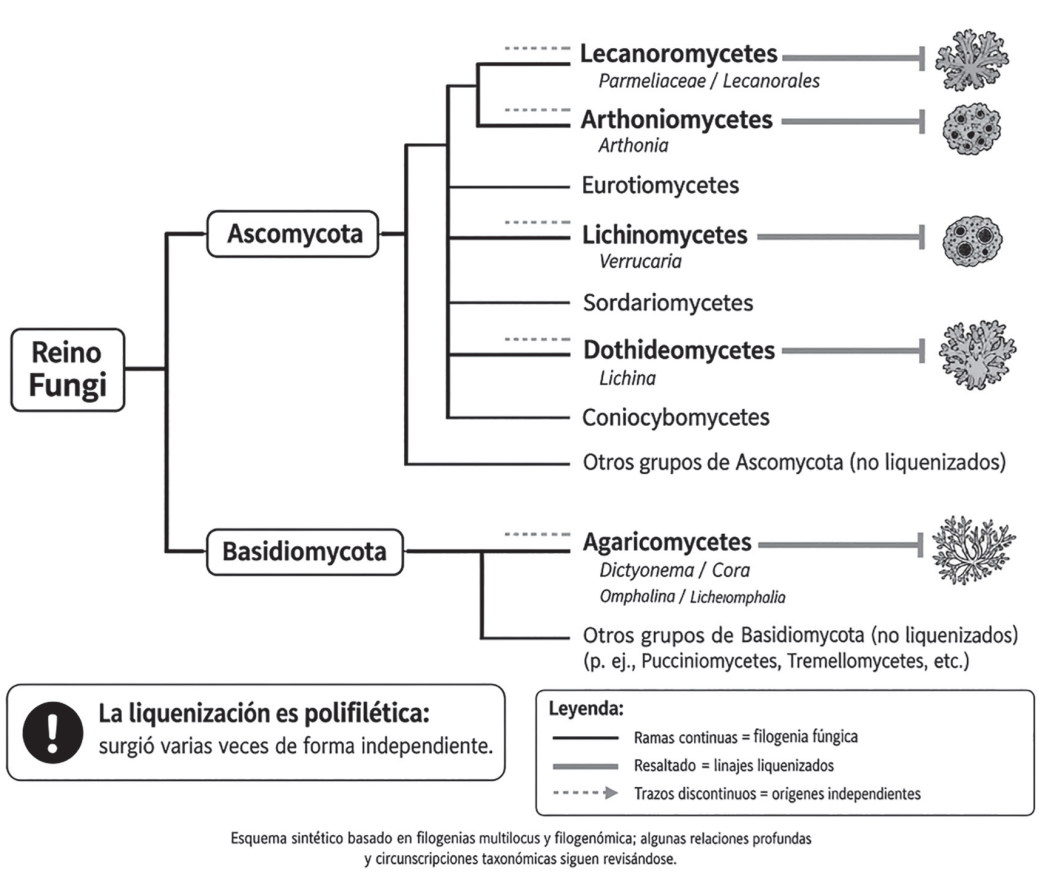


Figura 8. Árbol filogenético esquemático de los linajes de hongos que incluyen líquenes.

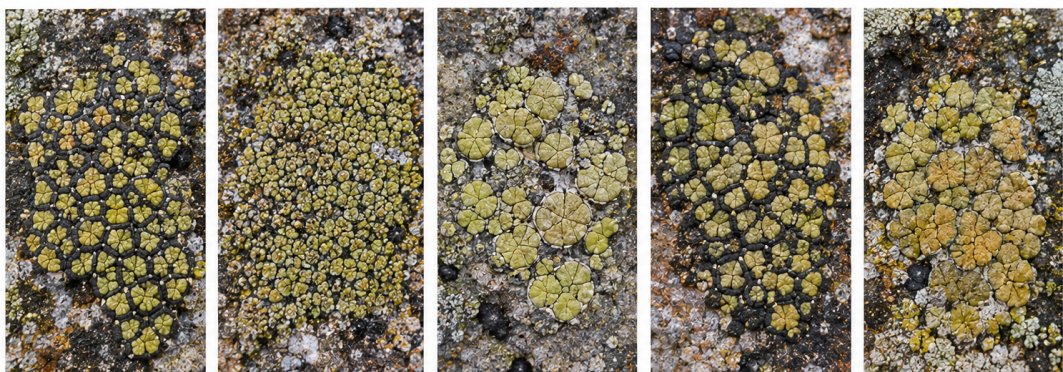
A esta estructura se añade el microbioma fúngico y bacteriano asociado, un ámbito donde sobresalen las aportaciones fundamentales de David L. Hawksworth (Spribille et al., 2022). Es imprescindible distinguir entre la taxonomía del hongo formador y la caracterización ecológica de la comunidad holobiótica. No obstante, los caracteres morfológicos clásicos (estructuras reproductoras, soredios, isidios y metabolitos secundarios) continúan siendo indispensables para articular una hipótesis integrativa.

***Rhizocarpon geographicum*: cuando diecisiete nombres cuentan una sola historia**

Rhizocarpon geographicum es el líquen crustáceo saxícola por excelencia de los paisajes alpinos y una herramienta clave en liquenometría. En 1963, el poeta y ensayista Hans Magnus Enzensberger dedicó a estos organismos su poema *Flechtenkunde* (Liquenología), definiéndolos admirablemente como «el más lento telegrama de la Tierra».

Variabilidad morfológica de *Rhizocarpon geographicum*

La forma, tamaño y color de las areolas, así como la presencia o ausencia de un hipotalo negro, pueden variar considerablemente en una misma especie.



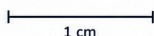
1. Areolas pequeñas, con hipotalo negro bien desarrollado.

2. Areolas pequeñas y numerosas, sin hipotalo negro evidente.

3. Areolas grandes y dispersas, sin hipotalo negro evidente.

4. Areolas de tamaño medio, irregulares, con hipotalo negro parcial.

5. Areolas grandes e irregulares, sin hipotalo negro.



• Esta variabilidad hace que *Rhizocarpon geographicum* sea una especie de difícil reconocimiento solo por caracteres morfológicos.

Figura 9. Variedad morfológica de *Rhizocarpon geographicum* (imágenes ideográficas).

Ciertamente, las tasas de crecimiento de líquenes saxícolas pueden ser extremadamente reducidas: Sancho et al. (2007) registraron en *Buellia frigida* en los Valles Secos de McMurdo (Antártida) valores de solo 0,01 mm/año (frente a 0,87 mm/año en zonas marítimas antárticas). Para dilucidar si la variabilidad morfológica de *R. geographicum* ocultaba especies crípticas, la tesis doctoral de Beatriz Roca Valiente (2013) –dirigida por S. Pérez-Ortega, L.G. Sancho y por mí misma– analizó de forma integrativa 229 especímenes pertenecientes a 17 taxones morfológicos reconocidos.

El resultado fue contundente: los 17 taxones se integraban en un único linaje principal coherente con un concepto amplio de *R. geographicum*, proponiéndose la sinonimia de los otros 16 binómenes (Roca Valiente, 2013). La taxonomía clásica basada en caracteres químicos y morfológicos minoritarios había fragmentado en exceso una única especie debido a rasgos homoplásicos. En este caso, diecisiete nombres contaban esencialmente una sola historia evolutiva.

Tiempo evolutivo y crecimiento: dos relojes muy distintos

Es fundamental distinguir entre la velocidad del crecimiento vegetativo y la tasa de cambio evolutivo (Armstrong, 1983, 2011; Bradwell & Armstrong, 2007). Un talo crustáceo puede crecer fracciones de milímetro al año y pertenecer a un linaje con una rica historia de diversificación, mientras que especies foliáceas de rápido crecimiento pueden mostrar tasas de especiación distintas. Son dos relojes biológicos que responden a escalas temporales diferentes.

La historia evolutiva de los líquenes (liquenización)

El origen de la liquenización continúa siendo objeto de intenso debate debido a la escasez del registro fósil. Frente a estimaciones moleculares precámbricas (Heckman et al., 2001; Lücking et al., 2009; Beimforde et al., 2014), la controversia sobre la interpretación de fósiles clave como *Paleoscorpis devonicus* (Berbee & Taylor, 1993, 2010; Taylor et al., 1999) mantiene abiertas distintas hipótesis.



Figura 11. Ilustración de los líquenes a lo largo de los tiempos geológicos; los líquenes representados no corresponden necesariamente a taxones reconocibles.

Los fósiles de líquenes inequívocos más antiguos datan del Devónico inferior (419,6–393,5 Ma) (Taylor et al., 1997; Lutzoni et al., 2018). La ausencia de formas liquenizadas en Ascomycota y Basidiomycota basales sugiere que la liquenización es una estrategia nutricional derivada (Lutzoni et al., 2004; Schoch et al., 2009; Prieto & Wedin, 2013; Redecker & Raab, 2006). En Ascomycota (Leotiomycetes), las asociaciones surgieron en el Carbonífero (Schwartzman, 2010; Prieto & Wedin, 2013), registrando importantes radiaciones en el Jurásico, Cretácico y Cenozoico (Amo de Paz et al., 2011).

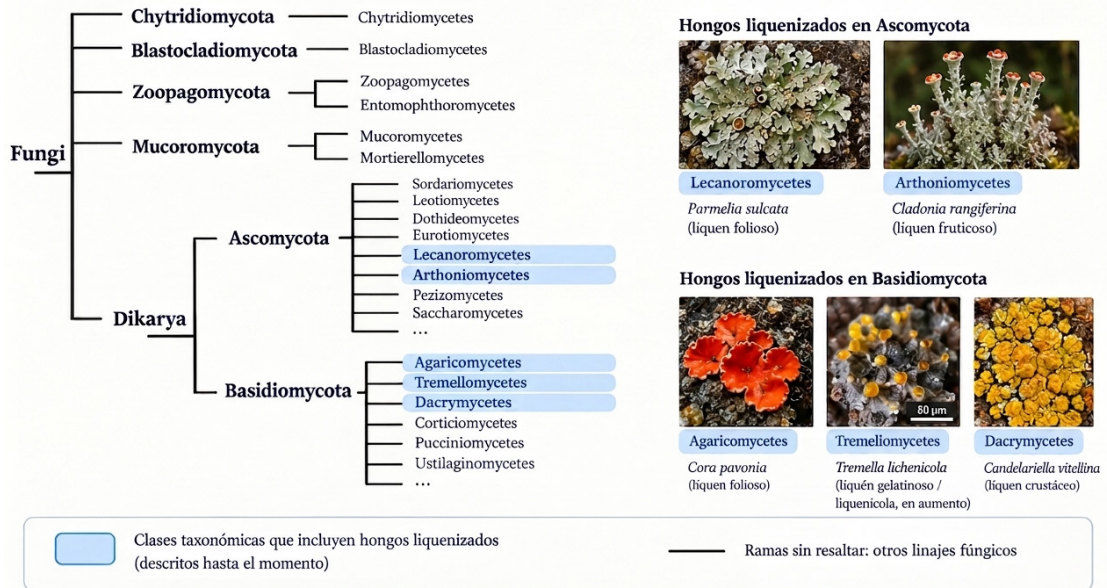


Figura 12. Filogenia del reino Fungi destacando la distribución polifilética de los linajes liquenizados en Ascomycota y Basidiomycota.

Como sostiene Lumbsch (2026) en la *Encyclopedia of Evolutionary Biology* resulta fascinante la coevolución entre la diversificación de Parmeliaceae y la expansión de las angiospermas, que ofrecieron nuevas superficies de corteza (Brodo, 1973; Bell et al., 2005, 2010; Clarke et al., 2011; Jaklitsch et al., 2015). Asimismo, Lumbsch, en la citada obra, advierte de la vigencia e interés de la pregunta ya clásica en la liquenología moderna sobre si la liquenización se originó una única vez o en múltiples eventos independientes (Gargas et al., 1995; Lutzoni et al., 2001).

Estimación del conocimiento actual de la Biodiversidad

Conocer la Biodiversidad no consiste en inflar un catálogo de nombres. Exige comprender la identidad evolutiva, variabilidad, distribución y relaciones de cada taxón.

El conocimiento distribuido de forma tan desigual entre distintos grupos de organismos distorsiona la biología de la conservación y la biogeografía. Antes de pedir a la inteligencia

artificial que interprete la biosfera, debemos garantizar la solidez de los datos taxonómicos sobre los que trabajará.

Estimaciones globales de especies y especies formalmente descritas

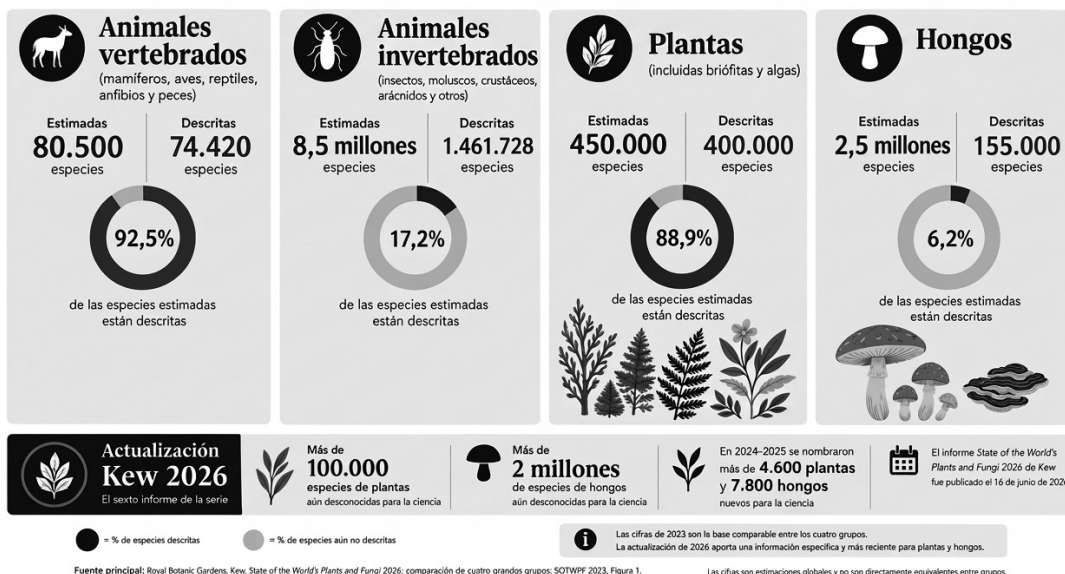


Figura 13. Gráfico que contrapone la fracción de Biodiversidad formalmente descrita frente al inmenso volumen de diversidad oculta. Tanto animales invertebrados como hongos se consideran como *Dark Taxa*.

Taxonomía y colecciones en la era genómica

Los especímenes de herbario y museo son anclas materiales de información biológica. Pilar Catalán (2026) define como *museómica* y *herbariómica* a las disciplinas que extraen genomas completos de estos materiales históricos.

El concepto de *Extended Specimen* (especimen extendido) vincula el testigo físico con secuencias, imágenes, datos ecológicos y geográficos en una red de trazabilidad digital. Frente a la secuenciación masiva ambiental (eDNA), las colecciones físicas aportan la referencia nomenclatural imprescindible para anclar los datos en entidades biológicas reales.

Delimitación de Especies 4.0: la Inteligencia Artificial

Karbstein y colaboradores (2024) definen la *Species Delimitation 4.0* como el encuentro entre la taxonomía integrativa y la inteligencia artificial, donde redes neuronales y aprendizaje automático procesan matrices genómicas, fenotípicas y bioclimáticas a escalas masivas. La

propuesta LIT podría funcionar en grupos en los cuales el porcentaje de especies descritas sea suficiente (proporción aún discutible).

No obstante, como advierte Chris Bivins (2026) en *Nature* («AI needs solid botanical data more than ever»), la IA requiere una calibración botánica humana experta. Las máquinas detectan agrupaciones estadísticas, pero solo el criterio taxonómico biológico puede discernir si representan especies, variaciones poblacionales o artefactos de muestreo.

El límite epistemológico de la IA en taxonomía: no podemos inferir especies no descritas

La tesis central de esta lección es contundente: no podemos esperar que una inteligencia artificial reconstruya de manera fiable, las relaciones evolutivas de un grupo cuya diversidad catalogada permanece ampliamente desconocida. Esto es particularmente evidente en los *Dark Taxa*, entre los cuales están los hongos.



Figura 14. Resumen funcional de las fortalezas de la IA (reconocimiento de patrones masivos) frente a sus límites epistemológicos (necesidad de validación taxonómica experta).

Cuanto más incompleto sea el inventario taxonómico y peor la calidad de los datos de referencia, más frágil será el valor científico de las inferencias algorítmicas. La taxonomía actúa como la infraestructura epistemológica indispensable de la IA aplicada a la Biodiversidad.

Epílogo: una apología de la Taxonomía

Imaginemos por última vez un líquen sobre una roca. A nuestros ojos se presenta como una pequeña mancha de color, aparentemente inmóvil, adherida a la piedra. Podemos secuenciar su ADN, estudiar su fotobionte y pedir a una inteligencia artificial que procese sus datos en milisegundos. Pero antes y después permanece la misma pregunta: ¿qué estamos mirando?

Linneo proporcionó el lenguaje para nombrar la diversidad; Darwin convirtió ese orden en historia; la genética leyó esa historia en las moléculas; y la IA nos permite explorarla a escalas inauditas. Sin embargo, la velocidad de procesamiento no sustituye la profundidad de la comprensión biológica.

Como afirmó el Premio Nobel Christian Lange: «La tecnología es un sirviente útil, pero un patrón peligroso». Y como recordó Einstein con perspicacia: «A Dios no le importan nuestras dificultades matemáticas: Él integra de manera empírica».

La taxonomía del siglo XXI integra la observación naturalista con la precisión genómica. Esta apología no es una defensa nostálgica del pasado, sino una exigencia de futuro. Mientras exista un linaje no descrito o un nombre mal asignado, la labor del taxónomo seguirá siendo imprescindible. Y mientras no conozcamos la diversidad de la vida y, en particular, los grandes taxones oscuros, ninguna inteligencia -humana o artificial- podrá interpretar suficientemente su historia evolutiva. Pero sepamos que nos estamos perdiendo algo.

He dicho.

Referencias Bibliográficas

- Acharius, E. (1803). Methodus qua omnes detectos lichenes secundum organa carpomorpha ad genera. Ulrich.
- Alors, D., Lumbsch, H. T., Divakar, P. K., Leavitt, S. D. & Crespo, A. (2016). An Integrative Approach for Understanding Diversity in the *Punctelia rudecta* Species Complex (Parmeliaceae, Ascomycota). PLoS ONE, 11(2), e0146537.
- Amo de Paz, G., Cubas, P., Divakar, P. K. et al. (2011). Origin and diversification of major clades in parmelioid lichens (Parmeliaceae, Ascomycota) during the Paleogene inferred by Bayesian analysis. PLoS ONE, 6(12), e2816.
- Armstrong, R. A. (1983). Growth curve of the lichen *Rhizocarpon geographicum*. New Phytologist, 94, 619–622.
- Armstrong, R. A. (2011). The biology of the crustose lichen *Rhizocarpon geographicum*. Symbiosis, 55, 53–67.
- Beimforde, C., Feldberg, K., Nylander, S. et al. (2014). Estimating the Phanerozoic history of the Ascomycota lineages: combining fossil and molecular data. Molecular Phylogenetics and Evolution, 78, 386–398.
- Bell, C. D., Soltis, D. E. & Soltis, P. S. (2005). The age of the angiosperms: A molecular timescale without a clock. Evolution, 59, 1245–1258.
- Bell, C. D., Soltis, D. E. & Soltis, P. S. (2010). The age and diversification of the angiosperms re-revisited. American Journal of Botany, 97, 1296–1303.
- Berbee, M. L. & Taylor, J. W. (1993). Dating the evolutionary radiations of the true fungi. Canadian Journal of Botany, 71, 1114–1127.
- Berbee, M. L. & Taylor, J. W. (2010). Dating the molecular clock in fungi—how close are we? Fungal Biology Reviews, 24, 1–16.
- Bivins, C. (2026). AI needs solid botanical data more than ever. Nature, 652(8110), 543.
- Bradwell, T. & Armstrong, R. A. (2007). Growth rates of *Rhizocarpon geographicum* lichens: a review with new data from Iceland. Journal of Quaternary Science, 22, 311–320.
- Brodo, I. M. (1973). Substrate ecology. En V. Ahmadjian & M. E. Hale (Eds.), The lichens (pp. 401–441). Academic Press, New York and London.
- Casano, L., del Campo, E., García-Breijo, F., Reig-Armiñana, J., Gasulla, F., Guéra, A. & Barreno, E. (2011). Two *Trebouxia* algae with different physiological performances are ever-

present in lichen thalli of *Ramalina farinacea*. Coexistence versus Competition? *Environmental Microbiology*, 13(3), 806–818.

Catalán, P. (2026). *Botánica sistemática y evolutiva, una visión integradora*. Lección magistral, Universidad de Zaragoza, 18 de septiembre de 2026.

Clarke, J. T., Warnock, R. C. M. & Donoghue, P. C. J. (2011). Establishing a time-scale for plant evolution. *New Phytologist*, 192, 266–301.

Conan Doyle, Arthur. (1993). *Estrella de plata. Las memorias de Sherlock Holmes*, Anaya, 15-41 pp.

Corrigendum (2021). A revision of species of the *Parmelia saxatilis* complex in the Iberian Peninsula with the description of *P. rojoi*, a new potentially relict species. *The Lichenologist*, 52(6), 459.

Crespo, A. & Lumbsch, H. T. (2010). Cryptic species in lichen-forming fungi. *IMA Fungus*, 1, 167–170.

Crespo, A. & Pérez-Ortega, S. (2009). Cryptic species and species pairs in lichens. *Anales del Jardín Botánico de Madrid*, 66(S1), 71–81.

Crespo, A., Rico, V. J., Garrido, E., Lumbsch, H. T. & Divakar, P. K. (2020). A revision of species of the *Parmelia saxatilis* complex in the Iberian Peninsula with the description of *P. rojoi*, a new potentially relict species. *The Lichenologist*, 52(5), 365–376.

Crespo, A., Rico, V. J., Garrido, E., Lumbsch, H. T. & Divakar, P. K. (2021). A revision of species of the *Parmelia saxatilis* complex in the Iberian Peninsula with the description of *P. rojoi* – CORRIGENDUM. *The Lichenologist*, 52(6), 459.

Dawkins, R. (2008). *El cuento del antepasado: un viaje a los albores de la evolución*. Antoni Bosch Editor, Barcelona.

Dayrat, B. (2005). Towards integrative taxonomy. *Biological Journal of the Linnean Society*, 85, 407–415.

Del-Prado, R., Cubas, P., Lumbsch, H. T., Divakar, P. K., Blanco, O., Amo de Paz, G., Molina, M. C. & Crespo, A. (2010). Genetic distances within and among species in monophyletic lineages of *Parmeliaceae* (Ascomycota) as a tool for taxon delimitation. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 56(1), 125–133.

De Queiroz, K. (1998). The general lineage concept of species, species criteria, and the process of speciation. In D. J. Howard & S. H. Berlocher (Eds.), *Endless Forms: Species and Speciation*, pp. 57–75. Oxford University Press.

- De Queiroz, K. (2005). Ernst Mayr and the modern concept of species. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 102(Suppl. 1), 6600–6607.
- De Queiroz, K. (2007). Species concepts and species delimitation. *Systematic Biology*, 56, 879–886.
- Devesa-Alcaraz, J. A. & Carrión-García, J. S. (2012). *Las plantas con flor: apuntes sobre su origen, clasificación y diversidad*. Servicio de Publicaciones, Universidad de Córdoba.
- Dobzhansky, T. (1973). Nothing in Biology Makes Sense Except in the Light of Evolution. *The American Biology Teacher*, 35, 125–129.
- Eldredge, N. & Gould, S. J. (1972). Punctuated equilibria: an alternative to phyletic gradualism. En T. J. M. Schopf (Ed.), *Models in Paleobiology*, pp. 82–115. Freeman, Cooper.
- Expósito, J. R., Coello, A. J., Barreno, E., Casano, L. M. & Catalá, M. (2020). Endogenous NO is involved in dissimilar responses to rehydration and $\text{Pb}(\text{NO}_3)_2$ in *Ramalina farinacea* thalli and its isolated phycobionts. *Microbial Ecology*, 79(3), 604–616.
- Gargas, A., DePriest, P. T., Grube, M. & Tehler, A. (1995). Multiple origins of lichen symbioses in fungi suggested by SSU rDNA phylogeny. *Science*, 268(5216), 1492–1495.
- Hartop, E., Srivathsan, A., Ronquist, F. & Meier, R. (2022). Towards Large-Scale Integrative Taxonomy (LIT): resolving the data conundrum for dark taxa. *Systematic Biology*, 71, 1404–1422.
- Hawksworth, D. L. & Lücking, R. (2017). Fungal diversity revisited: 2.2 to 3.8 million species. *Microbiology Spectrum*, 5(4), FUNK-0052-2016.
- Heckman, D. S., Geiser, D. M., Eidell, B. R. et al. (2001). Molecular evidence for the early colonization of land by fungi and plants. *Science*, 293, 1129–1133.
- Heywood, V. H. (Ed.). (1995). *Global Biodiversity Assessment*. Cambridge University Press.
- IPBES. (2019). *Global assessment report on biodiversity and ecosystem services of the Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services*. IPBES Secretariat.
- Karbstein, K., Kösters, L., Hodač, L., Hofmann, M., Hörandl, E., Tomasello, S., Wagner, N. D., Emerson, B. C., Albach, D. C., Scheu, S., Bradler, S., de Vries, J., Irisarri, I., Li, H., Soltis, P., Mäder, P. & Wäldchen, J. (2024). Species delimitation 4.0: integrative taxonomy meets artificial intelligence. *Trends in Ecology & Evolution*, 39(8), 771–784.
- Linnaeus, C. (1753). *Species Plantarum*. Laurentii Salvii.

Linnaeus, C. (1758). *Systema Naturae*, 10th ed. Laurentii Salvii.

Lücking, R., Huhndorf, S., Pfister, D. H. et al. (2009). Fungi evolved right on track. *Mycologia*, 101, 810–822.

Lücking, R., Leavitt, S. D. & Hawksworth, D. L. (2021). Species in lichen-forming fungi: Balancing between conceptual and practical considerations, and between phenotype and phylogenomics. *Fungal Diversity*, 109, 99–154.

Lumbsch, H. T. (2026). Diversification of Lichen-Forming Fungi. En J. B. Wolf & C. A. d. M. Russo (Eds.), *Encyclopedia of Evolutionary Biology*, 2nd ed., vol. 3, pp. 198–206. Elsevier/Academic Press.

Lutzoni, F., Nowak, M. D., Alfaro, M. E., Reeb, V., Miadlikowska, J., Krug, M., Arnold, A. E., Lewis, L. A., Swofford, D. L., Hibbett, D., Hilu, K., James, T. Y., Quandt, D. & Magallón, S. (2018). Contemporaneous radiations of fungi and plants linked to symbiosis. *Nature Communications*, 9, 5451.

Lutzoni, F., Kauff, F., Cox, C. et al. (2004). Assembling the fungal tree of life: Progress, classification, and evolution of subcellular traits. *American Journal of Botany*, 91, 1446–1480.

Mason, A. S. & Wendel, J. F. (2020). Mechanisms of gene and genome duplication and their effects on genome evolution. *Nature Reviews Genetics*, 21, 759–775.

Mayr, E. (1942). *Systematics and the Origin of Species*. Columbia University Press.

Moya, P., Molins, A., Chiva, S. & Barreno, E. (2020). Symbiotic microalgal diversity within lichenicolous lichens and crustose hosts on Iberian Peninsula gypsum biocrusts. *Sci Rep* 10, 14060.

Núñez-Zapata, J., Divakar, P. K., Del-Prado, R., Cubas, P., Hawksworth, D. L. & Crespo, A. (2011). Conundrums in species concepts: the discovery of a new cryptic species segregated from *Parmelina tiliacea* (Ascomycota: Parmeliaceae). *The Lichenologist*, 43(6), 603–616.

Núñez-Zapata, J., Cubas, P., Hawksworth, D. L. & Crespo, A. (2015). Biogeography and Genetic Structure in Populations of a Widespread Lichen (*Parmelina tiliacea*, Parmeliaceae, Ascomycota). *PLoS ONE*, 10(5), e0126981.

Prieto, M. & Wedin, M. (2013). Dating the diversification of the major lineages of Ascomycota (fungi). *PLoS ONE*, 8, e65576.

Ramón y Cajal, S. (1897). *Fundamentos racionales y condiciones técnicas de la investigación biológica*. Discurso de Ingreso, Real Academia de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales.

Redecker, D. & Raab, P. (2006). Phylogeny of the Glomeromycota (arbuscular mycorrhizal fungi): Recent developments and new gene markers. *Mycologia*, 98, 885–895.

Roca Valiente, B. (2013). Estudio filogenético del grupo de *Rhizocarpon geographicum* (Líquenes, Rhizocarpaceae, Ascomycota). Análisis contrastado de los caracteres morfológicos y los patrones biogeográficos. Tesis Doctoral, Universidad Complutense de Madrid.

Rousseau, J.-J. (1771–1773). *Lettres élémentaires sur la botanique*.

Sancho, L. G. (2024). El triunfo de una extraña amistad. Las simbiosis entre vegetales y otros organismos mueven el mundo. Ed. Pirámide.

Sancho, L. G., Green, T. G. A. & Pintado, A. (2007). Slowest to fastest: Extreme range in lichen growth rates supports their use as an indicator of climate change in Antarctica. *Flora*, 202(8), 667–673.

Schmitt, I., Crespo, A., Divakar, P. K., Fankhauser, J. D., Herman-Sackett, E., Kalb, K., Mattsson, J.-E., Nelson, M. P., Nelsen, M. P., Lumbsch, H. T. & Del-Prado, R. (2009). New primers for promising single-copy genes in fungal phylogenetics and systematics. *Persoonia*, 23(1), 35–40.

Schoch, C. L., Seifert, K. A., Huhndorf, S., Robert, V., Spouge, J. L., Levesque, C. A., Chen, W. & the Fungal Barcoding Consortium. (2012). Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. *PNAS*, 109(16), 6241–6246.

Schoch, C. L., Sung, G. H., Lopez-Giraldez, F. et al. (2009). The Ascomycota tree of life: A phylum-wide phylogeny clarifies the origin and evolution of fundamental reproductive and ecological traits. *Systematic Biology*, 58, 224–239.

Schwartzman, D. W. (2010). Was the origin of the lichen symbiosis triggered by declining atmospheric carbon dioxide levels? *Bibliotheca Lichenologica*, 105, 191–196.

Soltis, P. S. et al. (2014). Polyploidy and genome evolution in plants. *Current Opinion in Genetics & Development*, 29, 1–8.

Soltis, P. S. et al. (2015). Polyploidy in plants. *American Journal of Botany*, 102, 1700–1708.

Soltis, P. S. et al. (2016). The role of polyploidy in plant evolution. *New Phytologist*, 209, 178–184.

Spribille, T., Resl, P., Stanton, D. E. & Tagirdzhanova, G. (2022). Evolutionary biology of lichen symbioses. *New Phytologist*, 234, 1566–1582.

Stace, C. A. (1989). *Plant taxonomy and biosystematics* (2nd ed.). E. Arnold, London.

Stebbins, G. L. (1950). *Variation and Evolution in Plants*. Columbia University Press.

Stengel, A., Stanke, K. M., Quattrone, A. C. & Herr, J. R. (2022). Improving taxonomic delimitation of fungal species in the age of genomics and phenomics. *Frontiers in Microbiology*, 13, 847067.

Taylor, P. D. (2004). Extinction and the fossil record. En P. D. Taylor (Ed.), *Extinctions in the History of Life*. Cambridge University Press.

Taylor, J. W., Jacobson, D. J., Kroken, S., Kasuga, T., Geiser, D. M., Hibbett, D. S. & Fisher, M. C. (2000). Phylogenetic species recognition and species concepts in fungi. *Fungal Genetics and Biology*, 31, 21–32.

Taylor, J. W. & Berbee, M. L. (2006). Dating divergences in the fungal tree of life: Review and new analyses. *Mycologia*, 98, 838–849.

Taylor, T. N., Hass, T. & Kerp, H. (1999). The oldest fossil ascomycetes. *Nature*, 399, 648.

Taylor, T. N., Hass, H. & Kerp, H. (1997). A cyanolichen from the Lower Devonian Rhynie Chert. *American Journal of Botany*, 84, 992–1004.

Traverse, A. (1988). Plant evolution dances to a different beat. *Historical Biology*, 654, 277–301.

Wilson, E. O. (1988). *Biodiversity*. National Academy Press.

Wilson, E. O. (1992). *The Diversity of Life*. Harvard University Press.