

Jerzy André Brzozowski

**TÁXONS BIOLÓGICOS:
aspectos semânticos e metafísicos**

Tese apresentada ao programa de Pós-Graduação
em Filosofia da Universidade Federal de Santa
Catarina, para a obtenção do título de doutor em
filosofia.

Orientador: Prof. Dr. Gustavo Caponi

Florianópolis
2012

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor,
através do Programa de Geração Automática da Biblioteca Universitária da UFSC.

Brzozowski, Jerzy André
Táxons biológicos [tese] : aspectos semânticos e
metafísicos / Jerzy André Brzozowski ; orientador, Gustavo
Caponi - Florianópolis, SC, 2012.
182 p. ; 21cm

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Santa
Catarina, Centro de Filosofia e Ciências Humanas. Programa
de Pós-Graduação em Filosofia.

Inclui referências

1. Filosofia. 2. Táxons biológicos. 3. Nomes próprios. 4.
Teoria da referência. 5. Critério de identidade. I.
Caponi, Gustavo. II. Universidade Federal de Santa
Catarina. Programa de Pós-Graduação em Filosofia. III. Título.

Para Artur.

Agradecimentos

Em quatro anos e meio de trabalho, tornamo-nos devedores de agradecimentos a muito mais pessoas do que é possível listar em uma única página. Portanto, sem pretender exaurir a lista de designadores rígidos que teria obrigação de mencionar, gostaria de expressar meus sinceros agradecimentos:

Em primeiro lugar, a meu orientador, Gustavo Caponi, por acreditar neste projeto desde quando ele era sobre evo-devo (?!). O apoio prestado por Gustavo e sua família a minha família transcende em muito quaisquer limites razoáveis que o termo “orientador” possa conotar; ele é, verdadeiramente, um amigo. Além de me ensinar a fazer filosofia da biologia, nos momentos certos, ele impediu que o sono de minha razão produzisse demônios.

Aos outros dois membros vitalícios da *Mesa dos Naturalistas*, os amigos biólogos, filósofos e historiadores da biologia João Francisco Botelho e Frederico Felipe de Almeida Faria. Muitas das ideias fundamentais deste trabalho foram produto do café e da conversa naquela mesa.

Aos membros da banca de defesa, Guillermo Folguera, Marisa Russo, Celso Braidá, Cezar Mortari e Décio Krause, pelas instigantes perguntas e comentários. Além de Braidá, Mortari, e Krause, agradeço aos também professores do Departamento de Filosofia da UFSC Alberto Cupani e Luiz Henrique Dutra, pelas discussões em disciplinas, grupos de estudo, grupos de pesquisa ou congressos.

A Kenneth Vernon e Makmiller Pedroso, coparticipantes da sessão “Biological Taxa, Essentialism, and the Individuality Thesis”, durante o ISHPSSB 2011, pelos *insights* que suas comunicações provocaram. Em particular, Makmiller, pelo fato de ter estado trabalhando em uma tese com um assunto muito próximo ao desta, sob orientação de Marc Ereshefsky, se tornou um importantíssimo interlocutor de muitos dos assuntos aqui discutidos. Em um mundo possível no qual não conheci Mak, o capítulo 3 desta tese é muito mais pobre.

A outros pesquisadores que conheci durante o ISHPSSB 2011: John Collier, Matt Haber, Andrew Hamilton, Joel Velasco, e Cailin O’Connor Weatherall.

A Marc Ereshefsky e Oliver Rieppel, por terem enviado material no prelo.

Aos colegas da UFFS, pela compreensão e apoio.

À CAPES, pelo apoio financeiro.

A todos meus familiares (no sentido polifilético), pelo apoio constante, e em especial durante a mudança para Erechim.

Aos colegas de doutorado e amigos Ivan Ferreira da Cunha, Carol Murr, Jonas Arenhart e Felipe Lauer Neto, por discussões, conversões de café em ideias (algumas sérias, outras nem tanto), e festas em congressos.

Aos amigos filósofos da biologia brasileiros: Celso Neto, Nei Nunes Neto, e Charbel El-Hani.

Aos amigos João Felipe Santos e Ciana Lopes Bodini.

Aos meus pais Jerzy e Denise, e meu irmão Julian.

A minha esposa Fabíola e meu filho Artur.

Obrigado também a minha cadela Fifi por se deixar servir de exemplo. Asseguramos que a perda de uma célula que ela sofreu durante a realização deste trabalho ocorreu apenas em um cenário contrafactual.

La palabra *salmón* no nos dice nada; *zana*, la voz correspondiente, define (para el hombre versado en las cuarenta categorías y en los géneros de esas categorías) un pez escamoso, fluvial, de carne rojiza. (Teóricamente, no es inconcebible un idioma donde el nombre de cada ser indicara los pormenores de su destino, pasado y venidero.)

— J. L. Borges, “El idioma analítico de John Wilkins”

Esmeralda: What is your name?

Butch: “Butch.”

Esmeralda: What does it mean?

Butch: I’m American, honey. Our names don’t mean shit.

— Quentin Tarantino, *Pulp Fiction*

Resumo

Este trabalho pretende responder à pergunta: como é possível que os nomes dos táxons biológicos sejam usados para se referir às entidades a que se referem? Para tanto, começamos, no capítulo 1, pela análise do conceito de *linhagem biológica*, argumentando que ele deve ser primordialmente entendido no sentido monofilético, isto é, o de que uma linhagem é um grupo formado por um ancestral e todos seus descendentes. Apresentamos então a ideia de que os táxons são, contemporaneamente, concebidos como linhagens e, portanto, seu estatuto ontológico não é o de classes naturais, mas sim o de entidades históricas individuais. Essa tese foi famosamente defendida por Ghiselin e Hull, mas o mais importante para os propósitos deste trabalho é o lugar central que ela ocupa na teoria da sistemática filogenética proposta por Willi Hennig. Comentamos alguns dos aspectos da ontologia que embasa a teoria de Hennig, e, no final do capítulo, levantamos algumas consequências da tese da individualidade.

Uma dessas consequências, a ideia de que os nomes dos táxons são próprios, é apresentada por Ghiselin e Hull em associação com a teoria causal da referência, na tentativa de argumentar que os táxons não têm propriedades definitórias (essências). Desse modo, no capítulo 2, analisamos as duas principais teorias da referência para nomes próprios — descritivista e causal-histórica — e o modo como elas são defendidas por diferentes autores. De acordo com a visão descritivista, a relação entre um nome próprio e seu portador é mediada por um componente epistemológico, em geral entendido como um conjunto de representações (de natureza linguística ou não) do portador. Para a teoria causal-histórica, por outro lado, um nome próprio se refere a seu portador em todos mundos possíveis, ou seja, independentemente do conhecimento que tenhamos das propriedades ou feitos do portador.

Há, no entanto, um problema para uma defesa da teoria causal no caso dos nomes dos táxons biológicos. Trata-se do conhecido “problema *qua*”: se não houver a mediação de um critério de identidade para o objeto nomeado, o referente do nome não pode ser identificado de modo inequívoco. Assim, no capítulo 3, defenderemos uma teoria da referência híbrida para os nomes de táxons, segundo a qual há dois elementos que compõem os sentidos desses nomes: critérios de aplicação e critérios de identidade. No sistema nomenclatural lineano, atualmente aceito, os critérios de aplicação são associados aos nomes por efeito dos códigos de nomenclatura. Os critérios de identidade, por outro lado, são contribuídos pelo contexto teórico circundante. Comparamos esse sistema com o PhyloCode, uma proposta recente de sistema nomenclatural na qual os nomes dos táxons seriam *definidos* filogeneticamente, isto é, em função de sua posição relativa na árvore da vida. Argumentaremos que a rejeição do PhyloCode por parte da comunidade de biólogos se

deve ao fato de que esse código transforma critérios de identidade em critérios de aplicação, o que é heurísticamente indesejável para a sistemática filogenética.

Entretanto, isso não implica que a ideia de que é possível estabelecer critérios de identidade deva ser rejeitada. Pensamos que a visão mínima de que é possível fornecer critérios de identidade para táxons pode ser apropriadamente chamada de *essencialismo sobre táxons biológicos*, e nossa defesa dela constitui uma segunda linha de argumentação do capítulo 3. O ponto é que se costuma entender a tese da individualidade das espécies como tendo refutado definitivamente o essencialismo. Entretanto, argumentaremos que essencialismo e antiessencialismo são posições sobre critérios de identidade, e não sobre o estatuto ontológico, das entidades. A tese da individualidade, pensamos, é insuficiente para a refutação do essencialismo. Para tanto, seria necessário defender que é impossível estabelecer critérios de identidade para os táxons. Terminamos com algumas respostas a essa objeção.

Palavras-chave: Táxons biológicos. Nomes próprios. Teorias da referência. Critério de identidade. Essencialismo.

Abstract

The object of this work is to answer the question: how is it possible that the names of biological taxa refer to the entities that they do refer to? In order to address the question, we begin the first chapter by analyzing the concept of *biological lineage*, arguing that it should be understood in a monophyletic sense, that is, a lineage is a group constituted by an ancestor and all of its descendants. We then present the idea that taxa are contemporarily construed as lineages; therefore, their ontological status is that of individual historical entities, and not of natural kinds. This thesis was famously defended by Ghiselin and Hull, but, for our present purposes, its meaningfulness lies in the fact that it plays a prominent role in Willi Hennig's theory of phylogenetic systematics. We present some of the aspects of Hennig's ontology and then, towards the end of the chapter, address some consequences of the individuality thesis.

One of these consequences, namely, the idea that the names of biological taxa are proper, is presented by Ghiselin and Hull in association with the causal theory of reference, in an attempt to argue that taxa have no defining properties (i.e., essences). In chapter 2, we present the two main philosophical theories of reference for proper names — the descriptivist and causal-historical theories. According to the descriptivist view, the relation of reference is mediated by an epistemological component, generally understood to be a set of representations of the name-bearer. For the causal-historical theory, on the other hand, a proper name refers to its bearer in all possible worlds, independently of any knowledge we may have about the properties or doings of the bearer.

The causal theory, when held for proper names of taxa, faces a well-known difficulty, the so-called *qua*-problem: if reference is a direct relation, unmediated by at least a criterion of identity for the name-bearer, it cannot be unequivocally identified. Thus, in chapter 3, we attempt to provide a hybrid theory of reference that is designed to address the *qua*-problem. According to this theory, taxon names have Fregean *senses* composed of two elements: a criterion of application and a criterion of identity. Criteria of application are provided by the nomenclatural codes when at reference-fixing events. Criteria of identity are contributed by the surrounding theoretical context. From the viewpoint of the theory thus provided, we compare current nomenclatural codes with the PhyloCode. We argue one of the main reasons for the lack of acceptance towards the PhyloCode may be the fact that it converts identity criteria into criteria of application. This conversion is undesirable for the heuristics of phylogenetic systematics.

Nonetheless, one should not conclude that it is impossible to establish identity criteria for biological taxa. We construe essentialism as a position concerning identity criteria, not ontological status. That constitutes a second line of argument taken up in chapter 3. The point is that

the adoption of the individuality thesis does not automatically refute essentialism. In order to do so, one must defend that criteria of identity for biological taxa are unavailable. We conclude by addressing that possibility, in the version presented by Ereshefsky. We defend that the objection is untenable on the grounds that (1) it rests on an unreasonable demand for identity criteria and (2) it brings the *qua*-problem back.

Key words: Biological taxa. Proper names. Theories of reference. Criterion of identity. Essentialism.

Sumário

Sumário	i
Introdução	1
Semântica e metafísica.	2
O “problema das espécies”.	3
Estrutura do trabalho.	6
1 Sobre o estatuto ontológico das linhagens	9
1.1 Apresentação	9
1.2 O conceito de linhagem	12
1.3 Táxons como classes naturais	17
1.4 Táxons como linhagens: a sistemática filogenética	25
1.4.1 A ontologia de Hennig	27
Do semaforonte ao organismo	27
Do organismo à filogenia	30
Cladogramas	32
Monofilia, parafilia, polifilia	33
1.4.2 Construindo cladogramas	36
1.5 Critérios para — e consequências da — individualidade	40
1.5.1 Definições intensionais	41
1.5.2 Localização espacial	43
1.5.3 Coesão entre partes, nomótipos e ideótipos	47
1.5.4 Nomes próprios	51
2 Teorias da referência para nomes próprios	57
2.1 Apresentação: o problema <i>qua</i>	57
2.2 O problema da referência dos nomes próprios na filosofia da linguagem	61
2.3 Teorias pré-kripkeanas da referência	64
2.3.1 Mill: nomes próprios como nomes não-conotativos	64
2.3.2 Frege: sentido e referência	68

2.3.3	Russell: nomes próprios como descrições definidas	72
2.3.4	Searle: nomes próprios como “ganchos para pendurar descrições”	79
2.4	Teorias kripkeanas da referência	82
2.4.1	Donnellan: uso referencial e uso atributivo das descrições	82
2.4.2	Kripke: o retorno à teoria da referência direta	83
	A teoria causal-histórica da referência	87
	Da teoria da referência ao essencialismo	89
2.4.3	Putnam: a teoria causal aplicada aos termos para classes naturais	92
2.4.4	Evans: o papel da comunidade linguística na determinação da referência	98
2.5	As teorias da referência frente ao problema <i>qua</i>	103
3	Critérios de identidade e a referência dos nomes de táxons	109
3.1	Essencialismo como uma postura sobre critérios de identidade	111
3.2	Mundos biologicamente possíveis	114
3.3	Fixação da referência nos códigos de nomenclatura vigentes	118
3.4	Critérios de aplicação e critérios de identidade	122
3.4.1	Da ostensão ao critério de identidade particular	124
3.4.2	Resolvendo o problema <i>qua</i>	134
3.5	O idioma analítico de Kevin de Queiroz	137
3.5.1	Definições filogenéticas como critérios de identidade particulares	145
3.5.2	Objções ao PhyloCode	152
3.6	Discussão: referência e identidade	157
3.6.1	Objções e respostas	160
3.6.2	Coda	165
	Considerações finais	167
	Referências Bibliográficas	171

Introdução

A pergunta que este estudo pretende responder pode ser enunciada à maneira kantiana: como é possível que os nomes dos táxons biológicos sejam usados para se referir às entidades a que se referem?

Em primeiro lugar, poderíamos dizer que um táxon biológico é um agrupamento de organismos construído com base em algum critério (Cf. AMORIM, 2002, p. 88); porém, conforme veremos neste trabalho, o que contou como critério adequado para agrupar organismos sofreu certa mudança no decorrer da história da biologia. Então, sendo que, entre a publicação do *Systema Naturae* de Lineu, em 1758, e a biologia contemporânea, houve uma mudança teórica importante — o surgimento do darwinismo — isso implica que os nomes dos táxons batizados por Lineu mudaram de referência?

Para responder questões desse tipo é preciso levar em consideração aspectos metafísicos ligados aos táxons biológicos e aspectos semânticos ligados a seus nomes. Do ponto de vista metafísico, o primeiro aspecto que temos de analisar é: que tipo de coisa é um táxon? Conforme veremos, a resposta mais aceita contemporaneamente na filosofia da biologia é a de que os táxons são linhagens de organismos e, portanto, entidades *individuais*. Uma versão mais restrita dessa tese, aplicada apenas a espécies, ficou conhecida como a *tese da individualidade das espécies*. A tese da individualidade das espécies é um dos resultados mais celebrados da filosofia da biologia; trata-se de um posicionamento sobre o estatuto ontológico das linhagens: elas são entidades particulares espacotemporalmente localizáveis. Essa tese foi proposta inicialmente por Hennig (1966), mas ficou famosa em associação aos nomes de Michael Ghiselin (1974, 1997) e David Hull (1976, 1994b).

Dois dos corolários da tese da individualidade mais amplamente mencionados são: a ideia de que os nomes das espécies (e dos táxons em geral) são *nomes próprios*, e a de que, pelo fato de que indivíduos supostamente não terem propriedades definitórias, uma concepção essencialista sobre os táxons seria insustentável. Na presente investigação, aceitaremos a tese da individualidade (generalizada para todos os táxons) e o corolário de que os nomes dos táxons são próprios. Então, na dimensão semântica, tentaremos caracte-

rizar qual seria uma *teoria da referência* adequada para os nomes próprios dessas entidades. Porém, ao fazê-lo, nos depararemos com o problema que motivou este trabalho em primeiro lugar: trata-se do problema *qua*, ou seja, o problema de se é possível determinar a referência de um nome sem que um *critério de identidade* para seu portador esteja disponível.

Argumentaremos que, no caso dos táxons, a resposta para essa questão é negativa, ou seja, é necessário que haja, no contexto teórico da biologia, um critério de identidade para essas entidades. Agora, um critério de identidade é um enunciado que estabelece condições necessárias e suficientes para que um indivíduo seja identificado, em diferentes circunstâncias, como *o mesmo* indivíduo. Por essas razões, entenderemos um critério de identidade como uma propriedade definitória e, portanto, uma forma de essência individual. No final deste trabalho, retomaremos a discussão metafísica, desta vez no intuito de argumentar que é possível estabelecer um critério de identidade para táxons, e que ele é necessário para explicar a determinação referência de seus nomes. Com isso, em definitivo, rejeitamos o corolário da tese da individualidade segundo o qual os táxons não têm essências. Assim, esperamos não somente resolver alguns mal-entendidos associados à tese da individualidade das espécies, mas também mostrar a relevância dos problemas colocados pelas linhagens biológicas para teorias da referência dos nomes próprios.

Semântica e metafísica. Ficando, desse modo, estabelecidos os contornos de nossa investigação e o problema que desejamos abordar, cumpre dizer algumas palavras sobre o quadro filosófico mais amplo a que se referem os termos “semântica” e “metafísica” mencionados no título. O termo *semântica* se refere à investigação, seja pela via filosófica, seja pela linguística, que tem por objetivo o desenvolvimento de teorias que expliquem o fenômeno da *significatividade* das palavras. Há diferentes visões a respeito de como esse tipo de estudo deve ser conduzido (CHIERCHIA, 2003; SOAMES, 2010b; HORWICH, 1998; BRANDOM, 2000), mas pelo fato de que a contribuição semântica dos nomes próprios — isto é, o que eles contribuem para o significado das sentenças nas quais ocorrem — é quase unanimemente entendida como sendo equivalente a sua referência, nossos resultados serão compatíveis com diversas teorias semânticas de fundo.

No que diz respeito aos nomes próprios, portanto, fornecer uma teoria sobre o seu *significado* é fornecer uma explicação sobre como se dá a relação de *referência* entre o nome e seu portador. Duas grandes famílias de teorias da referência são geralmente apresentadas pela literatura em filosofia da linguagem: trata-se das teorias *descritivista* e *causal-histórica*. De acordo com a visão descritivista, a relação entre um nome próprio e seu portador é mediada por um componente epistemológico, em geral entendido como um conjunto

de representações (de natureza linguística ou não) do portador. Grosso modo, os defensores da teoria descritivista afirmam que os nomes se referem a seus portadores na medida em que estes satisfazem, parcial ou completamente, essas representações.

Para a teoria causal-histórica, por outro lado, um nome próprio se refere a seu portador independentemente do conhecimento que tenhamos das propriedades ou feitos dele. O que explica o fenômeno da referência é, sob essa visão, o fato de que o nome é atribuído ao portador por um ato de batismo e, daí em diante, essa relação é comunicada aos falantes de uma comunidade por meio de uma cadeia causal de comunicação. A tese mais importante relacionada à teoria causal-histórica é a ideia de que os nomes próprios se referem a seus portadores em todos os *mundos possíveis*, isto é, em todas as situações concebíveis que seus portadores puderem protagonizar. Por isso, o que sabemos a respeito deles é irrelevante para a determinação da referência; mesmo naqueles mundos em que as representações que fazemos sobre os portadores não são satisfeitas, os nomes continuam a se referir a eles.

A teoria causal-histórica foi aceita, para os nomes próprios dos táxons, pelos principais proponentes da tese da individualidade, Ghiselin e Hull. Porém, enquanto talvez não haja problemas em dizer que um nome próprio de uma pessoa se refere a ela em todos mundos possíveis, pensamos que o mesmo não pode ser dito sobre os nomes próprios dos táxons. Afinal, o que significaria dizer que “*Canis familiaris*” se refere ao *mesmo* indivíduo em todos mundos possíveis? Em última instância, acreditamos que uma resposta a essa pergunta semântica depende da resposta a uma pergunta metafísica: o que significa *ser o mesmo táxon que x*? E esta é, precisamente, uma pergunta pelos critérios de identidade para táxons.

Desse modo, somos levados de uma tese metafísica (a da individualidade dos táxons) para uma teoria semântica (a causal-histórica), e voltamos com um problema metafísico (sobre os critérios de identidade dos táxons). O critério de identidade será o assunto predominante no eixo metafísico de nossa discussão. Argumentaremos que não é possível determinar inequivocamente qual o referente de um nome de táxon a menos que um critério de identidade para táxons esteja disponível no contexto teórico da biologia. E, havendo um critério de identidade disponível, o antiessencialismo está errado.

O “problema das espécies”. É necessário ainda esclarecer a relação deste trabalho com o chamado “problema das espécies”. Embora o conceito de espécie ocupe, pelo menos desde Darwin, um lugar quase central na biologia evolutiva, há uma notável falta de consenso a respeito de vários aspectos relacionados a esse conceito. Essa situação leva muitos biólogos e filósofos da biologia a falar n’o *problema das espécies*. Porém, apesar do artigo definido

que inicia a locução, há mais de um aspecto relacionado a esse problema.

Grande parte da literatura recente sobre o problema das espécies (ERESHEFSKY, 1992b; HEY; FITCH; AYALA, 2005; WHEELER; MEIER, 2000; WILSON, 1999) se concentra na discussão sobre qual seria a definição teórica correta do termo “espécie”, e sobre se há uma única definição aceitável. Há ainda outra questão relacionada, que também foi discutida sob esse nome: trata-se do já mencionado debate a respeito de qual o estatuto ontológico das espécies biológicas (GHISELIN, 1974; HULL, 1976). Por fim, discute-se a existência das espécies, isto é, se a categoria teórica “espécie” encontra algum referente na natureza (STAMOS, 2007; ERESHEFSKY, 2010a). Este último também é conhecido como o debate entre realismo e nominalismo sobre espécies.

Embora haja certa interdependência entre esses temas, cada um deles pode ser discutido com relativa autonomia. Quer dizer, tanto nominalistas quanto realistas podem aceitar ou rejeitar a noção de que espécies são indivíduos (COLEMAN; WILEY, 2001). Há porém, uma aparente dependência do problema da definição em relação ao problema do estatuto ontológico — parece ser necessário dizer que tipo de coisa uma espécie é, para então poder definir o conceito de espécie. Certamente, conceitos tipológicos de espécie são incompatíveis com a tese de que as espécies são indivíduos (MAYR, 1989). Porém, um posicionamento sobre o estatuto ontológico é por si só insuficiente para especificar uma definição para o conceito de espécie: para um mesmo estatuto ontológico, múltiplas definições são possíveis¹.

Para completar esse panorama do problema das espécies, gostaríamos de acrescentar os dois temas que compõem o cerne de nossa análise aqui. Na dimensão semântica, como já mencionamos, o tema a ser explorado é a relação de referência entre o nome e a entidade nomeada. Esse problema, aplicado aos nomes dos táxons, tem recebido certa atenção na literatura recentemente (HÄRLIN; SUNDBERG, 1998; LEVINE, 2001; LAPORTE, 2003, 2004). O problema da referência dos nomes de táxons também ganha importância devido à emergência de uma nova proposta de código para a nomenclatura taxonômica, o PhyloCode (QUEIROZ, 1992). O PhyloCode exige que os nomes dos táxons sejam *definidos* em relação à posição que estes ocupam na árvore da vida; essa proposta é encarada como uma espécie de descritivismo para a referência dos nomes dos táxons, em contraposição ao sistema de nomenclatura lineano vigente, que seria de orientação causal-histórica.

O outro tema é o do *critério de identidade*. Esse problema pode ser formulado da seguinte maneira: sendo x e y táxons (ou linhagens), o que faz com que dois táxons aparentemente diferentes sejam, sob as condições apro-

¹ Nesse sentido, seria possível argumentar que, para que um candidato a conceito de espécie seja viável, ele tem de ser compatível com a tese da individualidade.

-
- Dimensão semântica:
 - **Definição.** É possível definir univocamente o conceito “espécie”? Se sim, como?
 - **Referência.** Como se dá a relação entre o *nome* de um táxon e o táxon enquanto *entidade* (se o for)? Que critérios podem ser utilizados para identificar o táxon a que determinado nome se refere? Esses critérios estão necessariamente associados ao nome do táxon?

 - Dimensão ontológica:
 - **Existência.** Os táxons em particular existem? A categoria “espécie” se refere a algo no mundo? Que condições devem se cumprir para que um táxon exista?
 - **Identidade.** Que condições devem se cumprir para que duas populações sejam parte do mesmo táxon?
 - **Estatuto ontológico.** Que tipo de coisa as espécies são? E os demais táxons?
-

Tabela 0.1: Algumas das perguntas que compõem o problema das espécies, enunciadas de modo a se aplicar também a táxons supraespecíficos. Comparar com a análise feita por Ereshefsky (2010a). O tema do presente trabalho é a relação entre a questão da referência e a do critério de identidade para táxons.

prizadas, considerados como um único, isto é, $x = y$? Estamos interessados em saber em que medida um critério de identidade participa da relação de referência de um nome próprio. Em um célebre artigo, John Searle (1958) argumentou que aquilo que torna os nomes próprios boas ferramentas linguísticas é o fato de eles poderem referir sem explicitar quais os critérios de identidade para os objetos nomeados. A pergunta é se isso ocorre sempre, e se não há casos — como o dos táxons biológicos — em que a natureza das entidades é tal que, se os nomes não estiverem vinculados a critérios de identidade, a referência falha. Aqui, a discussão sobre o PhyloCode também é relevante, pois, na medida em que esse código postula que os nomes próprios dos táxons sejam definidos, ele cria um sistema no qual os critérios de identidade particulares para cada táxon sejam *estipulados*, e não *descobertos*. Como veremos, isso gera alguns problemas.

Acreditamos que essas cinco perguntas (v. tabela 0.1) formem o núcleo do problema das espécies. Não pretendemos ter contemplado todas as dimen-

sões que compõem esse problema; faltou mencionar, por exemplo, a pergunta a respeito das *unidades da evolução*, frequentemente associada ao problema das espécies (notavelmente, no título de Ereshefsky (1992b)). De qualquer forma, temos agora material suficiente para ajudar a situar os dois aspectos do problema das espécies que serão tratados aqui.

Estrutura do trabalho. O capítulo 1 será dedicado à apresentação do problema do estatuto ontológico dos táxons, assim como à apresentação de outros conceitos da disciplina de *sistemática filogenética*. Tais conceitos serão importantes para a compreensão dos atuais debates em taxonomia que detalharemos no capítulo 3. A sistemática filogenética é uma disciplina cujo objetivo é reconstruir a história de descendência entre as linhagens de seres vivos; de acordo com a perspectiva majoritária na prática dessa disciplina, as entidades fundamentais que participam dos fenômenos evolutivos são *linhagens monofiléticas* de organismos. Linhagens monofiléticas são aquelas formadas por um ancestral comum e todos seus descendentes, sem exceções. O critério de monofilia é importante porque permite identificar grupos nos quais os organismos dentro de um mesmo grupo compartilham uma história evolutiva que não é compartilhada com organismos fora do grupo.

Se os táxons são linhagens individuais, então seus nomes são próprios; no capítulo 2, apresentaremos as duas famílias de teorias da referência reconhecidas na filosofia da linguagem, a teoria descritivista e a causal-histórica. Esse capítulo tem por objetivo revisar tais teorias no intuito de reunir elementos para a construção de nossa própria teoria da referência para os nomes dos táxons, a ser desenvolvida no capítulo 3. Das teorias apresentadas, as que cumprirão um papel mais importante na que desenvolveremos serão as de Frege, Putnam e Evans.

O capítulo 3, por sua vez, tem um duplo objetivo. Em primeiro lugar, pretende apresentar a teoria da referência que desenvolvemos, e mostrar como ela permite explicar, por um lado, o sucesso da nomenclatura lineana diante de mudanças teóricas, e a aparente falha do PhyloCode, por outro. Nossa teoria será de tipo híbrido, isto é, incorporará elementos tanto da teoria descritivista quanto da causal-histórica. No cerne de nossa teoria, está a ideia de que a determinação da referência dos nomes dos táxons se dá por meio da conjunção entre critérios de aplicação e critérios de identidade.

O segundo objetivo do capítulo 3 é esboçar um argumento em favor do essencialismo sobre táxons biológicos. Nesse sentido, colocaremos em questão a tese antiessencialista de que o fato de os táxons serem entidades individuais torna impossível fornecer propriedades necessárias e suficientes para que determinado organismo ou linhagem forme parte de um táxon. Se nossas considerações sobre critérios de identidade estiverem certas, a tese antiessen-

cialista não procede. Ao fim do capítulo, abordaremos algumas objeções a nossa posição.

Este trabalho começou sua redação contendo cinco capítulos, e ainda guarda resquícios plesiomórficos dessa época. Se o leitor preferir lê-lo de acordo com essas divisões originais, basta ter em mente que o terceiro capítulo começaria na seção 2.4, e o quinto por volta da seção 3.5.

Capítulo 1

Sobre o estatuto ontológico das linhagens

1.1 Apresentação

Em setembro de 2009, pesquisadores vinculados ao projeto Tamar capturaram, no litoral norte da Bahia, um peixe bizarro, que julgaram pertencer a uma nova espécie. O peixe nadava em águas profundas quando foi capturado. O espécime, que agora faz parte do museu de zoologia da UFBA, apresenta uma consistência gelatinosa, olhos pequenos, boca grande, e pele sem escamas (G1, 2009). Dias depois do ocorrido, ictiólogos americanos afirmaram que o peixe encontrado pertence ao já conhecido grupo Ateleopodidae, de peixes de nariz gelatinoso que vivem a grandes profundidades, e que seria arriscado dizer que se trata de uma nova *espécie* tendo como base um único *espécime* encontrado (THAN, 2009).

Este breve relato ilustra o fato de que, embora o conceito de espécie seja amplamente empregado, na literatura especializada ou fora dela, ele encontra problemas tanto de ordem operacional quanto filosófica. Certamente, há um conceito de espécie relativamente popular nos livros-texto, segundo o qual uma espécie é um grupo de organismos capazes de intercruzamento produzindo descendentes férteis. Esse conceito parece ser baseado no famoso *conceito biológico de espécie*, inicialmente proposto em 1940 por Ernst Mayr:

Espécies são grupos de populações naturais capazes de intercruzamento que estão reprodutivamente isolados de outros desses grupos. (MAYR, 1989, p. 138)

É possível que os ictiólogos brasileiros e americanos estivessem se baseando no mesmo conceito de espécie, talvez até no conceito biológico, acima.

Em última instância, talvez os dois grupos tenham concordado de que não se tratava de uma nova espécie. Algo mais drástico ocorre, entretanto, quando há divergência nos conceitos de espécie utilizados, e o problema é que existe qualquer número entre cinco (WILKINS, 2011) e vinte (HEY, 2001) outras formulações competindo pelo título de “o conceito de espécie”. Para vermos um exemplo de como o conceito de espécie utilizado influencia a contagem de espécies, consideremos o conceito filogenético proposto por Joel Cracraft:

Uma espécie é o menor grupo diagnosticável de organismos individuais entre os quais há um padrão de ancestralidade e descendência. (CRACRAFT, 1992, p. 103)

Uma espécie é, para Cracraft, um “grupo diagnosticável” na medida em que seus organismos expressam uma combinação única de caracteres derivados e primitivos¹ que os diferencia de outros desses grupos. A exigência de que haja relações de ancestralidade e descendência entre os organismos busca garantir que esses caracteres sejam hereditários (CRACRAFT, 1992, p. 103).

O ponto é que, em certos casos, esses dois diferentes conceitos acima mencionados — biológico e filogenético — resultam em diferentes contagens do número de espécies envolvidas. Atualmente, a União Internacional para a Conservação da Natureza (IUCN) reconhece apenas uma espécie de elefante africano, a *Loxodonta africana*, classificada como “vulnerável” (BLANC, 2011). Essa contagem pode ser baseada no conceito *biológico* de espécie, dado que as duas subespécies de elefante africano — o elefante da savana e o da floresta — produzem híbridos férteis (VELASCO, 2011). Entretanto, um estudo filogenético recente (ROHLAND et al., 2010) revelou que as linhagens de elefantes da savana e da floresta se separaram entre 2,6 e 5,6 milhões de anos atrás, ou seja, a hibridização entre as duas linhagens é um fenômeno recente. Como consequência da adoção do ponto de vista filogenético, pode ocorrer que sejam reconhecidas duas espécies, *L. africana* (da savana) e *L. cyclotis* (da floresta), em risco de extinção ainda maior (VELASCO, 2011).

Os estudos em conservação ambiental não são a única área que teria algo a ganhar diante de uma univocidade sobre o conceito de espécie. Um consenso nesse sentido possivelmente impactaria também, por exemplo, sobre as discussões a respeito de quem tem o direito de estudar as espécies endêmicas — digamos, da Amazônia — para a produção de medicamentos, ou ainda sobre as pesquisas biomédicas nas quais a identificação de uma espécie de mosquito ou bactéria pode ser uma questão de vida ou morte (REYDON, 2011).

¹Os conceitos de caráter primitivo e derivado, tais como entendidos na sistemática filogenética, serão explicados na seção 1.4.

Entretanto, essa unanimidade, por desejável que seja, não parece estar no horizonte da pesquisa contemporânea em biologia (ERESHEFSKY, 2011). Essa situação de plurivocidade sobre o conceito de espécie, aliada à questão sobre a existência das espécies na natureza, é conhecida na literatura especializada como “o problema das espécies” (RICHARDS, 2010; STAMOS, 2007; WHEELER; MEIER, 2000; WILSON, 1999). Embora o problema das espécies não seja diretamente o tema do presente trabalho, é importante esclarecer qual a relação entre os dois.

Essa relação pode ser melhor compreendida se considerarmos uma das propostas de solução ao problema das espécies, a chamada *solução da divisão de trabalho conceitual*, proposta independentemente por Kevin de Queiroz (1999) e Richard Mayden (1997). Essa proposta de solução envolve dizer que o conceito de espécie tem dois níveis: o teórico e o operacional. Embora haja discordância entre os diversos conceitos de espécie, para De Queiroz e Mayden, essa discordância ocorre apenas no nível operacional, ou seja, na aplicação do conceito para agrupar organismos em espécies na prática. O ponto levantado por De Queiroz e Mayden é que a discordância é apenas aparente, já que no nível mais profundo, teórico, os conceitos concordariam sobre o fato de que as espécies são *linhagens*.

A solução de De Queiroz e Mayden, em sua versão mais recente (RICHARDS, 2010), foi chamada de ineficaz (VELASCO, 2011) e forçada (REYDON, 2011). De fato, tentar encaixar as miríades de entidades que os biólogos chamam de espécies sob o conceito de linhagem pode soar como uma medida de Procrustes. Queremos, entretanto, evitar a discussão a respeito de se todos os conceitos de espécie são ou não redutíveis ao conceito de linhagem.

Por isso, nosso objetivo será discutir a semântica e ontologia das *linhagens*, não das espécies, e os resultados que daí obtivermos se aplicarão às espécies na medida em que estas forem concebidas como linhagens. A vantagem desse movimento é que, além de não precisarmos adentrar a emaranhada literatura sobre o problema das espécies, podemos nos concentrar em um único contexto teórico, a saber, o da biologia evolutiva. Tampouco necessitamos tomar uma posição a respeito de se a teoria evolutiva seria ou não o contexto teórico que dá sentido a toda biologia.

A primeira coisa a fazer, então, é esboçar um conceito de linhagem que reflita o uso desse termo na biologia contemporânea. Definiremos *linhagem* como um grupo de entidades — organismos, genes, populações — que descendem de um ancestral comum. Em seguida, retomaremos a tese, famosamente defendida por Michael Ghiselin (1974) e David Hull (1989b), mas já enunciada por Willi Hennig (1966), de que as espécies biológicas, e com efeito os táxons em geral, são entidades individuais.

A tese da individualidade das espécies foi apresentada em alternativa à concepção de que as espécies biológicas pertencem ao gênero de entidades

conhecidas em filosofia como *classes naturais*². Sendo assim, ela responde à pergunta pelo *estatuto ontológico* das espécies — que tipo de coisa elas são? Porém, os detalhes a respeito de como o problema do estatuto ontológico se articula com o problema da definição do conceito de espécie não estão claros na literatura. Na melhor das hipóteses, os dois problemas são mencionados como dois aspectos do problema das espécies (Cf. ERESHEFSKY, 2010a).

Nosso intuito é divorciar a tese da individualidade do conceito de espécie, para dizer que *linhagens* são indivíduos. A tese da individualidade das linhagens é mais fundamental que a da individualidade das espécies; espécies são indivíduos apenas se forem, em primeiro lugar, linhagens. Após apresentar uma breve história de como a concepção tipológica das espécies como classes naturais aparece em Buffon, Cuvier e Lamarck, passaremos a um enunciado da tese da individualidade das linhagens tal como apresentada por Hennig (1966), fundador da sistemática filogenética. Enunciada essa tese, passaremos à derivação de algumas de suas consequências. Destas, a que mais nos interessa é a noção de que os nomes das linhagens são próprios, já que nosso objetivo nos próximos capítulos é desenvolver uma teoria semântica para os nomes próprios das linhagens.

1.2 O conceito de linhagem

O movimento acima proposto não faz sentido a menos que o conceito de linhagem seja menos problemático que o de espécie. Com efeito, a maioria dos autores aceita, como faremos aqui, a definição de David Hull, segundo a qual linhagens são “sequências espaço-temporais de entidades que causalmente produzem umas às outras” (HULL, 1981, p. 146). A fim de melhor circunscrever o tipo de linhagem que é de nosso interesse, cumpre realizar alguns esclarecimentos sobre essa definição. Há nela duas fontes de ambiguidade: uma delas diz respeito ao termo *entidade* e a outra está relacionada ao termo *sequências*.

O termo *entidade* torna a definição vaga em um sentido produtivo, já que assim dá conta de linhagens compostas por entidades de diferentes ordens de magnitude — genes, células, organismos ou populações. O segundo ponto de vagueza é um pouco mais sutil: uma linhagem pode ser ou *uma única* sequência de entidades em relação de ancestralidade e descendência, ou ainda *um feixe* de sequências desse tipo.

Para esclarecer esse ponto, convém já introduzir um pouco da terminologia própria da sistemática filogenética, disciplina que será nosso foco aqui. Há três tipos possíveis de agrupamentos de entidades que apresentem relações genealógicas entre si: trata-se dos grupos monofiléticos, parafiléticos e

²Optamos por essa expressão para traduzir a consagrada *natural kinds*.

polifiléticos³. Grupos monofiléticos são aqueles formados por uma entidade progenitora e todos seus descendentes; grupos parafiléticos são constituídos por uma entidade e alguns, mas não todos, seus descendentes; por fim, os polifiléticos são aqueles grupos nos quais o ancestral comum mais recente aos membros do grupo não é, ele próprio, um membro do grupo. Diante da definição de Hull, linhagens podem ser grupos parafiléticos ou monofiléticos. Defenderemos que linhagens devem ser fundamentalmente entendidas como grupos monofiléticos, mas antes, examinemos a alternativa.

Consideremos aquele que talvez seja o caso mais intuitivo, no qual as entidades que formam as linhagens são organismos de reprodução sexuada. Um exemplo de linhagem parafilética nesse nível é a linha de descendência que vai de um organismo a um de seus netos; a linha de descendência que vai do mesmo organismo a outro de seus netos é *outra* linhagem parafilética. Assim, uma forma de construir linhagens parafiléticas é, começando por um organismo, escolher um de seus filhos, um dos filhos desse filho, e assim por diante, para incluir na linhagem. Nesse sentido, dado um organismo como ponto de partida, pode haver múltiplas linhagens que se originem nele, sendo que cada uma delas corresponde a um percurso alternativo na rede genealógica. A figura 1.1(a) ilustra duas linhagens parafiléticas que podem ser construídas a partir de um mesmo organismo.

O sentido parafilético de linhagem é o preferido pelo já mencionado Kevin de Queiroz, que define linhagem como “uma série de entidades formando uma única linha de ancestralidade e descendência diretas” (QUEIROZ, 1999, p. 50). Curiosamente, De Queiroz afirma que o conceito parafilético de linhagem é o mais fundamental dos dois, e que, além disso, seria o sentido pretendido por Darwin (Cf. QUEIROZ, 1999, 2011). Tais afirmações são caofônicas ao restante da comunidade de sistematas filogenéticos, pois, para a teoria da sistemática filogenética, são os grupos *monofiléticos* que representam as unidades reais das genealogias, enquanto os parafiléticos são considerados artificiais (SANTOS, 2008).

O sentido monofilético de linhagem, para o qual De Queiroz prefere reservar o termo *clado*, corresponde ao grupo formado por um ancestral e *todos* seus descendentes. Em outras palavras, para agrupar organismos em uma linhagem monofilética devemos, partindo de um organismo, incluir no grupo todos seus descendentes, todos os descendentes de seus descendentes, e assim por diante. Pelo fato de que há, para cada organismo, um único grupo que pode ser construído desse modo, cada organismo dá origem a uma única linhagem monofilética (v. fig. 1.1(b)).

³Estritamente falando, há controvérsias se esses termos podem ser usados para falar de linhagens abaixo do nível de espécies. Porém, seguiremos a prática comum em genética de populações e filogeografia, e utilizaremos esses conceitos para falar de linhagens de organismos

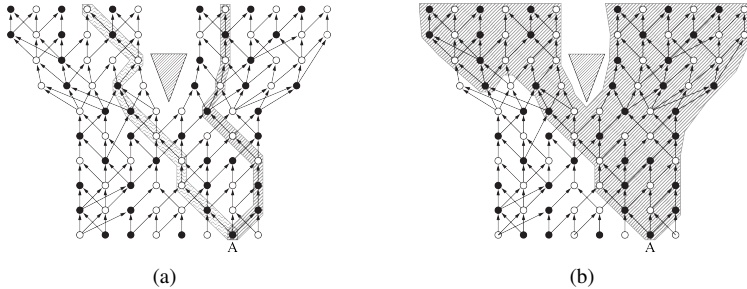


Figura 1.1: (a) Duas das muitas linhagens parafiléticas que podem ser traçadas a partir do organismo A. (b) A única linhagem monofilética que pode ser traçada a partir do organismo A.

Recensar a comunidade de biólogos para descobrir se o conceito de linhagem mais adotado é o monofilético ou o parafilético seria fazer uma má filosofia da biologia. Porém, tomaremos aqui dois exemplos que julgamos significativos para mostrar que De Queiroz está errado ao considerar o conceito parafilético como fundamental. Esses dois exemplos vêm de disciplinas bastante díspares da biologia — falaremos sobre a técnica de rastreamento de linhagens em biologia celular do desenvolvimento, e sobre o caso do “Aarão do cromossomo Y” em genética de populações humanas.

Consideremos então, em primeiro lugar, o tipo de experimento conhecido em biologia celular do desenvolvimento como *rastreamento de linhagens* (*lineage tracing*). No rastreamento de linhagens, “uma única célula é marcada de modo que a marca seja transmitida a sua progênie, resultando em um conjunto de clones rotulados” (KRETZSCHMAR; WATT, 2012, p. 33). No exemplo mostrado na figura 1.2, três células de embriões de *Xenopus laevis* no estágio de 32 células foram marcadas com diferentes corantes fluorescentes (VODICKA; GERHART, 1995). Com esse método, a cor particular de cada célula foi transmitida à sua progênie através de cada divisão celular, de modo que um embrião observado dez horas após a injeção dos corantes apresentou um padrão de coloração que revelou a localização de todos os descendentes das células originalmente coradas (v. fig. 1.2(b)).

Segundo Kretzschmar e Watt, um marcador ideal para os propósitos de rastreamento de linhagens deve ter as capacidades de “ser transmitido para toda a progênie da célula fundadora, ficar retido [na célula] no decorrer do tempo, e nunca ser transmitido para células adjacentes não-aparentadas” (KRETZSCHMAR; WATT, 2012, p. 33). Desse modo, fica evidente que o

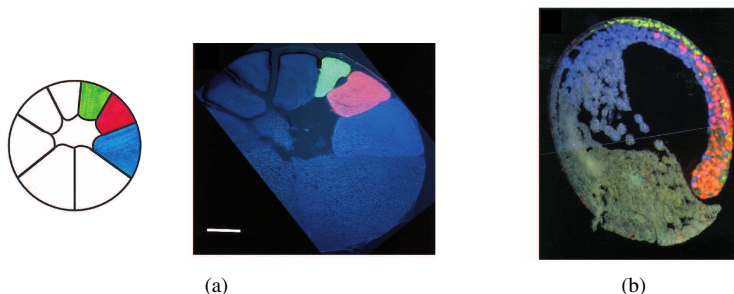


Figura 1.2: Experimento de rastreamento de linhagens em embrião de *Xenopus laevis*. (a) Três células são marcadas com corantes fluorescentes (verde, vermelho, azul) no estágio de 32 células. (b) Dez horas depois, o embrião, agora com cerca de 50.000 células, é fixado e seccionado. O padrão que pode ser observado no microscópio de fluorescência revela a localização de todas as células descendentes de cada uma das três células progenitoras marcadas. (Reproduzida de Vodicka e Gerhart (1995, p. 3508).)

termo “linhagem” nesse tipo de experimento está sendo entendido como o conjunto formado por todos, e apenas, os descendentes de uma única célula, ou seja, no sentido *monofilético*.

Enquanto os estudos de rastreamento de linhagens na biologia desenvolvimental se valem da marcação artificial de células, na genética de populações humanas estudos semelhantes objetivam identificar marcadores genéticos pré-existent nas linhagens. Um conjunto de estudos que diz respeito à busca pelo “Aarão do cromossomo Y” (SKORECKI et al., 1997; THOMAS et al., 1998; BEHAR et al., 2003; HAMMER et al., 2009) revela que o sentido de “linhagem” aí pressuposto também é monofilético. Na tradição judaica, os Cohanim (“sacerdotes”) formam uma linhagem cujo ancestral comum é, supostamente, Aarão, o irmão de Moisés, que viveu há cerca de 3.000 anos atrás. Pelo fato de que o sacerdócio, assim como o sobrenome “Cohen” e suas formas derivadas, é transmitido hereditariamente pela via patrilínea, pode-se testar se os cromossomos Y dos Cohanim atuais de fato contêm haplótipos — grosso modo, conjuntos de marcadores — que atestam essa ancestralidade comum.

Em outras palavras, os estudos acima mencionados procuram evidenciar se os Cohanim de fato são parentes mais próximos entre si que em relação a outras castas israelitas. O objeto é investigar se a casta cultural dos Cohanim corresponde a uma realidade biológica, ou seja, a uma linhagem. Um estudo inicial (SKORECKI et al., 1997) identificou um conjunto de marcadores genéticos, o “haplótipo modal de Cohen”, cuja frequência é de aproxi-

madamente 50% entre os Cohanim, e praticamente nula entre os membros de outras castas israelitas. O ancestral comum dos cromossomos Y de todos os Cohanim contemporâneos, ou seja, o primeiro cromossomo Y a apresentar o haplótipo modal de Cohen, foi jocosamente batizado de “Aarão do cromossomo Y”. Com esse resultado, os Cohanim corresponderiam a uma linhagem biológica.

Porém, mais recentemente, Hammer et al. (2009) identificaram um haplótipo modal de Cohen *estendido*, que permite definir com melhor grau de resolução se os Cohanim são de fato uma linhagem monofilética e, se forem, em que data ela se separou das outras linhagens. Os dados levantados por Hammer et al. mostram que, embora haja uma linhagem majoritária entre os Cohanim (chamada de J-P58*), há pelo menos outras quatro linhagens que compõem essa casta. Esses dados por si próprios refutam a hipótese de que os Cohanim contemporâneos descendem de um único ancestral comum, digamos, Aarão.

Os autores desse estudo realizaram então simulações computacionais para determinar qual o cenário mais plausível para as origens dos Cohanim. Um cenário que parte de uma população inicial de 100 sacerdotes representando 10 haplogrupos diferentes tornaria improvável que a diversidade genética observada nos Cohanim contemporâneos tivesse sobrevivido após tantas gerações. Segundo Hammer et al. (2009, p. 715), então, o cenário que melhor explica os dados é um no qual há várias comunidades semi-isoladas, cada uma delas com múltiplas linhagens de sacerdotes. Esse modelo garante que parte das múltiplas linhagens fundadoras persistam na metapopulação formada pelo conjunto dessas comunidades, resultando, após muitas gerações, na diversidade genética observada entre os Cohanim contemporâneos.

Em contraste aos estudos de rastreamento de linhagens celulares mencionados anteriormente, a busca pelo Aarão do cromossomo Y se utiliza de marcadores já existentes entre os membros das linhagens. O atual conhecimento a respeito das probabilidades das mutações genéticas permite identificar marcadores que sejam relativamente estáveis, e que tenham as mesmas propriedades desejáveis nos marcadores utilizados no rastreamento de linhagens celulares — ou seja, que sejam transmitidos apenas verticalmente (de pai para filho), e que sejam relativamente estáveis com o passar do tempo. Os dois exemplos parecem sugerir que o conceito relevante de linhagem é o monofilético.

Haveria algum uso legítimo para o sentido parafilético do termo *linhagem*? Temos de admitir que, nas pesquisas genealógicas, o termo pode ser utilizado para denotar uma única linha de descendência entre dois organismos. Por exemplo, uma pessoa pode “rastrear sua linhagem” até um determinado ancestral que nasceu em outro país, e reivindicar direitos de nacionalidade a partir desse fato. Porém, poderíamos dizer que essa forma de falar está ex-

pressando, de modo abreviado, o fato de que o descendente está incluído, por pelo menos uma linha de descendência, na linhagem monofilética do ancestral. Daqui em diante, utilizaremos o termo *linhagem* exclusivamente no sentido monofilético, reservando o termo *linha de descendência*, ou *pedigree* (AVISE; WOLLENBERG, 1997), para o sentido parafilético.

1.3 Táxons como classes naturais

Na seção anterior, dissemos que pode haver linhagens de entidades em diferentes graus de magnitude: nossos exemplos envolveram linhagens celulares, linhagens de cromossomos e linhagens de organismos. O que interessa ao presente estudo, porém, são as linhagens de *populações*, isto é, as espécies e os outros táxons (v. seção 1.5.2). A visão de que os táxons são linhagens (entidades individuais) historicamente contrastou com a visão de que eles são tipos morfofisiológicos (no jargão filosófico, *classes naturais*). Para entender essa diferença, pensemos novamente no exemplo mencionado no início deste capítulo, a respeito do peixe encontrado no litoral da Bahia. O debate entre os biólogos girou em torno das características do espécime encontrado: foram levadas em consideração características morfológicas (forma e características anatômicas) e ecológicas (hábitat). Os biólogos brasileiros acreditavam que não havia nenhuma espécie existente cujos organismos apresentassem características semelhantes ao espécime encontrado, enquanto os americanos afirmam que há pelo menos uma família que apresenta tais características.

Diante dessas considerações, poderíamos ser levados a pensar que, em última instância, os organismos são agrupados em espécies com base na semelhança entre as características que apresentam⁴. A intuição que temos é a de que uma espécie é um agrupamento (classe, conjunto) de seres vivos com características semelhantes, e essas características formam o critério de inclusão no grupo. Afinal, é com base nessas características que aprendemos, desde a infância, a distinguir um táxon de outro: zebras têm listras, leões (machos) têm juba, cachorros latem, os insetos têm três pares de patas, caracóis têm conchas, e assim por diante. Com base nessa concepção, poderíamos pensar ainda que a biologia contemporânea, pelo menos no que se refere à taxonomia, nada mais faz que descrever as características dos seres vivos com um grau crescente de detalhamento, chegando ao nível do genoma.

Com efeito, essa caracterização não estaria de todo errada; porém, ela interpreta erroneamente os objetivos — e os pressupostos teóricos — dessa prática. A descrição detalhada das características dos seres vivos não é, na

⁴Esse critério é conhecido na literatura especializada como critério de *agrupamento*, em oposição ao critério de *ranqueamento*, que determina qual o grau da hierarquia lineana que o grupo ocupará.

biologia contemporânea, um fim em si mesmo, mas está a serviço da reconstituição das relações genealógicas entre as espécies⁵. A biologia contemporânea concebe as espécies como linhagens individuais, não como tipos morfológicos (ou ecológicos, comportamentais).

Para melhor compreender em que consiste a diferença entre o pensamento tipológico e o individualista sobre os táxons, convém tomarmos em consideração a distinção proposta pelo paleontólogo George G. Simpson entre os aspectos *imanes* e *configuracionais* do universo:

As propriedades imutáveis da matéria e da energia, e os igualmente imutáveis processos e princípios que delas se originam, são *imanes* no universo material. Eles são não-históricos, embora ocorram e ajam no curso da história. O estado real do universo ou de qualquer parte dele em determinado momento, sua configuração, não é imane e está constantemente mudando. Ele é [...] *configuracional*, como prefiro dizer. (SIMPSON, 1963, p. 24–5)

Conforme salienta Caponi (2011c, p. 93), processos recorrentes tais como a *solubilidade na água*, o *vulcanismo* e a *extinguibilidade das espécies* pertenceriam ao domínio do *imane*. Por outro lado, processos em particular, e as entidades que realizam ou sofrem esses processos — erupções vulcânicas, extinções de espécies — pertenceriam ao domínio do *configuracional*. Desta maneira, pensar tipologicamente sobre os táxons significa concebê-los como imanes, pensá-los como linhagens individuais é inscrevê-los no domínio do configuracional.

Poderíamos dizer que, dentre as entidades e processos imanes, estariam aquelas classes ou tipos de coisas que, na literatura filosófica, costumam ser chamadas de *classes naturais*. O que é uma classe natural? Apesar de a literatura sobre classes naturais ser relativamente antiga, remontando a J. S. Mill (HACKING, 1991), há poucas tentativas de analisar o conceito. Geralmente, os filósofos apenas apresentam alguns dos termos para classes naturais, e esperam que o leitor entenda intuitivamente a que o conceito se aplica (LAPORTE, 2004, p. 8). Alguns dos exemplos de termos para classes naturais mais discutidos são: “tigre”, “água”, “ouro”, “cloreto de sódio”, “limão”, “gato”, e “jade”.

De um modo geral, classes naturais são “classes cujas instâncias são objetos que compartilham uma ou mais propriedades que são fundamentais de um certo ponto de vista teórico” (SOAVI, 2009, p. 185). Assim, do ponto

⁵Poderíamos também dizer, seguindo Caponi (2011b, p. 29n), que a semelhança não é a *ratio essendi*, a razão de ser, da atual taxonomia, mas fornece uma *ratio cognoscendi*, um modo de conhecer as relações filogenéticas.

de vista da química, todos os átomos de ouro existentes no universo têm o mesmo número atômico, por isso formam a classe natural designada pelo termo “ouro”. As classes naturais são geralmente contrastadas com as classes *artificiais* ou *nominais*, tais como a classe dos objetos que pesam mais de 50 kg, a classe dos livros vermelhos, ou a dos viúvos. A suposta diferença é que os tipos naturais suportam a indução, e que “permitem a descoberta de propriedades que são projetáveis sobre outras instâncias” (SOAVI, 2009, p. 185). Uma versão mais forte dessa caracterização é a de que as classes naturais devem figurar nas leis científicas (BIRD; TOBIN, 2008), embora esse ponto seja controverso (LAPORTE, 2004, p. 14).

Para fazer uma caracterização talvez heterodoxa, diríamos, sob a ótica da distinção entre os aspectos imanentes e configuracionais do universo, que as classes naturais são *possibilidades recorrentes de configurações*. Algumas configurações apresentadas por certos componentes do universo são semelhantes a configurações já ocorridas, ou àquelas apresentadas por outros componentes. Por exemplo, um certo conjunto de prótons, nêutrons e elétrons pode configurar, em determinado momento, um átomo de ouro em particular. Esse átomo de ouro em particular é uma configuração particular; o *ouro* é uma *possibilidade recorrente de configuração* de partículas subatômicas que se instancia em cada átomo individual de ouro.

Analogamente, pensar as espécies como classes naturais é pensá-las como possibilidades de configurações morfofisiológicas que se instanciam nos organismos particulares. Pensando dessa maneira, o que faz com que, digamos, um leão seja um leão é o fato de ele apresentar certa configuração morfofisiológica semelhante àquela apresentada por outros leões. Esse modo tipológico de compreender as espécies foi seriamente adotado por diversos biólogos ao longo da história, inclusive depois de Darwin. As primeiras formas de pensamento tipológico ou “essencialista” costumam ser atribuídas a Platão e Aristóteles, e praticamente todos os naturalistas pré-darwinianos — de modo proeminente, Lineu, Buffon, Cuvier e Lamarck — seriam herdeiros do essencialismo (MAYR, 2006; ERESHEFSKY, 2001). Não discutiremos aqui se Aristóteles ou Lineu eram essencialistas, já que essa interpretação desses autores vem sendo posta em questão (Cf. RICHARDS, 2010, caps. 2–3). Vejamos, então, brevemente em que sentido pode-se dizer que Buffon, Cuvier e Lamarck concebiam os táxons como tipos.

O pensamento tipológico de Georges Louis Leclerc, conde de Buffon (1707–1788), pode ser evidenciado sobretudo em sua teoria materialista para a origem da vida (CAPONI, 2010a, cap. III). Para Buffon, a partir das próprias leis da natureza, emergiria algo como uma tendência em produzir mais facilmente a matéria orgânica que a inorgânica, o que pode ser atestado pela “multiplicação dos germes, que pode aumentar quase ao infinito” (BUFFON, 1749 apud CAPONI, 2010a, p. 99). Seguindo essa forma de raciocinar, Buf-

fon considera plausível que, sob certas condições fisicoquímicas favoráveis, partículas orgânicas sejam produzidas espontaneamente, e que elas se combinem entre si para produzir seres mais complexos (Cf. CAPONI, 2010a, p. 101).

Para explicar o fato de que eram encontradas ossadas fósseis de animais muito maiores que as de espécies vivas, e também em coerência com sua teoria da degeneração (Cf. CAPONI, 2009a), Buffon postulou que a Terra era originalmente muito mais quente, e com isso apresentava condições mais propícias para que esses animais gigantes surgissem espontaneamente. Com o gradual resfriamento subsequente da Terra, e devido ao fato de que as moléculas orgânicas estariam cada vez menos disponíveis, os animais subsequentemente gerados por esse “simples jogo das leis da matéria” (CAPONI, 2010a, p. 101) vinham sendo cada vez menores.

Acima de tudo, o importante aqui é perceber a maneira como Buffon concebe as espécies como tipos de coisas que se instanciam sempre que ocorre a confluência fortuita de certas condições fisicoquímicas. Ou seja, para Buffon, determinado conjunto de condições fisicoquímicas sempre produz determinada espécie. Essa visão permite a ele explicar o fato de que

em todos os lugares em que a temperatura é a mesma, encontramos não apenas as mesmas plantas, as mesmas espécies de insetos, as mesmas espécies de répteis sem tê-los levado até ali, mas também as mesmas espécies de aves sem que elas tenham vindo de outra parte. (BUFFON, 1775 apud CAPONI, 2011b, p. 19)

Seguindo essa linha de raciocínio, Buffon chega a conjecturar que, se em algum outro planeta ocorrerem condições de temperatura semelhantes às da Terra, esse planeta muito provavelmente estará coberto dos mesmos tipos de seres vivos que povoam a Terra (Cf. CAPONI, 2011b, p. 19). Desse modo, pode-se dizer que Buffon pensava as espécies biológicas em analogia com as espécies de cristal. Afinal, na geologia, podem ser estabelecidas certas regularidades entre as condições de temperatura e pressão às quais certas moléculas estão submetidas, e a estrutura cristalina que será gerada a partir delas. As “espécies” de cristal pertencem à estrutura imanente do mundo; ao tratar as espécies biológicas em analogia com as geológicas, Buffon as inscrevia também no plano do imanente.

Por sua vez, no pensamento biológico de Georges Cuvier (1769–1832), essa inscrição das espécies no domínio do imanente é movida por uma preocupação com a integração fisiológica dos organismos. Com base em estudos de anatomia comparada, Cuvier formulou dois princípios complementares sobre a organização fisiológica: o da *correlação das partes* e o das *condições de existência* (Cf. CAPONI, 2008, cap. 2). Este último é enunciado por Cuvier

da seguinte maneira: “como nada pode existir se não reúne as condições que tornam sua existência possível, as diferentes partes de cada ser devem estar coordenadas de tal maneira que possibilitem o ser total [...]”⁶ (CUVIER, 1817 apud CAPONI, 2008, p. 41).

Por sua vez, o princípio de correlação das partes é: “todo ser organizado forma um conjunto, um sistema único e fechado, no qual todas as partes se conectam mutuamente, e convergem à mesma ação definitiva por uma reação recíproca” (CUVIER, 1812 apud CAPONI, 2008, p. 46). Se um ser organizado apresentasse uma configuração não-harmoniosa de partes, na qual elas competissem entre si, Cuvier diria que tal organismo seria uma “contradição fisiológica” e não poderia existir (Cf. CAPONI, 2008, p. 50). Enquanto as contradições lógicas ou matemáticas são violações de princípios que podem ser conhecidos *a priori*, as contradições fisiológicas violam princípios da organização dos seres vivos que “devem ser inferidos indutivamente a partir de um estudo cuidadoso e exaustivo das combinações de órgãos que efetivamente se dão e não se dão na natureza; essa é precisamente a tarefa da anatomia comparada” (CAPONI, 2008, p. 51-2).

Dentro do quadro teórico da anatomia comparada cuvieriana, então, classificar uma espécie em um gênero, família, ou qualquer ordem taxonômica superior equivale a descrever sua organização fisiológica. Conforme escreve Caponi,

Para Cuvier, ao dizer que um animal é mamífero, estamos formulando uma caracterização de sua fisiologia, estamos dizendo algo sobre como esse animal cumpre com suas funções fisiológicas fundamentais. “Ser um mamífero”, portanto, implica responder a um tipo particular de organização. Algo que, analogamente ao que ocorria com o conceito buffoniano de espécie, também é semelhante ao que implica dizer que uma molécula é uma molécula de água; neste caso, se trata de uma estrutura [molecular] determinada, e no caso de um mamífero, se trata de certos traços organizacionais específicos que distinguem esses animais dos outros vertebrados. (CAPONI, 2011b, p. 23)

Desta maneira, para Cuvier, termos como “mamífero” e “carnívoro” seriam descrições fisiológicas abreviadas e, se esses termos fossem entendidos como sinônimos dos nomes de táxons — “Mammalia” e “Carnivora” — classificar, digamos, os ursos-panda em Carnivora seria atribuir-lhes uma fisiologia de carnívoro. Essa forma de pensar contrasta com a darwiniana, para a

⁶A citação continua, após uma vírgula: “não somente em si mesmo, mas também em relação com aqueles seres que o circundam”. Omitimos esta parte da citação porque ela deu origem a uma longa tradição de interpretações enganosas, de adaptacionistas, de Cuvier. Para uma discussão e refutação dessa leitura, ver Caponi (2008).

qual os nomes “Mammalia” e “Carnivora” são simplesmente nomes próprios de linhagens. Do ponto de vista darwiniano, não há erro em incluir a espécie *Ailuropoda melanoleuca* — os ursos-panda — em Carnivora, mesmo se os animais dessa espécie não sejam efetivamente carnívoros (CAPONI, 2011b, p. 21). O que o taxonomista darwiniano está fazendo, nesse caso, não é uma descrição fisiológica dos pandas, mas sim genealógica; ele está dizendo que a linhagem *Ailuropoda melanoleuca* está incluída na linhagem Carnivora⁷.

Também encontramos uma concepção tipológica dos táxons na taxonomia proposta por Jean-Baptiste Lamarck (1744–1829). Lamarck defendia uma taxonomia *serial*, na qual todos os seres vivos, dos mais simples aos mais complexos, pudessem estar dispostos em uma única grande série. Porém, longe de ser uma pura classificação estática e abstrata, essa série refletia, para Lamarck, um grande processo de complexificação que ocorre, efetiva e repetidamente, na natureza. Tal processo de complexificação, chamado por Lamarck de “marcha da natureza”, emerge a partir de dois mecanismos: uma complexificação do organismo individual, regida pela dinâmica dos “fluidos orgânicos”, e uma transmissão hereditária da complexidade assim adquirida. Caponi explica tal processo de complexificação do organismo individual da seguinte maneira:

O processo inicia-se a partir de um corpo indiferenciado, no qual não se distingue um órgão específico. Mas, conforme esse corpo vai sendo irrigado por fluidos orgânicos, os tecidos começam a se modificar, dando origem aos diferentes órgãos. (CAPONI, 2009b, p. 72)

De algum modo, Lamarck precisava explicar como a complexidade adquirida pelo organismo individual se acumulou ao longo do tempo e, em última instância, pôde gerar organismos tão complexos quanto os seres humanos. Afinal, diferentemente de Buffon, Lamarck considerava implausível que um ser complexo, como os animais superiores, surgisse por geração espontânea:

Assim, para estabelecer [...] o estado de coisas que percebemos, a natureza teve apenas de produzir diretamente, quer dizer, sem o recurso de nenhum ato orgânico, os corpos organizados mais simples, seja animais, seja vegetais; e ela os reproduz ainda da mesma maneira, todos os dias, nos lugares e tempos favoráveis [...]. (LAMARCK, 1830, p. 274)

⁷Nesse exemplo, estamos ignorando as dificuldades em compatibilizar a hierarquia lineana com a sistemática filogenética. Adiante, retomaremos essa questão.

Para que a explicação de Lamarck seja completa, então, ele tem de postular que a complexidade adquirida durante a vida de um organismo é transmitida a seus descendentes por meio da reprodução:

[...] Se a natureza não tivesse podido dar aos atos de organização a faculdade de complicar mais e mais a própria organização, fazendo aumentar a energia do movimento dos fluidos, e por conseguinte a do movimento orgânico; e se ela não tivesse conservado pelas *reproduções* todos os progressos de composição na organização, e todos os aperfeiçoamentos adquiridos, ela certamente não teria jamais produzido essa multidão infinitamente variada de *animais* e *vegetais*, tão diferentes uns dos outros pelo estado de sua organização e por suas faculdades. (LAMARCK, 1830, p. 273)

Para entender essa teoria da evolução proposta por Lamarck, consideremos primeiramente o que acontece em uma única linhagem. Através de um processo de geração espontânea, surge um primeiro organismo, cujo grau de organização é o mais simples possível. Os movimentos dos fluidos corporais ao interior desse organismo, ao longo do tempo, fazem com que algumas de suas partes se diferenciem, tornando esse organismo mais complexo. O organismo se reproduz (talvez assexuadamente, nesse estágio), transmitindo a seus descendentes a complexidade adquirida. Esse processo se repete e, desde que se cumpram as condições climáticas adequadas, a longo prazo, a linhagem que teve início nesse único organismo pode apresentar uma população⁸ formada por seres humanos. Caso as condições climáticas não permitam o aumento de complexidade, a linhagem pode estagnar em determinado grau da escala dos seres.

Agora, o ponto crucial para entender Lamarck é que a vida não teve uma origem única e, por isso, os seres vivos não formam todos uma única grande linhagem. Processos como o que descrevemos no parágrafo anterior ocorrem a todo instante, em qualquer lugar em que ocorram as condições adequadas. Com isso, há várias linhagens paralelas coexistindo, e o estágio da escala zoológica que cada uma delas ocupa em determinado instante depende, por um lado, da idade da linhagem, e por outro, de sua história. Conforme acima mencionado, caso não se deem as condições adequadas, uma ou mais linhagens podem ficar estagnadas no mesmo grau de complexidade. Em parte, para Lamarck, é isso que produz a diversidade dos organismos que observamos: podemos conjecturar que, se houvesse uma única linhagem, com uma população suficientemente pequena, a cada momento da história da vida haveria uma única espécie existente.

⁸No sentido não-darwiniano de “grupo de organismos”.

Haveria, para Lamarck, catorze classes na taxonomia zoológica, que podiam ser divididas em seis grandes graus de complexidade. Na taxonomia de Lamarck, um organismo pode ser classificado em um desses grupos apenas com base em suas características organizacionais, isto é, independentemente de sua vinculação genealógica com uma ou outra linhagem. Com isso, Lamarck está mais próximo de Cuvier do que de Darwin:

As *massas* [grupos taxonômicos] *lamarckianas*, vemos aí claramente, não são configurações particulares e irrepetíveis que as formas vivas tomaram: elas são as formas que necessariamente a vida deve adotar em sua repetida marcha do simples ao complexo. Por isso se pode dizer que essas massas são *classes naturais* exemplificadas pelos organismos individuais realmente existentes. [...] Lamarckianamente falando, a adscrição de uma espécie particular a uma dessas categorias, antes de implicar uma hipótese sobre a história dessa espécie, implica, primária e basicamente, uma caracterização de seu nível e tipo de organização. (CAPONI, 2010b, p. 301-2)

Estamos agora em uma posição adequada para resumir os dois principais pontos de discordância entre o modo darwiniano de conceber os táxons e o pensamento tipológico, tal como exemplificado, com as variações que vimos, pelas teorias biológicas de Buffon, Cuvier e Lamarck. Em primeiro lugar, na concepção darwiniana, o nexa genealógico é fundamental para que os organismos sejam agrupados em um mesmo táxon. Em contraste, na concepção tipológica, os organismos são agrupados em função de suas características morfológicas ou fisiológicas. Como consequência disso, a taxonomia tipológica expressa informações sobre as diferenças organizacionais entre as espécies de seres vivos, independentemente das possíveis relações genealógicas entre elas.

Em segundo lugar, a concepção tipológica inscreve os táxons na estrutura imanente do universo, juntamente com as espécies geológicas e outras formas de possibilidades recorrentes de configuração. Por sua vez, na concepção darwiniana, os táxons são entidades únicas e irrepetíveis, com um início e um fim no tempo; uma vez extinto, um táxon jamais pode voltar a aparecer. Dito de outra maneira, para um biólogo darwiniano, os táxons são entidades individuais, ou particulares. A assim chamada *tese da individualidade dos táxons* é, na verdade, um corolário da concepção genealógica dos táxons. A seguir, veremos como esses dois aspectos se articulam na disciplina taxonômica de orientação darwiniana, a *sistemática filogenética*.

1.4 Táxons como linhagens: a sistemática filogenética

A filogenética sistemática foi fundada em 1950 com a publicação de *Grundzüge einer Theorie der Phylogenetischen Systematik*⁹, pelo entomólogo alemão Willi Hennig, mas só ganhou ampla divulgação com *Phylogenetic Systematics* (1966). A proposta de Hennig pode ser entendida como uma tentativa de levar a sério o hipótese darwiniana da *filiação comum* de todos os seres vivos e o corolário dela, a ideia que “toda verdadeira classificação é genalógica” (DARWIN, 1859, p. 420). A hipótese da filiação comum corresponde, grosso modo, à ideia de que todos os seres vivos terrestres descendem, em última instância, de um único ancestral comum. Combinada com a hipótese da seleção natural, a hipótese da filiação comum “universal” gera um padrão arborescente para as relações de descendência, isto é, um padrão no qual as linhagens sempre divergem e nunca convergem. Esse padrão foi batizado metaforicamente por Darwin de *Árvore da Vida* em uma eloquente passagem da *Origem das Espécies*:

As afinidades dos membros da mesma classe foram às vezes representados por uma grande árvore. Acredito que esta símile, em geral, diz a verdade [...] os ramos verdes e brotos podem representar as espécies existentes; e aqueles produzidos em anos anteriores podem representar a grande sucessão de espécies extintas [...] a grande Árvore da Vida [...] cobre a terra com ramificações sempre espraiantes e belas. (DARWIN, 1859, p. 129–30)

Porém, como reconstruir essa árvore? Que métodos podem ser utilizados para retrazar as relações genealógicas (filogenéticas) entre as espécies? O próprio Darwin sugere que as semelhanças entre os organismos — que ele chamava de *Unidade de Tipo* — podem ser explicadas por filiação comum; portanto, é possível levantar hipóteses de filiação comum a partir das semelhanças entre os caracteres dos organismos. Para usar a analogia proposta por Simpson (1961, p. 168–9), dois indivíduos não são gêmeos monozigóticos (“idênticos”) porque são tão semelhantes, eles são tão semelhantes porque são gêmeos monozigóticos. Poderíamos dizer que a *história* transcorre da filiação comum para a semelhança de caracteres, enquanto a *reconstrução da história* parte da semelhança de caracteres para inferir comunidade de filiação (v. Fig. 1.3).

A metodologia de Hennig não foi a única nem a primeira a se basear nesses princípios; a *taxonomia evolutiva* das décadas de 1930 e 1940 — cuja referência fundamental é o trabalho de Simpson (1961) — é uma importante

⁹*Elementos de uma teoria da sistemática filogenética.*

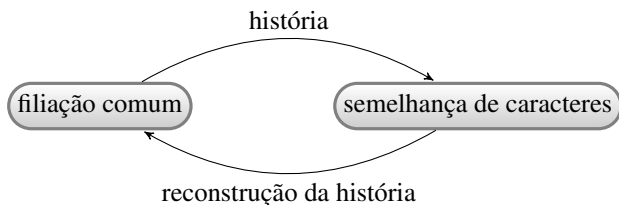


Figura 1.3: A partir da filiação comum, produz-se a semelhança de caracteres. A reconstrução da história procede no sentido inverso: a partir da semelhança de caracteres, infere-se a filiação comum.

precursora da sistemática filogenética. Alguns conceitos utilizados pela taxonomia evolutiva, como o de *monofilia* (v. seção 1.4.1), foram reinterpretados por Hennig, e é predominantemente nessa nova interpretação que eles são empregados hoje. Pode-se atribuir a fecundidade do método de Hennig a sua clareza metodológica e aplicação relativamente fácil.

Assim, Hennig propõe uma metodologia taxonômica que descreve metaforicamente como uma “reconstrução de família”, semelhante àquela utilizada por diversas organizações ao tentar reagrupar famílias humanas que foram fragmentadas pela II Guerra Mundial (HENNIG, 1966, p. 80). Embora as relações de descendência e inclusão entre os táxons (relações *filogenéticas*, v. seção 1.4.1) sejam diferentes das relações de descendência entre organismos (relações *tocogenéticas*), há semelhanças nos métodos que podem ser usados para reconstruir cada um desses tipos de genealogia.

Em particular, não são quaisquer características dos organismos que pode servir a uma reconstrução da história de descendência entre as linhagens. A primeira dificuldade encontrada na aplicação da diretriz metodológica “semelhança reflete filiação comum” é que “não há uma forma comumente aceita para se julgar a semelhança da forma” (HENNIG, 1966, p. 85). Uma comparação geral das características dos organismos, realizada de modo pré-teórico, não nos levaria muito longe. Hennig afirma, então, que a adequada reconstrução da filogenia só pode ser feita com base em caracteres *homólogos* dos organismos. Instâncias de um caráter em dois táxons diferentes são homólogas entre si se o ancestral comum aos dois táxons também instanciar esse caráter (Cf. AMORIM, 2002, p. 20). Dois caracteres homólogos não precisam ser semelhantes entre si: a asa de um morcego é um caráter homólogo ao braço de um homem, já que o ancestral comum entre os dois táxons apresentava esse caráter (membro anterior tetrápode)¹⁰. Antes de entrar em detalhes

¹⁰Como determinar se dois caracteres são homólogos se a própria determinação de ancestralidade comum entre táxons depende de uma análise dos caracteres? O próprio Hennig já reco-

nessa discussão, vejamos como Hennig concebe a relação entre caracteres, seus portadores, e as linhagens formadas por eles.

1.4.1 A ontologia de Hennig

Anteriormente, na seção 1.2, demos exemplos de linhagens de células e de organismos, mas a sistemática filogenética se ocupa de linhagens de espécies e de grupos taxonômicos maiores. Hennig propõe um esquema ontológico que permite ligar o nível do organismo ao nível da espécie, de modo a dar sentido ao estudo das relações filogenéticas a partir dos caracteres instanciados pelos organismos.

Do semaforonte ao organismo

O elemento mais fundamental da ontologia proposta por Willi Hennig é o *semaforonte* (“portador de caracteres”). Um semaforonte é um organismo em um certo período de tempo, que em tese poderia ser infinitamente pequeno, mas que deve ser suficiente para evidenciar certos processos vitais (HENNIG, 1966, p. 6). Isso quer dizer que um “retrato instantâneo” do organismo no qual seja impossível dizer se ele está vivo ou morto não conta como um semaforonte. Porém, não há como dizer com clareza e em abstrato qual deve ser a duração de um semaforonte para que ele seja uma entidade útil para a sistemática. Um semaforonte dura enquanto um conjunto de caracteres é instanciado, o que quer dizer que, em casos extremos, o semaforonte coincide com a totalidade da vida do organismo — talvez esse seja o caso de alguns microorganismos. Em casos de organismos que sofrem metamorfose, cada um dos estágios (por exemplo, larva, pupa, imago) corresponde a um semaforonte (HENNIG, 1966, p. 6).

Um semaforonte expressa caracteres em várias dimensões — morfológica, fisiológica, comportamental (etológica), e assim por diante. A totalidade dos caracteres expressos por um semaforonte é chamada de forma total, ou *holomorfa*, do semaforonte. Por sua vez, o que Hennig entende por caráter são as “peculiaridades que distinguem um semaforonte (ou um grupo de semaforontes) de outros semaforontes” (1966, p. 7). Embora nessa citação não fique claro se a expressão “um grupo de semaforontes” deva ser entendida de modo diacrônico como um único organismo em diversos momentos

nheceu esse problema, e ressaltou que afirmações de homologia entre dois caracteres são sempre hipotéticas (1966, p. 94). É o próprio conjunto de dados que confirma ou refuta as hipóteses de homologia, em um processo frequentemente chamado de *iluminação recíproca* (Cf. HENNIG, 1966, p. 148). Assim, as hipóteses de homologia confirmadas em determinado estudo podem ser derrubadas pela inclusão de outros caracteres na análise. Voltaremos a esse ponto mais adiante.

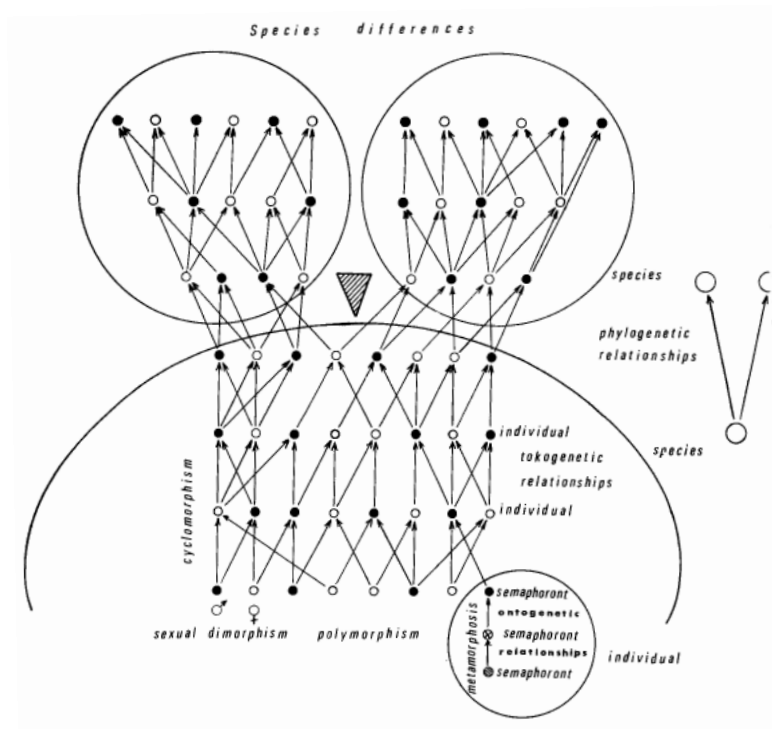


Figura 1.4: Ilustração de Hennig (1966, p. 31) mostrando as relações ontogênicas (entre semaforontes), tocogênicas (entre organismos) e filogenéticas (entre espécies). A cunha representa uma interrupção das relações tocogênicas na população, o que faz com que uma espécie dê origem a outras duas. As três espécies representadas estão assinaladas com os círculos grandes e o elipse na parte inferior.

temporais, ou de modo sincrônico como diversos organismos em um único momento temporal, a passagem a seguir sugere esta segunda interpretação:

Das muitas peculiaridades de um único semaforonte, só são de interesse para a sistemática biológica aquelas que se aplicam somente a ele, e aquelas que ele tem em comum com um número limitado de outros semaforontes, mas não aquelas que se aplicam a todos os semaforontes existentes. (HENNIG, 1966, p. 7)

Portanto, para a sistemática, interessam aqueles caracteres que possam

servir para traçar diferenças entre grupos diferentes de semaforontes, exibindo o mínimo de variação entre os semaforontes de uma mesma espécie, e o máximo de variação entre semaforontes de espécies diferentes. Também é desejável que os caracteres estudados apresentem um padrão vertical de herança — ou seja, herdável de ancestral para descendente, mas não entre organismos não aparentados. Além disso, não interessam para a filogenética as características que um organismo tenha adquirido como resultado de mutações somáticas, ou de circunstâncias ecológicas (WILEY; LIEBERMAN, 2011, p. 108).

Nos anos mais recentes, o uso de técnicas moleculares para o mapeamento de filogenias tem se tornado mais e mais comum. Para traçar filogenias moleculares, partes dos genomas dos organismos estudados são sequenciadas, e então tratadas com programas de computador que alinham e comparam as sequências de nucleotídeos. Nesses estudos, uma posição em um genoma pode ser considerado um caráter (AVISE, 2006, p. 13).

Segundo Hennig, os semaforontes devem ser considerados os elementos fundamentais da sistemática, porque constituem o dado bruto para qualquer classificação. Dizer (diacronicamente) que dois semaforontes são o mesmo organismo, em diferentes estágios, às vezes requer uma “complexa investigação científica” (1966, p. 6). Em favor desse ponto, Hennig menciona que a larva de uma mosca da carne, *Sarcophaga haemorrhoidalis*, já foi descrita como uma lombriga do gênero *Ascaris*. Houve também vermes como os do grupo *Kinorhyncha* que já foram descritos como larvas de dípteros (HENNIG, 1966, p. 33).

Sendo que os semaforontes são mais fundamentais que os organismos, um organismo pode ser definido como um conjunto (diacrônico) de semaforontes unidos entre si por relações causais — que Hennig chama de relações *ontogenéticas*. Embora Hennig não explique claramente o que concebe por relação ontogenética, podemos entendê-la como uma relação de produção de partes biológicas (moléculas, células, etc.), algo afim ao conceito de *autopoiese* proposto por Maturana e Varela (1997). Assim, podemos dizer que dois semaforontes são partes temporais (SIDER, 1997) do mesmo organismo se e somente se ou estiverem diretamente unidos por uma relação ontogenética, ou houver outros semaforontes intermediários entre eles de modo que entre cada um deles haja uma relação ontogenética. Os semaforontes que forem partes temporais de um mesmo organismo formam uma sucessão linear, de tal modo que nunca há mais de dois semaforontes envolvidos em uma relação ontogenética (v. fig. 1.4, canto inferior direito).

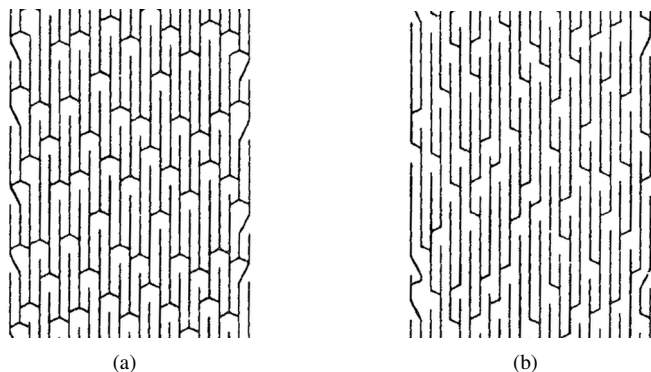


Figura 1.5: A “malha das relações toco­genéticas”, em organismos de repro­dução sexuada (a). As relações toco­genéticas em organismos de repro­dução assexuada (b) não formam uma malha, mas sim um padrão arborescente. Em ambos casos, as linhas verticais representam organismos, e as diagonais, as relações de repro­dução (toco­genéticas). (Reproduzida de Queiroz (1999, p. 52).)

Do organismo à filogenia

Por sua vez, os organismos estão unidos entre si por relações de reprodução, que Hennig chama de *toco­genéticas*. A topologia das relações toco­genéticas em organismos com reprodução sexuada é diferente daquela formada pela reprodução assexuada (v. fig 1.5). Na reprodução sexuada, as relações toco­genéticas unem os organismos de uma espécie em uma “malha” ou “trama” (*fabric*) contínua, de modo que um grupo de organismos unidos por relações toco­genéticas é uma espécie. Por isso, “novas espécies surgem quando ocorrem descontinuidades na malha de relações toco­genéticas” (HENNIG, 1966, p. 30).

Se considerarmos que os caracteres que são do interesse da sistemática filogenética apresentam um padrão vertical de hereditariedade, a malha de relações toco­genéticas pode ser vista como um *processo causal* (SALMON, 1998) de transmissão de caracteres. Um caráter novo que surja em um organismo poderá ser transmitido aos descendentes que fizerem parte da mesma malha de relações toco­genéticas (espécie) a que esse organismo pertence. Porém, se houver uma malha paralela e contemporânea a essa (uma espécie-irmã), os novos caracteres que por ventura surgirem em uma delas não podem ser transmitidos horizontalmente à outra.

Assim, essas divisões da malha tocogenética, quando permanentes¹¹, formam pontos sem retorno para a transmissão de caracteres. Consideremos a figura 1.4, supondo que a forma em cunha represente uma divisão permanente. Um caráter da espécie *A* pode ser transmitido para *B* ou *C*, mas um caráter que tenha surgido na espécie *B* não pode ser transmitido para a *C*. Com a divisão, há uma ruptura do padrão de hereditariedade observado em *A*, e emerge um novo padrão de hereditariedade, que agora inclui *B* e *C*. Para Hennig, a consequência disso é que a espécie ancestral, *A*, é extinta no momento da divisão:

Quando algumas das relações entre os indivíduos [organismos] deixa de existir, a espécie se desintegra em duas espécies e ela própria deixa de existir como uma espécie. Ela é o ancestral comum das duas espécies-filhas. Ambas espécies-filhas compartilham uma relação filogenética de primeira ordem. (HENNIG, 1950 apud HAMILTON, 2012, p. 138)

Essa é a famosa “regra da dicotomia”, ou simplesmente “regra de Hennig”. Diversos autores criticaram essa regra pelo fato de que gera consequências contraintuitivas: suponhamos que os organismos que pertencem à espécie *A* continuem vivos depois da divisão de *A* em *B* e *C*; se aceitamos a regra de Hennig, somos obrigados a afirmar que há organismos vivos que pertencem a uma espécie extinta (HAMILTON, 2012, p. 137). Porém, essa regra pode não ser tão contraintuitiva se lembrarmos que Hennig não está concebendo uma espécie no sentido tipológico, isto é, o que faz com que os organismos sejam agrupados em uma espécie não é um conjunto de características morfológicas ou fisiológicas. Uma espécie é constituída, para Hennig, de dois componentes: os organismos e as relações tocogenéticas entre eles. Sendo assim,

Neste modo de entender as espécies, é possível que exatamente os mesmos organismos persistam depois de uma barreira de especiação, mas o façam estando engajados em novos padrões de relações tocogenéticas. (HAMILTON, 2012, p. 137)

Hennig aceita a tese de Nicolai Hartmann, segundo a qual a único critério necessário e suficiente para a individualidade é a temporalidade. Poderíamos enunciar essa tese da seguinte maneira: *uma entidade é um indivíduo se e somente se tem um início e um fim no tempo* (Cf. HENNIG, 1966, p. 81). Retomando a distinção entre o configuracional e o imanente, podemos agora dizer que as espécies, e de fato todos os táxons supraespecíficos, são para Hennig indivíduos pelo fato de serem configurações irrepetíveis de relações

¹¹Estamos usando “divisão permanente” para traduzir *permanent split*.

genealógicas, apresentando um início e um fim no tempo. O próprio Hennig faz o contraste dessa visão com a tipológica:

[...] não há como duvidar que todas as categorias supraindividuais [leia-se: supraorganísmicas], da espécie ao mais alto grau [da hierarquia taxonômica], têm individualidade e realidade. Elas são todos segmentos do fluxo temporal de sucessivas “populações intercruzantes”. Como tal, têm um início e um fim no tempo, e há uma conexão causal constante entre as fases nas quais se encontram nos diferentes instantes. Tudo isso está ausente das categorias do sistema morfológico ou tipológico, que consequentemente são abstrações atemporais e, portanto, não têm nem individualidade, nem realidade. (HENNIG, 1966, p. 81)¹²

A individualidade das espécies é transmitida aos níveis supraespecíficos pelas relações *filogenéticas*: se *A*, *B* e *C* têm, cada uma a seu turno, um início e um fim no tempo, a linhagem formada por elas também terá. Essa linhagem, cabe ressaltar, não é uma linhagem de organismos ou células, como nos exemplos que consideramos na seção 1.2, mas sim uma linhagem de *espécies*. Por isso, quando o termo *ancestral comum* é aplicado para descrever relações filogenéticas, denota uma espécie inteira, e não um único organismo ou população. No exemplo das espécies *A*, *B* e *C*, a espécie *A* é o ancestral comum mais recente de *B* e *C*, e *B* e *C* são espécies-filhas em relação a *A*, ou ainda espécies-irmãs entre si. De acordo com o quadro proposto por Hennig, aliado à hipótese darwiniana da Árvore da Vida, dadas duas espécies quaisquer, há uma terceira que é o ancestral comum das duas. Se extrapolado, esse padrão gera uma hierarquia aninhada (*nested hierarchy*) cuja origem é o Ancestral Comum Universal (WOESE, 1998).

Cladogramas

Agora, é importante reconhecer que a rede de relações toco-genéticas nunca é tão bem conhecida quanto nos diagramas acima apresentados (por exemplo, na fig. 1.5). Como consequência, tampouco as relações filogenéticas são exatamente conhecidas; uma análise filogenética resulta em *hipóteses* sobre a relativa distância de parentesco entre três ou mais espécies ou táxons. Essas hipóteses são apresentadas na forma de diagramas chamados *cladogramas*.

O cladograma da figura 1.6 é uma hipótese sobre as relações filogenéticas entre aves, crocodilos, tartarugas e salmões; tais grupos ocupam a posição

¹²Algumas referências não-datadas mencionadas por Hennig foram omitidas dessa citação, para melhorar a legibilidade. Em conexão com o início e fim no tempo, Hennig cita N. Hartmann; sobre a conexão causal, Ziehen, e em “abstração atemporal”, Woodger.

de *táxons terminais* nesse cladograma. Cada um dos táxons terminais de um cladograma deve obrigatoriamente ser ou uma espécie ou um grupo monofilético (AMORIM, 2002, p. 60). Conforme dissemos acima, um cladograma apresenta informação sobre a relativa distância de parentesco entre três ou mais grupos, mas os ancestrais comuns nunca são explicitamente nomeados (ver seção 1.4.2, abaixo).

A partir do cladograma da figura 1.6, podemos obter as seguintes informações, entre outras:

1. x é a espécie que é o ancestral comum mais recente de crocodilos e aves;
2. crocodilos e aves são parentes mais próximos entre si que qualquer um deles o é em relação às tartarugas, porque compartilham um ancestral comum não compartilhado com as tartarugas;
3. crocodilos e aves formam um grupo monofilético (v. adiante);
4. crocodilos e tartarugas formam um grupo parafilético (v. adiante);
5. z é o ancestral comum a todos os grupos representados no cladograma.

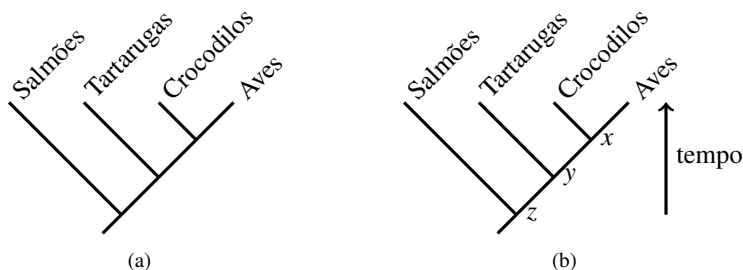


Figura 1.6: (a) Exemplo de cladograma. (b) Algumas convenções por trás do diagrama: a direção do tempo é representada da “raiz” para as “folhas”, e o tempo aqui não está em escala; os ancestrais comuns hipotéticos ocupam as posições dos vértices internos (x , y e z), mas não são nomeados. Note-se que esse é um cladograma baseado em vértices (WILEY; LIEBERMAN, 2011, p. 86), ou seja, os táxons ocupam a posição dos vértices, não das arestas.

Monofilia, parafilia, polifilia

Podemos agora definir o que Hennig entende por grupos *monofiléticos*. Hennig fornece duas definições equivalentes:

1. Um grupo é monofilético se “for possível mostrar que não somente todas as espécies (ou indivíduos) incluídos nele de fato descendem de uma única espécie-tronco [*stem species*], mas também que nenhuma espécie derivada dessa espécie-tronco é alocada fora do grupo em questão” (HENNIG, 1966, p. 73).
2. “Um grupo monofilético é um grupo de espécies no qual cada espécie está mais proximamente aparentada com todas as outras espécies do grupo que com qualquer outra espécie que é classificada fora do grupo” (HENNIG, 1966, p. 73).

Para entender essas definições, consideremos o cladograma da figura 1.7. A partir do diagrama, podemos inferir, por exemplo, que Aves e Crocodylia são parentes mais próximos entre si que qualquer um deles o é em relação a Lepidosauria. Por isso, formam um grupo monofilético (Archosauria).

Por exemplo, o táxon Reptilia, tal como hoje concebido, inclui crocodilos, cobras, lagartos, tartarugas e aves, e é um grupo monofilético. Isso significa que todos esses grupos compartilham um ancestral comum, e que nenhum descendente desse ancestral foi excluído do grupo Reptilia. Para identificar um grupo monofilético em um cladograma, basta escolher um vértice interno (que representa um ancestral comum) e incluir no grupo todos os ramos que partem desse vértice. Em contraste, o grupo dos répteis, tal como tradicionalmente concebido, de modo a excluir as aves, é um grupo parafilético. Por fim, o grupo dos animais endotérmicos é um exemplo de grupo polifilético, porque o último ancestral comum a aves e mamíferos não era uma espécie endotérmica.

Os grupos não-monofiléticos não são entidades individuais genuínas porque não refletem toda a história evolutiva das linhagens a que pertencem. Podemos agora retornar à metáfora de Hennig sobre a reconstrução de uma família. Se duas pessoas são mais semelhantes entre si do que cada uma delas é em relação a uma terceira, há grandes possibilidades de essas duas que tenham um ancestral comum mais recente que o último ancestral comum de todas as três pessoas. Se há dúvidas sobre alguma relação de parentesco, pode ser feito um teste de DNA — na sistemática filogenética, isso equivaleria a traçar uma filogenia molecular (v. exemplos em AVISE, 2006). De qualquer forma, tanto na sistemática filogenética quanto na reconstrução genealógica, deixar alguém de fora da história da família (parafilía) ou só contar a história de alguns membros da família (polifília) significa não contar a história da família inteira.

Analogamente, se quiséssemos contar a história de todas as mudanças evolutivas sofridas pelo grupo Reptilia, mas disséssemos que nenhum membro desse grupo desenvolveu endotermia e penas, estaríamos incorrendo no

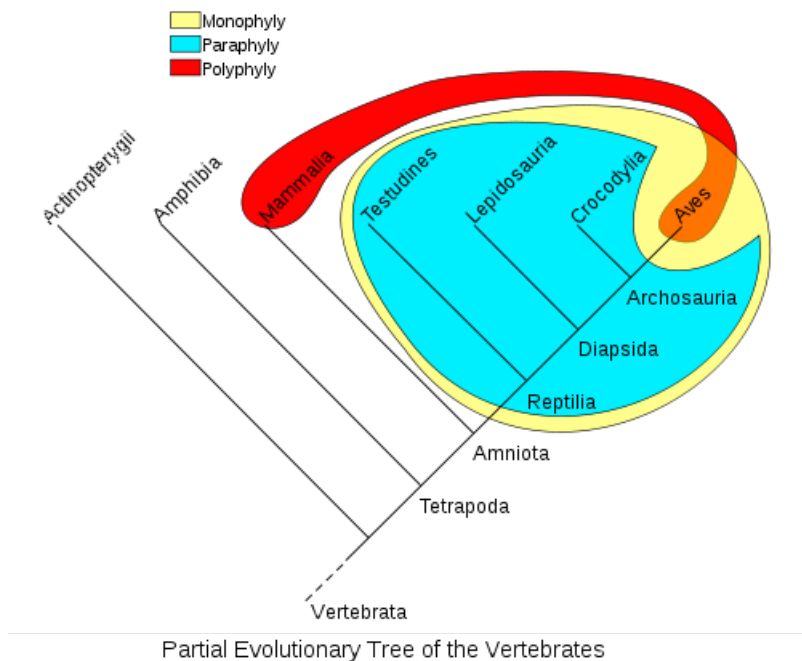


Figura 1.7: Ilustração da diferença entre um grupo monofilético (em amarelo), um parafilético (em azul) e um polifilético (em vermelho). Um grupo monofilético é formado por um ancestral comum e todos seus descendentes; na imagem, está indicado grupo monofilético “Reptilia” tal como é atualmente concebido, de modo a incluir Aves. Um grupo parafilético é aquele formado por um ancestral comum e alguns, mas não todos, seus descendentes; um exemplo seria o grupo “Reptilia” tal como tradicionalmente concebido, de modo que exclui Aves. Um grupo polifilético é aquele no qual o último ancestral comum dos membros do grupo não é, ele próprio, um membro do grupo; no exemplo, está indicado o grupo dos animais endotérmicos (Mammalia e Aves), cujo ancestral comum mais recente não era endotérmico. Os nomes na parte superior do cladograma se referem aos seguintes grupos: Aves, aves; Crocodylia, crocodilos; Lepidosauria, cobras e lagartos; Testudines, tartarugas; Mammalia, mamíferos; Amphibia, anfíbios; Actinopterygii, peixes teleostes com nadadeiras suportadas por lepidotríquias. (Reproduzida de http://en.wikipedia.org/wiki/File:Phylogenetic_Groups_Rev.svg)

erro de não contar a história completa do grupo. Assim, o grupo tradicional (parafilético) dos répteis não pode ser o sujeito de uma história evolutiva completa, porque deixa de fora um grupo que representa importantes inovações evolutivas, as aves. Da mesma forma, a história evolutiva de grupos polifiléticos como o dos animais endotérmicos não é uma história que tem um único sujeito, e sim duas ou mais histórias evolutivas independentes, cada uma delas com seu próprio sujeito.

1.4.2 Construindo cladogramas

Vejamos como é possível construir um cladograma sobre um certo número de táxons a partir da análise dos caracteres apresentados por seus organismos. O primeiro passo é escolher pelo menos três táxons para realizar a análise¹³: esses serão os *táxons terminais*, ou seja, aqueles que ocuparão os ramos terminais do diagrama arborescente (*cladograma*) que resultará da análise (KITCHING et al., 1998, p. 218). Depois, é preciso escolher um conjunto de *caracteres* sobre os quais a comparação será conduzida. Apesar da extensa literatura a respeito do conceito de caráter (KITCHING et al., 1998; WAGNER, 2001), ele não encontra uma definição precisa. Grosso modo, trata-se de uma característica que tenha distribuição relativamente uniforme entre os organismos de um táxon, mas que sirva para distingui-los dos organismos de outros táxons. Um caráter precisa ter pelo menos duas formas de manifestação alternativas, chamados *estados* do caráter. Um exemplo poderia ser o caráter *vértebras*, tendo como estados *presença* ou *ausência*.

Idealmente, todos os caracteres envolvidos na análise deverão ser tais que seus estados são homólogos entre si. Isso quer dizer que, se uma espécie ancestral apresentar determinado estado de um caráter, todas as espécies descendentes dela têm de apresentar esse caráter nesse mesmo estado ou em um estado derivado dele. Afinal,

Adotar a teoria da evolução como explicação para a diversidade biológica implica necessariamente em aceitar não somente que os *táxons*, mas também que *suas estruturas* se conectam no passado. (AMORIM, 2002, p. 24)

A vantagem da análise filogenética é que, além de fornecer evidências sobre quais dos estados de um caráter são primitivos e quais derivados, ela informa, ao mesmo tempo, se alguns dos caracteres escolhidos são ou não homólogos (KITCHING et al., 1998, p. 15). Antes do método de Hennig, não

¹³A escolha dos táxons é importante para a análise, já que, como veremos adiante, a escolha de um *grupo externo* adequado determinará o sucesso da fase de *polarização dos caracteres*, conforme explicaremos adiante.

havia um método para formular hipóteses a respeito de qual a forma mais primitiva de um caráter (AMORIM, 2002, p. 26).

A análise filogenética parte da suposição que os caracteres escolhidos para a análise são homólogos, até que se prove o contrário. Quer dizer, dados dois estados a e a' de um caráter, se supõe que eles fazem parte de uma *série de transformações*, ou seja, que um deles seja a forma original, e o outro seja resultado de modificações evolutivas ocorridas na estrutura em questão. Antes de realizar a análise, não se sabe qual a forma primitiva e qual a derivada — esquematicamente, não se sabe se $a \Rightarrow a'$ ou se $a' \Rightarrow a$. O estado primitivo de um caráter será chamado de *plesiomórfico*, enquanto o derivado é o *apomórfico*. Considerando os animais (Animalia), sabe-se que o estado “presença de vértebras” é apomórfico em relação a “ausência de vértebras”. A determinação da ordem de uma série de transformações é chamada *polarização*. Vale ressaltar que os conceitos “apomórfico” e “plesiomórfico” são relativos a posições em uma série de transformações. Consideremos a série polarizada

$$a \Rightarrow a' \Rightarrow a''$$

Nesse caso, a' é apomórfico em relação a a e plesiomórfico em relação a a'' . Antes de explicar como se realiza a polarização de uma série de transformações, convém ressaltar uma peculiaridade do método de Hennig.

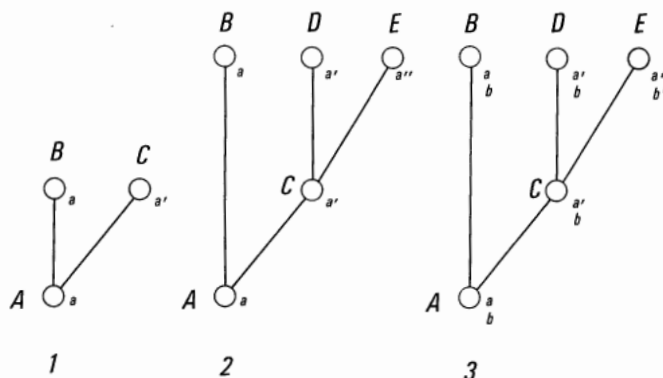


Figura 1.8: Especiação e transformações de caracteres. (Reproduzida de Hennig (1966, p. 89).)

Consideremos a figura 1.8, que representa uma história de especiação envolvendo cinco espécies (A–E) e duas séries de transformação ($a \Rightarrow a' \Rightarrow a''$ e $b \Rightarrow b'$). Em um evento de especiação, a transformação de a em a' talvez

ocorra em apenas uma das espécies-filhas (espécie *C* no painel 1 da figura). Com isso, pode resultar que a outra espécie-filha (*B*) conserve todos os caracteres em um estado plesiomórfico, de modo que seja indistinguível da espécie ancestral (*A*). No exemplo da figura (painel 3), *A* seria indistinguível de *B*, e *D* é indistinguível de *C* pois ambas apresentam os dois caracteres nos mesmos estados. É importante ressaltar, então, que a figura representa a *história* de descendência entre *A–E*, e não é um cladograma. A *reconstrução* dessa história pelo método de Hennig não é capaz de apontar exatamente quais são os táxons ancestrais. Assim,

[...] Hennig propôs que só podem ser conhecidas as relações colaterais, ou de grupos-irmãos, não de ancestrais-decendentes. Não há como estabelecer, mesmo que com um grau mínimo de certeza, quais são os verdadeiros ancestrais dos táxons escolhidos, o que faz com que também as espécies fósseis sejam tratadas como táxons terminais. Resultado da análise das similaridades especiais [isto é, hipóteses de homologia], o cladograma pode ser utilizado apenas para determinar se um grupo taxonômico está mais próximo de outro em relação a um terceiro, e nunca se um grupo é o ancestral direto de outro a ele adjacente. Os ancestrais não aparecem nos cladogramas — eles são sempre hipotéticos. (SANTOS, 2008, p. 192)

Diante dessa consideração, vejamos um exemplo simples (baseado em WILEY; LIEBERMAN, 2011, p. 13) de reconstrução filogenética, para que o conceito de polarização de caracteres fique mais claro. Digamos que se queira reconstruir as relações filogenéticas entre tubarões, salmões e humanos. Para que possamos determinar quais caracteres desses organismos são apomórficos e quais plesiomórficos, é preciso escolher um *grupo externo* — um grupo de organismos que não seja o ancestral comum do grupo sob análise (*grupo interno*), mas que seja considerado filogeneticamente próximo ao grupo interno. Tal proximidade pode ter sido estabelecida por outras análises filogenéticas, exame do registro fóssil, ou do desenvolvimento embrionário (RIDLEY, 2004, p. 434–6). Além disso, o grupo externo não pode ter um ancestral comum com qualquer um dos membros do grupo interno de modo que esse ancestral seja mais recente que o ancestral comum a *todos* os membros do grupo interno. O ponto é que os estados de caráter apresentados pelo grupo externo serão considerados plesiomórficos, e a polarização dos caracteres no grupo interno será feita em relação a ele.

Para nosso exemplo, escolheremos as lampreias como grupo externo, e nos basearemos nos seguintes caracteres: *membros* (estados: *nenhum, nada-deiras, pernas*), *arco branquial* (estados: *gueltras, mandíbula*) e *esqueleto interno* (estados: *cartilaginoso, ósseo*). Mapeamos os estados desses caracteres

	membros	arco branquial	esqueleto interno
lampreia	nenhum	guelras	cartilaginoso
tubarão	nadadeiras	mandíbula	cartilaginoso
salmão	nadadeiras	mandíbula	ósseo
humano	pernas	mandíbula	ósseo

(a)

	1	2	3
lampreia	0	0	0
tubarão	1	1	0
salmão	1	1	1
humano	2	1	1

(b)

Tabela 1.1: Matrizes de caracteres. (a) Caracteres e seus estados expressos em palavras. (b) Caracteres codificados e polarizados. Os números em face normal (não-negrito) representam os estados polarizados: quanto mais próximo de 0, mais plesiomórfico.

apresentados por cada táxon em uma *matriz de caracteres* (Tabela 1.1(a)). Em seguida, pode-se realizar a codificação e polarização dos caracteres, de modo que os estados plesiomórficos (em geral, aqueles apresentados pelo grupo externo) recebem o número 0, e os outros estados recebem números inteiros positivos segundo a ordem que se julga ser a ordem histórica de transformação (Tabela 1.1(b)).

A série de transformação do caráter *membros*, por exemplo, foi polarizada e codificada da seguinte maneira:

$$\begin{array}{ccc}
 0 & & 1 & & 2 \\
 \text{nenhum} & \Rightarrow & \text{nadadeiras} & \Rightarrow & \text{pernas}
 \end{array}$$

A codificação de caracteres é um passo importante, porque determina a maneira como os dados serão processados. A matriz de caracteres codificada é então submetida ao tratamento estatístico em um programa de computador usado para gerar cladogramas (v. lista em KITCHING et al., 1998, p. 221). Os principais métodos de inferência estatística utilizados atualmente na sistemática filogenética são os da “distância”, parcimônia, e máxima verossimilhança (RIDLEY, 2004, p. 440ss).

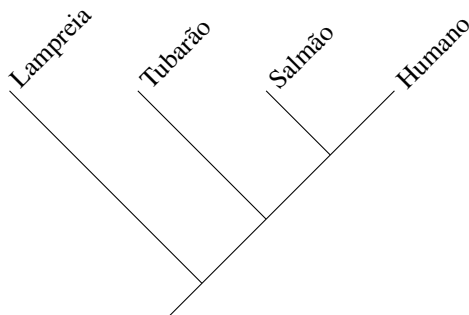


Figura 1.9: Cladograma mais parcimonioso obtido a partir da matriz de caracteres apresentada na tabela 1.1.

Porém, os dados de nossa matriz de caracteres são suficientemente simples para poderem ser analisados sem o auxílio desses programas, por um método chamado de *argumentação de Hennig*. Uma análise dos 15 cladogramas possíveis (AMORIM, 2002, p. 63) mostra que o mais parcimonioso, ou seja, aquele que postula a menor quantidade de mudanças evolutivas para explicar os dados, é o da figura 1.9.

1.5 Critérios para — e consequências da — individualidade

Se adotarmos a concepção dos táxons como indivíduos, algumas consequências relativas ao modo como conceituamos indivíduos em geral se aplicarão também aos táxons. Pode-se dizer que grande parte do trabalho conceitual clássico relativo à tese da individualidade feito por Ghiselin (1974, 1997) e Hull (1976, 1994b) é uma tentativa de explicitar os critérios de individualidade, e as consequências que se podem derivar do fato de que táxons são indivíduos. Se táxons são indivíduos, então, segundo Ghiselin:

- (1) seus nomes são próprios;
- (2) não pode haver exemplos [*instances*] deles;
- (3) eles não têm propriedades definitórias (intensões);
- (4) seus organismos constituintes são partes, não membros. (GHISELIN, 1974, p. 536)

Essas consequências derivam, em grande medida, do fato de que a ontologia de Ghiselin admite apenas duas categorias de entidades: indivíduos concretos e espacotemporalmente localizados, por um lado, e classes abstratas e

a-históricas por outro (Cf. GHISELIN, 1997, p. 302). Vários autores consideram essa visão demasiadamente restritiva (CRANE, 2004; QUEIROZ, 1995; REYDON, 2003), tanto pelo fato de ela deixar de levar em conta diferentes tipos de indivíduos, quanto por deixar de reconhecer que há diferentes tipos de classes. Tendo em mãos apenas a distinção unidimensional proposta por Ghiselin entre indivíduos espacotemporalmente localizáveis e classes abstratas, atemporais, fica difícil estabelecer com precisão o estatuto ontológico das linhagens (CAPONI, 2011c; CRANE, 2004; QUEIROZ, 1995; REYDON, 2003).

Nesta seção, apresentaremos cada uma das consequências acima, discutindo também algumas propostas de condições necessárias para a individualidade: a localização espacial (seção 1.5.2) e a coesão entre partes (seção 1.5.3). Apresentaremos as consequências de Ghiselin na seguinte ordem: (3), (4) e (2), deixando a questão dos nomes próprios por último. Na discussão desses corolários, seguiremos a proposta de Caponi (2011a) segundo a qual, para superar algumas limitações da tese da individualidade tal como enunciada por Ghiselin e Hull, é preciso admitir que há pelo menos dois tipos de entidades individuais, *linhagens* e *sistemas*, e que há pelo menos dois tipos de classes, os *nomótipos* e os *ideótipos*. Por fim, apresentaremos brevemente a noção de que os nomes dos táxons são próprios, assunto que será o tema do restante deste trabalho.

1.5.1 Definições intensionais

Ghiselin afirma que as classes podem ser definidas *intensionalmente*, isto é, através da estipulação de critérios necessários e suficientes para que determinado indivíduo pertença à classe em questão (GHISELIN, 1997, p. 65, 303). Podemos dizer, por exemplo, que um objeto qualquer é um *crystal de cloreto de sódio* se e somente se for composto de átomos de sódio e cloro em proporções iguais formando células unitárias cúbicas¹⁴. Parece que as classes naturais, como o ouro, podem ser muito bem definidas intensionalmente (SOBER, 2000, p. 148):

Para qualquer objeto x , x é feito de ouro se e somente se seus átomos têm o número atômico 79.

O que dizer dos táxons? Como poderíamos preencher as reticências no esquema de definição a seguir?

¹⁴Ou seja, o menor cristal de sal (a *célula unitária*) é um cubo com os átomos de sódio e cloro dispostos nos vértices (cada átomo de sódio está oposto a um átomo de cloro pelas diagonais do cubo, não das faces).

Para qualquer objeto x , x é um membro de *Felis catus* se e somente se . . .

Conforme vimos anteriormente, na visão dos táxons como classes naturais, compartilhada por Buffon, Cuvier e Lamarck, as reticências deveriam ser preenchidas por critérios morfofisiológicos, organizacionais. Conforme veremos no capítulo 2, De Queiroz preencheria as reticências com um critério genealógico. A diferença entre as duas classes de critérios é que a primeira depende de propriedades *intrínsecas* dos organismos, enquanto a segunda envolve propriedades *relacionais* (OKASHA, 2002).

Porém, para Ghiselin, quaisquer tentativas de estipular critérios necessários e suficientes para definir indivíduos são falhas. Indivíduos, afirma ele, não têm propriedades definitórias. Por exemplo, imaginemos que estamos numa festa e gostaríamos de saber quem é um sujeito barbudo que está conversando com a anfitriã. A propriedade de ser barbudo, afirma Ghiselin, não é definitória, porque ele seria a mesma pessoa se não tivesse barba, e aliás, muito provavelmente não tinha barba quando era criança (1997, p. 46). Porém, é preciso alertar para o truque de prestidigitação semântica que Ghiselin realiza aqui: enquanto, para classes, mostra que é possível fornecer condições necessárias e suficientes para que certos membros pertençam à classe, não mostra que é impossível estipular condições necessárias e suficientes para que certas *partes* pertençam a um *indivíduo*. Ghiselin apenas mostra que é impossível estabelecer propriedades que façam com que um indivíduo seja quem ele é, mas então poderíamos espelhar a argumentação e dizer que também é impossível estipular propriedades definitórias que façam com que uma classe seja o que ela é.

Ghiselin parece perceber isso no trecho a seguir:

Nominalistas antiquados diriam que a única coisa que as classes compartilham [deveria ser: os membros de uma classe compartilham] é um nome. Com certeza elas compartilham pelo menos isso, embora a maioria de nós também diria que eles também compartilham propriedades. Indivíduos, entretanto, também podem ser nomeados. Por outro lado, provavelmente não diríamos que eles “compartilham” nomes próprios. Pelo menos não no mesmo sentido que as classes compartilham nomes. [. . .] De maneira semelhante, as partes de um indivíduo, como minha mão ou meu pé “compartilham” meu nome apenas no sentido equívoco de que uma pessoa pode se referir a eles enunciando uma frase na qual meu nome ocorre. (GHISELIN, 1997, p. 64)

Ghiselin tem razão em dizer que seria equívoco se referir a uma parte de um indivíduo através do nome próprio desse indivíduo, por exemplo, dizer

que a mão de Darwin é um exemplo de Darwin. Esse ponto está relacionado com o próximo da lista de Ghiselin, a ideia de que indivíduos não têm exemplos, mas partes. Ainda assim, Ghiselin não mostra de maneira definitiva que é impossível dar definições necessárias e suficientes para o que deve contar como uma parte de um indivíduo particular. Considere, por exemplo, a seguinte definição de *parte de Charles Darwin*: algo é uma parte de Charles Darwin se e somente se for o zigoto que deu origem a Charles Darwin ou for formado por células que descendem desse zigoto. Ghiselin não mostra por que esse tipo de definição não poderia fazer sentido¹⁵ e, de fato, grande parte de nossa argumentação no capítulo 3 tem por objetivo mostrar que é possível — e desejável, do ponto de vista teórico — dar definições intensionais para termos como “parte do indivíduo *x*”.

De um modo geral, os argumentos de Ghiselin têm por objetivo mostrar que o *essencialismo* — a visão de que táxons são classes naturais, definíveis por propriedades necessárias e suficientes — está errado. Defenderemos aqui (capítulo 3) algo como um essencialismo *relacional*, segundo o qual as relações genealógicas (tocogenéticas e filogenéticas) constituem condições necessárias e suficientes para a inclusão de um organismo em uma linhagem, ou de uma linhagem em outra.

1.5.2 Localização espacial

Passemos à ideia de que os indivíduos são espaço-temporalmente restritos, enquanto as classes não. Certamente, essa posição só se sustenta se houver uma diferença entre os indivíduos que são membros de uma classe em determinado momento (a *extensão* da classe) e a classe em si, enquanto entidade abstrata. Para entender esse ponto, imaginemos que, por alguma razão, em determinado momento, todo o cloreto de sódio do universo encontre-se dissociado (átomos de sódio separados dos átomos de cloro). Embora não exista, naquele momento, nenhum cristal de cloreto de sódio — e com isso a extensão da classe, naquele momento, seria nula —, não diríamos que a classe *cristal de cloreto de sódio* teria deixado de existir. Com efeito, se, após algum tempo, alguns átomos de sódio e cloro voltassem a se reunir, formando cristais de cloreto de sódio, utilizaríamos o mesmo nome para nos referirmos a essa substância.

¹⁵Uma objeção possível é que a definição é circular. Afinal, o nome “Charles Darwin” figura no *definiens* e no *definiendum*. Entretanto, mostraremos adiante que essa circularidade é apenas aparente, já que expressões como “zigoto que atualmente deu origem a Charles Darwin” são, na verdade, *nomes descritivos* (EVANS, 1985b). É importante ressaltar, também, que não estamos defendendo que essa é a única definição possível para *parte de Charles Darwin*; uma definição como essa somente tem valor diante de um contexto teórico, e portanto de um objetivo cognitivo. No contexto teórico da sistemática filogenética, tais definições são úteis.

Localização espacial, então, parece ser uma propriedade da extensão de uma classe, mas não da classe em si. Mas o que dizer dos táxons? Até aqui, consideramos apenas o critério mínimo, proposto por Hennig, do nexó genealógico como condição necessária e suficiente para a individualidade de um táxon. Em outras palavras, ser um grupo monofilético é condição necessária e suficiente para ser um indivíduo, do ponto de vista evolutivo. Os grupos monofiléticos, as linhagens, são indivíduos pelo fato de serem entidades históricas, irrepetíveis. Entretanto, para a maioria dos autores que aceita a tese da individualidade (BRANDON; MISHLER, 1996; ERESHEFSKY, 2001; HULL, 1976, 1994b; WILEY, 1981), concorda com Ghiselin que a simples restrição temporal não faz de algo um indivíduo — as entidades individuais devem também ser *espacialmente* localizáveis¹⁶.

Será o critério da localização espacial necessário para a individualidade? Suponhamos que mapeássemos todos os organismos pertencentes à espécie *Panthera leo* e apontássemos para o conjunto de organismos assim formado: essa é a localização espacial de *Panthera leo* (CAPONI, 2011c, p. 89)? Se aceitarmos que sim, então podemos dar razão a Ghiselin, Hull e os outros autores mencionados no parágrafo anterior, e concluir que as espécies podem ser localizadas espacialmente. Mas, se assim for, temos que admitir ainda que a localização espacial de todas as populações de todas as espécies que constituem um gênero correspondem à localização espacial desse gênero, em determinado instante do tempo (CAPONI, 2011c, p. 90). Isso seria tão absurdo quanto identificar a localização espacial da língua espanhola com o conjunto dos falantes de espanhol, ou o conjunto dos exemplares de *O tempo e o vento* com a localização espacial dessa obra (CAPONI, 2011c, p. 85ss).

Pode haver um outro argumento para mostrar que os táxons não são espacialmente localizáveis. Não é em virtude da posição espacial que um organismo faz parte de uma espécie, mas das relações genealógicas (Hennig diria, tocogenéticas) que se estabelecem entre ele e outros organismos. A materialidade e a localização espacial dos organismos individuais é certamente necessária para que se estabeleçam relações genealógicas, mas, uma vez estabelecidas, elas subsistem independentemente da localização espacial das entidades envolvidas. Se um organismo é irmão de outro, a relação de irmandade entre eles não está em nenhum lugar em particular, mas tem uma duração no tempo.

Só poderíamos dizer que uma espécie tem localização temporal se a espécie fosse constituída apenas pelos organismos, independentemente de

¹⁶Às vezes, parece que esses autores utilizam a expressão “espaço-temporal” apenas pelo fato de que, na física, as dimensões espaciais e a temporal não são separadas. Alguém poderia então objetar que estamos fazendo uma separação artificial, desautorizada pela física, entre espaço e tempo. Porém, acreditamos que, na biologia, considerações relativísticas desse tipo são irrelevantes.

quaisquer relações genealógicas que pudessem existir entre eles. Pelo fato de que tais relações são efetivamente a trama que une os organismos nas espécies, e não sendo elas mesmas espaciais, as espécies teriam um componente não-espacial, o que seria suficiente para dizer que elas não são espaciais.

É possível levantar um contra-argumento da parte do defensor da localização espacial das espécies. Pensemos em um organismo pluricelular: as células desse organismo apresentam relações entre si, tanto sincrônicas quanto diacrônicas. As relações sincrônicas são as relações espaciais e estruturais entre as células. As relações diacrônicas, que Hennig chamaria de ontogenéticas, são antes de tudo genealógicas — o organismo como um todo é uma única grande linhagem de células — mas também são causais, como nos fenômenos de sinalização celular. De um modo geral, temos o mesmo dilema do caso das espécies: tais relações, embora dependam de entidades espaciais, não são espaciais. O zigoto é o ancestral de todas as células do organismo, mas essa relação de ancestralidade não está em nenhum lugar do espaço. O organismo não é nem um mero conjunto de células, nem uma mera soma morfológica delas, mas um “todo estruturado” (CRANE, 2004). Porém, apesar de ser estruturado por relações que podem não ser, elas próprias, espaciais, dificilmente diríamos que o organismo não pode ser espacialmente localizado.

Há, é claro, uma grande diferença entre organismos e espécies: não há múltiplos “avatares” de um organismo coexistindo e ocupando lugares diferentes do espaço, mas uma espécie, em determinado instante do tempo, pode ser formada por diversas populações. Não obstante, pensamos que uma formulação mais precisa pode salvar a tese de que as espécies, e com efeito as linhagens em geral, têm uma localização espacial relativa a determinado instante do tempo.

Dentre as definições genealógicas do conceito de espécie, a mais geral talvez seja o conceito geral de espécie como linhagens, formulado originalmente por Simpson (1961), mas defendido recentemente por Wiley e Lieberman (2011) e De Queiroz (1999). Segundo esse conceito, “espécies são [...] linhagens no nível populacional” (QUEIROZ, 1999, p. 53). Aceitaremos aqui essa definição, pois ela vai ao encontro da sistemática filogenética, da perspectiva genealógica sobre as espécies, e portanto da teses da individualidade dos táxons¹⁷. Espécies, de acordo com essa concepção, são linhagens de populações; são sequências de populações em uma relação de ancestralidade-descendência.

Desse modo, as espécies são entidades estendidas no tempo: as populações que a compõem em diferentes instantes do tempo são suas *partes temporais*. Uma parte temporal é algo que é parte de determinada entidade em

¹⁷Conforme aponta Ereshefsky (2011, p. 9), essa definição é insuficiente para diferenciar espécies de grupos taxonômicos superiores. Entretanto, ela serve para nossos propósitos aqui.

determinado momento do tempo. A questão é que há certa ambiguidade entre *localização espacial da linhagem* e *localização espacial de uma parte temporal da linhagem*. A espécie não está “totalmente presente” em determinado instante do tempo, pois há organismos que pertenceram a ela outrora, e organismos que pertencerão a ela no futuro¹⁸. Assim, a referência de um nome como “*Cygnus olor*” (cisnes) pode ser ambigualmente entendida como a espécie enquanto entidade temporalmente estendida, ou como qualquer uma de suas “fatias” temporais (HULL, 1989a, p. 187-9). O problema da localização espacial de uma espécie surge apenas se confundirmos a localização espacial de uma parte temporal com a localização espacial da espécie como um todo.

Agora, podemos resolver o problema da seguinte maneira: a localização espacial de uma parte temporal da espécie equivale à localização espacial dos organismos que a constituem naquele determinado instante. Da mesma maneira que a localização espacial de um organismo, a localização espacial da espécie como um todo não pode ser determinada de modo independente do tempo. Não faz sentido, portanto, falar da localização espacial de uma espécie sem fazer referência a um instante do tempo.

Consideremos a figura 1.10, que representa um grupo monofilético de espécies cujo ancestral comum é a espécie *A*. Na figura, estão representadas três populações (ou metapopulações) que são partes temporais da espécie *B*: *B*₁, *B*₂ e *B*₃. Qual a localização espacial de *B*? Ora, ela corresponde à localização dos organismos que compõem *B*₁ em *t*₂, *B*₂ em *t*₃, e assim por diante. O mesmo pode ser dito sobre o grupo monofilético formado por *A* e todos seus descendentes: sua localização é a mesma dos organismos que compõem *B*₂ e *C* em *t*₃, por exemplo, ou ainda *D*₃ e *E*₃ em *t*₇.

Voltemos àquela diferença entre espécies e organismos que mencionamos anteriormente: enquanto um organismo está em uma região do espaço mais restrita, em determinado instante do tempo, uma espécie é uma entidade espacialmente difusa. O problema parece se agravar se considerarmos que uma espécie pode ser composta, em determinado instante do tempo, por mais de uma população. Porém, ser espacialmente contíguo não é uma condição necessária para que um indivíduo seja espacialmente localizável. Um país pode ter territórios não-contíguos sem que isso faça com que ele deixe de ter uma localização espacial (GHISELIN, 1974). Por fim, um último argumento breve em favor de que as linhagens são espacialmente localizáveis é o fato de as quarentenas serem úteis para controlar epidemias (GHISELIN, 1997, p. 74).

¹⁸A posição metafísica segundo a qual as entidades têm partes temporais, e não estão “totalmente presentes” em determinado instante do tempo, é chamada quadridimensionalismo (CRANE, 2004; SIDER, 1997).

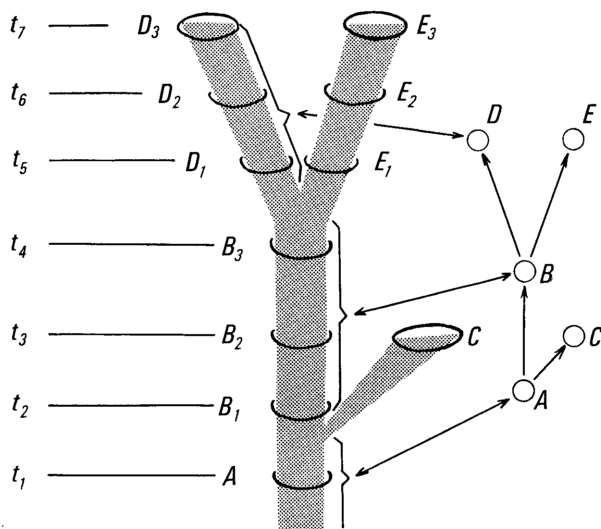


Figura 1.10: As espécies na dimensão do tempo. (Reproduzida de Hennig (1966, p. 59).)

1.5.3 Coesão entre partes, nomótipos e ideótipos

Para explicar a tese da individualidade dos táxons, Ghiselin (1974) e Hull (1976) estabelecem analogias com a individualidade dos organismos. Hull, por exemplo, escreve: “do ponto de vista da percepção humana, os organismos são os indivíduos paradigmáticos” (1976, p. 175). As analogias entre espécies e organismos, embora úteis em certos contextos, se levadas muito a sério, podem impôr critérios desnecessários para a individualidade. Um caso representativo é o debate sobre se algo como a *coesão entre as partes* é uma condição necessária da individualidade.

Os organismos apresentam — ainda que em diferentes graus — uma coesão funcional entre suas partes. A ideia é que, se entendermos os organismos como paradigmas de indivíduos, a coesão entre as partes pode ser uma condição necessária para a individualidade. Nesse caso, para mostrar que as espécies são indivíduos, teríamos de mostrar que há alguma forma de coesão funcional ou causal ao interior delas para além da simples vinculação genealógica entre os organismos que a compõem. Essa exigência foi expressa nitidamente por Hull:

[A] integração por descendência é apenas uma condição neces-

sária para a individualidade; ela não é suficiente. Se ela fosse, todos os genes, todos os organismos e todas as espécies formariam apenas um único indivíduo. Uma certa coesão também é necessária, uma coesão que é problemática até mesmo no nível das espécies e populações. (HULL, 1976, p. 183)

Wiley (1980) concorda com Hennig, Ghiselin e Hull acerca do fato de que os táxons supraespecíficos não são classes, mas é levado a admitir — diante da falta de coesão interna para além da genealogia — que eles tampouco são indivíduos. Enquanto as espécies apresentariam mecanismos de coesão tais como fluxo gênico, homeostasia genética e exposição a pressões seletivas comuns, tais mecanismos estariam ausentes dos táxons supraespecíficos (Cf. WILEY, 1981, p. 75). Para Wiley, então, é preciso criar uma terceira categoria, a das *entidades históricas*, na qual se enquadrariam os táxons supraespecíficos. Ereshefsky (1992a) estende a aplicação dos critérios de individualidade de Wiley, dizendo que até mesmo algumas espécies são entidades históricas, não apresentando coesão suficiente para serem considerados indivíduos.

Considerações semelhantes são levantadas por Sober, para quem a coesão é tão importante que ela chega a determinar a existência de *graus de individualidade*:

Os organismos diferem vastamente no *grau de interdependência funcional* que une suas partes. Por exemplo, as partes de um tigre são funcionalmente mais interconectadas que as partes de uma planta de hera. Corte uma porção arbitrária de 20 por cento de um tigre e ele provavelmente morrerá; corte um parte arbitrária de 20 por cento de uma planta de hera e ela pode muito bem sobreviver. Individualidade não é uma questão de sim-ou-não; ela vem em graus. [...] Conforme a interdependência funcional se reduz, uma coleção de partes se torna cada vez menos um indivíduo. (SOBER, 2000, p. 154)

Não concordamos que a coesão seja uma característica necessária para a individualidade; concordamos com Crane que “[i]ndivíduos podem ter graus de coesão, mas não há graus de individualidade” (2004, p. 168). Ghiselin (1997, p. 56–7) apresenta dois exemplos de indivíduos que não apresentam coesão, mas que nem por isso deixam de ser entidades individuais. O primeiro exemplo é o de uma arma de fogo desmontada: o fato de ela estar desmontada não faz com que ela deixe de ser um indivíduo. Com efeito, alguém acusado de ter uma arma não pode se defender alegando que ela está desmontada e que, portanto, não é um indivíduo. O segundo exemplo é o de um comitê: ele não deixa de existir enquanto seus membros não estão reunidos.

Porém, pode haver um erro mais fundamental na origem da discussão sobre coesão e individualidade. Essa discussão resulta da falha em reconhecer que há pelo menos dois tipos de indivíduos: *linhagens* e *sistemas* (CAPONI, 2011a, 2011c). Quando a coesão interna for a condição suficiente utilizada para individuar uma entidade, diremos que ela é um sistema; organismos, armas de fogo e comitês são sistemas. Quando a condição suficiente para individuar uma entidade é o nexó genealógico, no sentido monofilético exposto no início deste capítulo, diremos que a entidade em questão é uma linhagem.

A partir dessa distinção, podemos agora concordar que

essa ideia de *integração funcional* ou, pelo menos, de *inter-relação causal sincrônica entre as partes de um todo*, só se aplica a sistemas. A identidade das linhagens é puramente genealógica, é da ordem da sucessão, não da coexistência. É uma identidade que está garantida pelos mecanismos de transmissão da informação hereditária que unem as atuais formas de vida com seus ancestrais mais primitivos. As espécies de um gênero não interagem entre si como as populações de diferentes espécies que integram uma comunidade ecológica [...]. Mas isso não depõe contra sua integridade como entidades genealógicas. (CAPONI, 2011c, p. 105)

A distinção entre linhagens e sistemas ajuda a resolver outra confusão causada pela analogia entre espécies e organismos. Trata-se da ideia, proposta por Ghiselin (1974, p. 536), de que indivíduos não podem ter *exemplos* ou *exemplares*, mas apenas *partes*. Essa ideia pode também ser apresentada através da distinção entre o configuracional e o imanente que apontamos antes: sendo configurações irrepetíveis de relações tocogenéticas, os táxons não poderiam ter exemplos. Entidades configuracionais como os indivíduos têm partes, entidades imanentes como as classes têm exemplos ou membros. Vesúvio — uma entidade configuracional, um indivíduo — é um membro ou exemplo da classe dos estratovulcões, mas parece equivocado dizer que uma rocha de Vesúvio é um *exemplo*, ou mesmo *exemplar*, de Vesúvio. Ghiselin (1974) menciona ainda a relação entre a *classe* dos estados nacionais e os estados nacionais *individuais*, como o Brasil. O Brasil é um exemplo de estado nacional, mas Santa Catarina é uma parte, não um exemplo, do Brasil.

Sobre o fato de indivíduos não terem exemplos, Ghiselin cita o seguinte exemplo de J. S. Mill:

O “76º regimento de infantaria do exército britânico”, que é um nome coletivo, não é um nome geral mas sim individual; pois embora possa ser predicado de muitos soldados individuais tomados conjuntamente, não pode ser predicado de cada um de-

les [of them severally]. Podemos dizer, Jones é um soldado, e Thompson é um soldado, e Smith é um soldado, mas não podemos dizer, Jones é o 76º regimento, e Thompson é o 76º regimento, e Smith é o 76º regimento. (MILL, 1974/1843, p. 28)

Essas considerações sugerem que, enquanto a relação entre um indivíduo e uma classe pode ser uma relação de exemplificação ou de pertinência, a relação entre uma parte de um indivíduo e o indivíduo como um todo é uma relação de incorporação¹⁹. Para Ghiselin (1997), os graus da hierarquia lineana — espécie, gênero, família, etc. — são classes, enquanto os táxons em particular — *Homo sapiens*, *Homo*, Hominidae — são indivíduos. Por isso, estaria correto dizer “*Homo sapiens* é um exemplo de espécie”, já que a relação envolvida nesse caso é uma relação de pertinência entre um indivíduo e uma classe. Mas estaríamos desautorizados pela gramática da individualidade a dizer “Charles Darwin é um *Homo sapiens*” ou “*Homo sapiens* é um exemplo de Hominidae” Cf. GHISELIN, 1997, p. 22; teríamos de dizer “Charles Darwin é uma parte de *Homo sapiens*” e “*Homo sapiens* é uma parte de Hominidae”.

Se aceitarmos a distinção entre sistemas e linhagens, essa restrição não tem validade. Podemos continuar aceitando que a relação entre um indivíduo e suas partes é uma relação mereológica (“parte de”) e não de pertinência, mas se há dois tipos de individualidade, há duas formas possíveis que essa relação pode tomar. As partes de um sistema nunca são seus exemplares, enquanto as partes de uma linhagem podem ser (CAPONI, 2011a). Por exemplo, não diríamos que as partes de um motor são exemplares desse motor, e nem que os órgãos de um organismo são seus exemplares. Mas não há nada de errado em dizer “Bucéfalo era um exemplar de *Equus caballus*”. Portanto, embora a palavra *exemplar* pareça denotar uma relação entre um membro e a classe da qual ele faz parte, ela pode denotar uma relação mereológica entre um organismo e qualquer linhagem a que ele pertença.

Há, é claro, uma boa razão por trás da restrição postulada por Ghiselin. Se espécies são indivíduos, então seus nomes são próprios, e nomes próprios não podem ser predicados, como em “Bucéfalo era um exemplar de *Equus caballus*”. Mais uma vez, entretanto, devemos sugerir que há uma peculiaridade nos nomes próprios das linhagens que os distingue dos nomes próprios de sistemas: aqueles, ao contrário destes, podem ser predicados. Em um certo sentido, uma linhagem é um *tipo* ou *classe* de coisa — e por isso seu nome pode ser predicado —, mas é um tipo histórico, que por isso não deixa de ser um indivíduo. Para que esse ponto fique claro, vejamos a distinção entre

¹⁹Ou seja, trata-se da relação *mereológica* “parte de”.

tipos históricos e a-históricos, ou seja, entre *nomótipos* e *ideótipos* (CAPONI, 2011a, 2011c).

A relação entre um organismo e a linhagem a que ele pertence não é a única relação mereológica possível para as linhagens. Conforme vimos acima, para Hennig, o que garante com que os organismos sejam partes, e portanto exemplares, das linhagens a que pertencem, são as relações *tocogenéticas*. Mas as linhagens estabelecem também relações *filogenéticas* entre si: isso faz com que uma linhagem possa ser parte de outra, mais inclusiva. Nesse caso, a relação entre uma linhagem e uma sublinhagem pode ser captada pelos termos *variante* ou *variedade* (CAPONI, 2011a, p. 41). Poderíamos então dizer que Feliformia e Caniformia são variedades ou variantes de Carnivora (CAPONI, 2011a, p. 42).

Falar de exemplares por um lado, e de variantes ou variedades por outro, poderia significar que estamos rompendo com a tese da individualidade das linhagens. Poderíamos estar cometendo um erro categorial, aplicando a *partes de indivíduos* palavras que só podem ser aplicadas a *membros de classes*. No entanto, para Caponi, assim como temos que reconhecer a diferença entre dois tipos de indivíduos (linhagens e sistemas), é necessário distinguir dois tipos de tipos. Seguindo a distinção clássica entre ciências nomotéticas e ciências ideográficas, Caponi (2011a) propõe que os tipos a-históricos, que chamamos de classes, ou imanentes, sejam chamados *nomótipos*. Mas é necessário admitir que variantes e variedades são tipos históricos, configuracionais, que poderíamos chamar de *ideótipos*.

Os diferentes tipos de cristais são *nomótipos* de cristais; Caniformia e Feliformia são *ideótipos* de Carnivora. Nesse aspecto, o vocabulário que utilizamos para falar das linhagens biológicas se aproxima daquele que utilizamos para descrever as “linhagens” de artefatos culturais humanos (CAPONI, 2011c, p. 103). Por exemplo, na arqueologia dos paleoíndios da América do Norte, costuma-se distinguir três variantes de pontas de flecha: Clovis, Dalton e Folsom (O'BRIEN; LYMAN, 2000, p. 352ss). Se houver alguma espécie de relação genealógica entre elas, os arqueólogos podem — como de fato o fazem — inclusive aplicar métodos filogenéticos para tentar descobrir tais relações.

1.5.4 Nomes próprios

Diante da caracterização que fizemos até aqui, linhagens são entidades individuais, históricas, cujas partes podem ser exemplares ou ainda *ideótipos*. Apesar das ressalvas que fizemos, acreditamos que ainda seja lícito pensar que os nomes das linhagens são próprios. Mantendo em mente a diferença entre linhagens e sistemas, “*Canis familiaris*” é em muitos aspectos mais semelhante a “Vesúvio” que a “estratovulcão”. Mas serão as linhagens sempre

concebidas com esse mesmo estatuto ontológico? Antes de encerrar este capítulo, vamos analisar dois casos que poderiam representar contra-exemplos a tudo o que dissemos até aqui. Tratam-se de linhagens concebidas tipologicamente, cujos nomes parecem não ser, à primeira vista, próprios.

De uma perspectiva linguística, Van Langendonck (2007) oferece um de critério para determinarmos se uma palavra é um nome próprio. Segundo Van Langendonck, a possibilidade de ocorrer em uma *aposição* é um critério crucial para determinar se uma palavra é um nome próprio (LANGENDONCK, 2007, p. 125). Há muitos tipos de estruturas apositivas, para nossos propósitos presentes, a estrutura [artigo definido + substantivo + nome próprio] será suficiente. Seguiremos o critério proposto por Van Langendonck, segundo o qual qualquer palavra que puder ocupar o lugar do nome próprio nessa estrutura é um nome próprio. Eis alguns exemplos de aposição:

- (1) o naturalista Charles Darwin
- (2) o cometa Halley
- (3) o furacão Katrina
- (4) a cadela Fifi

Segundo Van Langendonck, os substantivos comuns nessas estruturas apenas caracterizam, sem identificar, o referente; o nome próprio o identifica, sem caracterizá-lo (2007, p. 131). É fácil ver que, por esse critério, os nomes dos táxons são próprios:

- (5) a espécie *Homo sapiens*
- (6) o grupo monofilético Mammalia

Porém, esse critério mínimo é abertamente insuficiente para fazer a distinção entre nomes próprios e termos para classes naturais. Por exemplo, no par de aposições

- (7) a substância diamante
- (8) o diamante Koh-I-Noor

a palavra “diamante” ocorre em (7) como nome próprio, e em (8) como substantivo comum (ou *apelativo*). Van Langendonck aceita esse fato, retomando as considerações de Frege no sentido de que

Quando falamos sobre “o número um”, indicamos por meio de um artigo definido um objeto de estudo único e definido. Não há vários números um, mas somente um. Em 1 temos um nome próprio, que não admite plural assim como tampouco “Frederico, o Grande” ou “o elemento químico ouro” admitiriam. (FREGE, 1960, p. 49)

No desenvolvimento da *teoria causal-histórica da referência*, que apresentaremos no capítulo seguinte, Kripke afirma que as classes naturais, em seu argumento, “apresentam maior parentesco com os nomes próprios do que geralmente se percebe” (1980, p. 134). Essas considerações nos levam à conclusão de que critérios puramente formais, como o apresentado por Van Langendonck, são insuficientes para diferenciar termos que nomeiam indivíduos de termos gerais. Nosso propósito aqui é desenvolver uma teoria semântica que leve em conta a diferença de estatuto ontológico — apresentada no capítulo anterior — entre indivíduos e classes naturais.

Por outro lado, há na biologia nomes de linhagens que claramente não são utilizados como nomes próprios; vejamos um exemplo detalhado sobre esse ponto. O verme nematódeo *Caenorhabditis elegans* apresenta algumas características que o tornam o organismo-modelo metazoário cujo desenvolvimento é, talvez, o mais bem conhecido atualmente (ALBERTS et al., 2002, p. 1170). O organismo em questão apresenta um desenvolvimento altamente regular, sendo que os adultos do sexo hermafrodita apresentam exatamente 959 células somáticas, e os do sexo masculino, exatamente 1031. Através da observação microscópica, e de outras técnicas de rastreamento de linhagens, os biólogos mapearam completamente a história do desenvolvimento do *C. elegans*, desde o estágio do zigoto (primeira célula) até o organismo adulto (SULSTON et al., 1983; SULSTON; HORVITZ, 1977).

Isso significa que, de uma dada célula qualquer observada no estágio embrionário em um organismo *C. elegans*, é possível dizer com certeza quase absoluta quais células de que tecido ela originará. Entretanto, segundo ALBERTS et al., é importante perceber que essa “precisão estereotipada” não se deve ao fato de que “cada linhagem celular do embrião deste nematódeo seja rigidamente e independentemente programada para seguir um padrão fixo de divisão e especialização celular” (2002, p. 1171). O desenvolvimento do *C. elegans* obedece aos mesmos processos contingentes — ou seja, não pré-programados — de interação célula-célula que ocorrem nos demais metazoários; a diferença é que, no caso do *C. elegans*, tais processos ocorrem de modo excepcionalmente regular (ALBERTS et al., 2002, p. 1171).

Diante desse quadro, os autores do estudo que mapeou completamente as linhagens celulares embrionárias do *C. elegans* (SULSTON et al., 1983) estipularam uma nomenclatura que permite descrever o *pedigree* de cada célula. Os nomes das células são inicialmente compostos por letras maiúsculas, que indicam a qual das grandes linhagens de células a célula nomeada pertence. Em seguida, pode haver uma ou mais letras minúsculas indicando a posição ocupada por cada progenitora da célula em questão em cada divisão celular²⁰. Por exemplo, “D” é a célula fundadora da linhagem D, e “Dapa”

²⁰As seis grandes linhagens de células que podem ser observadas no período embrionário do

é a célula gerada a partir da célula que ficou do lado anterior na divisão da célula D, da célula que ficou do lado posterior na divisão da célula Da, e da célula que ficou do lado anterior na divisão da célula Dap.

A questão importante para o presente estudo é: esses nomes são nomes gerais de tipos celulares ou nomes próprios de células em particular? Diante do exposto, e do teor com o qual tais nomes são usados na literatura sobre *C. elegans*, parece claro que se tratam de nomes de *tipos* celulares²¹. Em consequência, as linhagens identificadas desse modo parecem também ser concebidas como tipos, isto é, como esquemas genealógicos regulares que se exemplificam no desenvolvimento de cada organismo individual. Essas linhagens talvez sejam mais bem entendidas como nomótipos que ocorrem ao interior de um ideótipo (o organismo individual).

Esse modo aparentemente tipológico de conceber as linhagens contrasta com a concepção das linhagens como entidades individuais, concepção esta que é exemplificada por qualquer linhagem que seja de interesse da filogenética, mas também pelo exemplo do Aarão do cromossomo Y que analisamos no início do capítulo. Lá, o progenitor da linhagem J-P58* é entendido como o cromossomo Y presente em um organismo *em particular*²². Isto é, a linhagem formada pelo suposto “Aarão” e seus descendentes é uma entidade histórica única ao interior dessa linhagem mais ampla que é a espécie humana. Se concebidas como entidades individuais, as linhagens são entidades irrepetíveis, com um início e um fim no tempo. Em contraste, na concepção tipológica aparentemente suposta nos estudos de linhagens celulares, cada linhagem é entendida como um tipo que pode se exemplificar em cada novo organismo (como no exemplo das linhagens celulares em *C. elegans*).

Pensamos, todavia, que essa concepção tipológica de linhagem seja parasitária sobre a concepção de linhagem como indivíduo. Quando um biólogo celular fala na “linhagem D” do *C. elegans*, esse nome não está designando uma única linhagem monofilética, mas várias delas. Do modo como é usado na biologia celular, “linhagem D” não obedece à gramática das partes de sistemas, não das partes de linhagens: o termo é empregado de modo semelhante ao nome de um órgão ou outra parte do organismo. O nome “linhagem D”,

C. elegans são: AB, MS, C, D, E, e P₄. As letras minúsculas usadas são: *a* para “anterior”, *p* para “posterior”, *l* para “esquerda”, *r* para “direita”, *d* para “dorsal”, e *v* para “ventral”.

²¹Nos termos que apresentaremos nos capítulos seguintes, diríamos que esses nomes não são *designadores rígidos*.

²²Esse ponto pode parecer um tanto confuso, já que todas as células somáticas, e metade das germinativas, de um ser humano individual do sexo masculino apresentam uma cópia do cromossomo Y. Se adotássemos um ponto de vista extremamente particularista — talvez, nominalista —, teríamos de apontar para uma dessas cópias, no organismo do suposto “Aarão”, como o progenitor da linhagem. Entretanto, para os efeitos da concepção de linhagem que está sendo aqui apresentada, todas essas cópias são clones do cromossomo Y transmitido ao organismo em questão por seu pai.

então, tem um comportamento semântico semelhante ao do substantivo “estômago”.

De qualquer modo, não é sobre linhagens celulares que trataremos aqui. As linhagens que interessam aos nossos propósitos aqui são as linhagens ir-repetíveis, individuais, das quais se ocupa a sistemática filogenética. É uma teoria da referência para os nomes próprios dessas linhagens que pretendemos propor no que se segue.

Capítulo 2

Teorias da referência para nomes próprios

2.1 Apresentação: o problema *qua*

Estamos agora em uma posição adequada para apresentar o problema central deste trabalho. No fundo, trata-se de uma variação sobre o problema de Heráclito de Éfeso, ou seja, da ideia de que “novas águas fluem por aqueles que se banham nos mesmos rios”. Táxons biológicos são entidades heraclitianas: populações estão para táxons mais ou menos como águas estão para rios. Tais entidades colocam duas questões profundamente imbricadas uma na outra. Em primeiro lugar, podemos perguntar o que faz com que utilizemos determinado nome para nos referirmos ao táxon, a despeito do fluxo de populações. Em segundo lugar, podemos perguntar com que critério (ou critérios) afirmamos que duas populações — consideradas sincrônica ou diacronicamente — são partes do “mesmo táxon”. Temos, assim, uma pergunta pela *determinação da referência de um nome próprio* e outra pelo *critério de identidade* de tais entidades. A primeira é “o que faz com que o nome n se refira ao indivíduo x ?”; enquanto a segunda é “o que faz com que o indivíduo x seja o *mesmo* indivíduo que y ?”, que é, para nossos propósitos, equivalente a “o que faz com que as partes p_1 e p_2 sejam partes do *mesmo* indivíduo?”¹.

Esse problema, com suas duas facetas, é conhecido na literatura como “problema *qua*” (DEVITT; STERELNY, 1999, p. 79ss, 90ss). Para entender o problema *qua*, consideremos os casos em que a referência de um nome pró-

¹Isto é, estamos aqui considerando que uma entidade individual é, do ponto de vista matemático, uma classe de equivalência de partes. Note-se que p_1 e p_2 podem ser duas populações de uma mesma espécie que existem sincronicamente, ou ainda que estejam separadas por várias gerações (existindo diacronicamente).

prio tem de ser definida por ostensão (apontamento). Suponha que se queira determinar a referência do nome “Nilo” apontando para um trecho do rio Nilo. Uma pessoa que não conheça a noção de *rio* pode não entender qual exatamente é o objeto que está sendo nomeado: é o objeto apontado *qua* (enquanto) trecho do rio, *qua* um conjunto de moléculas de água, ou *qua* alguma outra coisa (LANGENDONCK, 2007, p. 36). O caso dos táxons oferece uma versão mais grave desse problema. Se as considerações que fizemos no capítulo anterior sobre a localização espacial estiverem corretas, um organismo pode servir como objeto de ostensão para determinar a referência do nome próprio de qualquer táxon do qual fizer parte. Podemos, em tese, apontar para um cachorro e dizer tanto “eis aí *Canis familiaris*” quanto “eis aí Carnívora”, e os referentes desses nomes próprios serão inapreensíveis para um ouvinte que desconheça os conceitos de *espécie* ou *ordem*.

O papel desses conceitos — *rio*, *espécie*, *ordem* — é fornecer critérios de identidade, ainda que vagos, que permitam determinar as referências de certos nomes próprios. Peter Geach vincula a questão da referência de um nome próprio à do critério de identidade da seguinte maneira:

“O mesmo” é uma expressão fragmentária, e não tem significância a não ser que digamos ou queiramos dizer “o mesmo X”, onde X representa um termo geral [...]. Em geral, se um indivíduo me é apresentado por meio de um nome próprio, não posso aprender o uso desse nome próprio sem ser capaz de aplicar algum *critério* de identidade; e já que a identidade de algo sempre consiste em ser o mesmo X, por exemplo, o mesmo *homem*, e que ser apenas “o mesmo” não existe, minha aplicação do nome próprio está justificada somente se (por exemplo) seu significado incluir o fato de ele ser aplicável a um *homem* e eu continuar aplicando-o a um e o mesmo *homem*. (GEACH, 1957, p. 69)

Pode-se dizer, então, que o problema *qua* diz respeito à relação entre *critérios de aplicação* de um nome e *critérios de identidade* do objeto nomeado. Essas duas dimensões podem ser resumidas na seguinte pergunta: é possível aplicar corretamente um nome sem dispor de um critério de identidade para o objeto nomeado? Geach, na citação acima, dá uma resposta negativa a essa pergunta. Ademais, afirma que os critérios de identidade são relativos ao tipo de coisa que está sendo nomeada. Critérios de identidade para pessoas são diferentes de critérios de identidade para rios.

Esse tipo de resposta remonta a Frege, que escreve, no contexto da discussão sobre qual o critério para a identidade numérica (§62 dos *Grundlagen*):

Se queremos usar o símbolo *a* para significar um objeto, devemos

ter um critério para decidir em todos os casos se *b* é o mesmo que *a*, mesmo se não formos sempre capazes de aplicar esse critério. [...] Quando tivermos assim adquirido um meio de chegar a um número e de reconhecê-lo novamente como o mesmo, podemos designar-lhe um numeral [*number word*] como seu nome próprio. (FREGE, 1960, p. 73)

Frege, vale ressaltar, não adota a concepção de identidade relativa mais tarde desenvolvida por Geach. Além disso, segundo Lowe (1989), o modelo fregeano só permite enunciar critérios de identidade para expressões funcionais (“a quantidade de...”, “a direção de...”, etc.), jamais para nomes próprios de pessoas ou lugares. Não obstante, filósofos como Geach e Dummett (1973, p. 73ss) aplicam o modelo fregeano de critério de identidade a nomes próprios em geral. Aceitar o problema *qua* como um problema genuíno implica a pressuposição de que, em princípio, é possível fornecer um critério de identidade para qualquer coisa que recebe um nome próprio.

Antes de avançar, consideremos uma resposta alternativa, diferente de todas as outras que levantaremos neste capítulo. Trata-se da resposta naturalista dada por Quine no artigo “Identidade, ostensão e hipóstase” (1980), originalmente publicado em 1950. Quine começa com uma conhecida solução ao problema de Heráclito: é possível banhar-se no mesmo *rio* duas vezes, mas não no mesmo *estágio de rio*. Isso porque o rio não deve ser identificado com um conjunto de moléculas de água:

Deixe-me falar de qualquer multiplicidade de moléculas de água como uma *água*. Agora, um estágio de rio é ao mesmo tempo um estágio de água, mas dois estágios do mesmo rio não são, em geral, estágios da mesma água. Estágios de rio são estágios de água, mas rios não são águas. Você pode se banhar no mesmo rio duas vezes sem se banhar na mesma água duas vezes, e podemos, nestes dias de transporte rápido, nos banharmos na mesma água duas vezes ao nos banharmos em dois rios diferentes. (QUINE, 1980, p. 65–66)

A partir dessas considerações, Quine aborda os problemas da referência do nome próprio e do critério de identidade. Quine nos convida a supor que estivéssemos próximos ao rio Caístro, no ano 400 a.C. Apontando para uma parte do rio, alguém nos diz “este é o Caístro”. Dois dias depois, voltamos ao mesmo lugar, e nosso interlocutor repete o gesto e a fala do dia anterior. Estritamente falando, os referentes desses atos de ostensão podem ser estágios de água, estágios de rio, ou águas (tal como esses termos são definidos por Quine na citação acima). Entretanto, pelo fato de nosso interlocutor ter utilizado as mesmas palavras nas duas ocasiões, “este” não pode se referir aos

estágios de rio, nem aos outros objetos momentâneos mais fugidios (águas, estágios de água), mas sim a algo mais inclusivo, idêntico nos dois casos. Então, para que cheguemos a saber qual o objeto ao qual o nome “Caístro” se aplica, realizamos, segundo Quine, um raciocínio indutivo: projetamos uma hipótese a respeito de qual a soma mais natural de objetos momentâneos que inclui os objetos momentâneos efetivamente apontados (1980, p. 67–68).

Assim, Quine apresenta uma solução naturalista para as duas faces do problema *qua*: uma “tendência a favorecer os agrupamentos mais naturais” (1980, p. 68), constitutiva de nossa psicologia, é o que nos fornece critérios de identidade para o objeto nomeado e, conseqüentemente, critérios de aplicação para o nome próprio.

A solução de Quine é aceitável para o caso dos táxons? Por um lado, talvez sim, já que os agrupamentos monofiléticos são considerados os “táxons naturais” pelos sistematas filogenéticos (WILEY; LIEBERMAN, 2011, cap. 3). Talvez um filósofo quineano pudesse dizer que a teoria que nos permite identificar esses grupos, por mais sofisticada que aparente ser, é apenas um desenvolvimento daquela tendência psicológica que nos leva a identificar o rio Nilo como um indivíduo. Por outro lado, o caso dos táxons parece ser bastante diferente dos exemplos dos filósofos sobre rios. A razão é que, como vimos no capítulo anterior, há um alto grau de envolvimento teórico na identificação dos táxons, que está ausente no exemplo de Quine sobre a identificação do rio Caístro². É difícil saber, sem um contexto teórico, qual seria “a soma mais natural de objetos” que inclui cavalos e equídnas. Do ponto de vista da sistemática filogenética, essa soma é o grupo monofilético *Mammalia*. Do mesmo modo, talvez nossa “tendência a favorecer agrupamentos mais naturais” levasse a reconhecer os répteis (excluindo as aves) como um agrupamento natural, embora, para a sistemática filogenética, eles componham um grupo artificial (parafilético).

De qualquer maneira, estamos interessados em explicitar a fonte dos critérios de identidade para táxons — se é que há alguma³ — e o modo como eles fundamentam a determinação da referência dos nomes próprios dos táxons. Neste capítulo, começamos apresentando algumas teorias filosóficas sobre a referência dos nomes próprios, levantando diferentes posições a respeito do vínculo entre nomes próprios e critérios de identidade. No capítulo seguinte, veremos duas formas possíveis de mediação dos critérios de identidade para táxons. É importante desde já perceber que todas as teorias da refe-

²Talvez haja contemporaneamente um grau semelhante de envolvimento teórico na identificação de rios. Não se trata de menosprezar as teorias geográficas sobre rios, apenas dizer que os exemplos dos filósofos são simplistas demais para serem extrapolados para o caso dos táxons.

³Autores de convicção kripkeana dirão que critérios de identidade não cumprem papel algum na determinação da referência, e que a identidade é absoluta, não relativa. Conforme veremos, o próprio Kripke parece incorrer em uma contradição nesse sentido.

rência que apresentaremos aqui se aplicam a nomes próprios de sistemas (ou de classes naturais, no caso de Putnam — v. seção 2.4.3), não de linhagens, e por isso, no capítulo seguinte, teremos que adaptá-las para os propósitos de nossa discussão.

2.2 O problema da referência dos nomes próprios na filosofia da linguagem

Se aceitarmos a ideia de que os táxons são indivíduos, então devemos admitir que seus nomes são próprios. Esse resultado é frequentemente enunciado (HULL, 1976; GHISELIN, 1997) como se fosse uma resposta definitiva para a pergunta sobre o que são os nomes das espécies. O problema é que isso equivale a supor que uma caracterização filosófica unânime a respeito dos nomes próprios está disponível, mas isso está longe de ser o caso. Essa suposta solução, então, é na verdade o ponto de partida para uma série de outros problemas.

Dentre esses problemas, há um que é automaticamente importado da filosofia da linguagem no momento em que afirmamos que os nomes das espécies são próprios: trata-se do problema de como se dá a determinação da relação de *referência* entre o nome e o objeto nomeado⁴. A tarefa das teorias filosóficas sobre a referência é explicar sob que condições (necessárias e suficientes) um nome se refere a um objeto. Seguindo a formulação de Frank Jackson (2010, p. 4): seja “*N*” um nome, e *x* um objeto; uma teoria da referência é aquela que preenche as reticências em “‘*N*’ se refere a *x* se e somente se ...”; e ainda: “[f]ornecer uma teoria da referência é [...] fornecer as condições sob as quais um nome se refere ao quê se refere” (JACKSON, 2010, p. 4). Então, se os nomes dos táxons são próprios, o que faz com que um nome de um táxon em particular se refira àquele táxon?

Se, por outro lado, nossas considerações anteriores sobre o grau de envolvimento teórico na determinação dos nomes dos táxons estão corretas, temos um outro problema que é exportado da filosofia da biologia para a filosofia da linguagem: como a mediação de uma teoria científica influencia

⁴ Antes de avançarmos, também é importante ressaltar que problema da referência, e as correspondentes teorias baseadas na contraposição entre ligação causal e descritiva do nome ao referente, não são os únicos pontos de partida possíveis para uma discussão sobre os nomes próprios (BRAIDA, 2004). Inclusive, é possível que a relação entre nome e referente sequer seja explicável em termos relacionais simplórios: esse ponto é levantado por filósofos como Wilfrid Sellars (DEVRIES, 2005, cap. 2) e Paul Horwich (HORWICH, 1998, 2005). As distinções entre *remissão referencial* e *remissão inferencial*, e *dêixis* e *anáfora* (BRANDOM, 1994, 2000), também podem colocar em evidência certos fenômenos relativos ao uso dos nomes próprios que as teorias da referência não captam. Dada a importância dos nomes próprios dos táxons nas inferências filogenéticas, um estudo sobre a dimensão inferencial desses nomes pode ser particularmente interessante. Entretanto, esse é um tema para uma investigação futura.

os fenômenos de fixação e transmissão da referência? Gostaríamos de traçar aqui uma distinção entre nomes desse tipo, que poderíamos chamar de nomes próprios *teóricos*, e os nomes próprios *ordinários* — cujos referentes são objetos que conseguimos identificar sem recurso a nenhuma teoria (digamos, pessoas, organismos individuais, lugares, cidades, rios). A pergunta, então, é: essa distinção se sustenta? Há alguma diferença significativa entre o comportamento referencial de nomes próprios teóricos e o de ordinários⁵?

Aparentemente, na literatura clássica em filosofia da linguagem, nomes próprios teóricos e ordinários vêm sendo tratados de forma idêntica, com algumas teorias da referência sustentando que o modo de referir de ambos é sempre mediado por alguma forma de representação do objeto, e outras defendendo que isso nunca ocorre. O primeiro grupo de teorias, associado aos nomes de Frege, Russell, Wittgenstein e Searle, é a chamada *teoria descritivista*⁶. Segundo essa teoria, cada nome próprio está associado a algo como um *conjunto de representações do portador* que determina a referência do nome. Nessa perspectiva, para usar a fórmula de Jackson (2010, p. 4), “‘*N*’ se refere a *x* se e somente se ‘*N*’ está associado a uma propriedade *P* que apenas *x* tem”. Na verdade, conforme veremos, nenhum dos defensores do descritivismo entende que *uma única* propriedade é associada ao nome. De qualquer modo, a satisfação de uma ou mais das propriedades P_1, P_2 , etc., associadas ao nome, é suficiente para determinar a referência do nome. Filósofos de inspiração fregeana, como Dummett e Geach, escrevem que são os critérios de identidade para o objeto nomeado, mais do que qualquer outra coisa, que estão associados ao nome.

Por outro lado, há a *teoria causal-histórica*, que de certo modo remonta a J. S. Mill, mas foi defendida mais recentemente por Kripke, Donnellan, e Putnam. De acordo com a teoria causal, um nome próprio não tem qualquer conteúdo descritivo, e não há nenhuma forma de mediação representacional entre o nome e o objeto. Kripke levantou a distinção entre *fixação* e *transmissão* da referência; para ele, a fixação da referência de um nome próprio ocorre por meio de um “batismo” e ela é subsequentemente propagada entre uma comunidade de falantes por meio de uma cadeia causal de comunicação. Nas palavras de Jackson (2010, p. 4), de acordo com a teoria causal, “‘*N*’ se

⁵Evidentemente, a mesma questão poderia ser também colocada para uma teoria da referência para os nomes de classes naturais: há alguma diferença entre o comportamento referencial dos nomes de classes naturais científicas (que, se existirem, seriam coisas como “massa”, “carga”, “espécie”), e o dos nomes de classes naturais do senso-comum?

⁶Utilizaremos aqui a denominação “descritivismo” apenas devido à consagração que esse termo recebe na literatura. Não queremos implicar, como é o costume, que todos esses filósofos entendiam os nomes próprios como sinônimos de descrições definidas. Talvez “representacionismo” ou “teoria representacional da referência” fossem nomes melhores, já que a forma de representação envolvida, sobretudo na versão de Frege dessa teoria, não envolve necessariamente descrições linguísticas.

refere a x se e somente se x tiver sido batizado com o nome ‘ N ’ no passado, e os falantes tiverem concordado em utilizar ocorrências de ‘ N ’ de tal e tal modo”.

A grande novidade da teoria de Kripke é a tese de que nomes próprios são *designadores rígidos*, ou seja, designam a mesma entidade em todos os mundos possíveis. Contra o descritivismo, Kripke argumenta que essa relação se dá independentemente da satisfação de quaisquer propriedades apresentadas pelo portador do nome. Além disso, como consequência, não há qualquer critério de identidade associado a um nome próprio — é justamente para a teoria causal-histórica que o problema *qua* se coloca (DEVITT; STERELNY, 1999; THOMASSON, 2007).

À primeira vista, pode parecer que o problema *qua* tenha mais relação com a questão da fixação da referência, ou seja, sobre como um nome próprio é introduzido na linguagem. Porém, como vimos nos exemplos sobre o Nilo e Caístro, uma correta identificação do referente de um nome é importante também para a transmissão da referência desse nome, para que ela seja comunicada de um falante a outro. Enquanto talvez não haja problemas em transmitir nomes de rios e pessoas de um falante a outro, a transmissão de nomes de táxons parece envolver critérios de identidade menos imediatos e mais dependentes de uma teoria científica.

A diferença entre o descritivismo e a teoria causal é explicada por Grush (2000) utilizando a seguinte metáfora. Imaginemos que a relação de referência é semelhante a uma relação de representação; um nome é como um retrato, e o objeto referido é como a pessoa que posou para o retrato. A questão “o que determina a referência?”, relativa ao componente explicativo, corresponde a “quem está representado no retrato?”. Chamemos de *conteúdo descritivo* do retrato o conjunto de propriedades que podemos atribuir à pessoa retratada: digamos, cabelos castanhos, olhos verdes, etc. O descritivista responderia que a pessoa que está representada no retrato é quem quer que se encaixe melhor no conteúdo descritivo apresentado pelo retrato; um defensor da teoria causal diria que a pessoa representada é quem quer que estivesse na frente da câmera quando o retrato foi tirado, mesmo se o retrato em si tenha sido distorcido por lentes e filtros (ou pintado por um pintor cubista).

Apesar de serem apresentadas como rivais, a diferença entre as duas teorias parece ser uma questão de ênfase. Para a determinação da referência, o descritivismo enfatiza o papel dos critérios de identidade de um objeto, enquanto a teoria causal enfatiza o papel da história do uso de um nome. Teorias “híbridas” da referência, que levam em consideração esses dois aspectos, são possíveis e foram desenvolvidas alternativamente por Devitt (1981) e Evans (1985a). No fim deste capítulo (seção 2.4.4), apresentaremos a versão de Evans.

Quanto à apresentação das teorias descritivista e causal-histórica, segui-

remos aqui uma ordem vagamente cronológica, inspirada nos livros de introdução à filosofia da linguagem (ABBOTT, 2010; LYCAN, 2008). Na primeira metade deste capítulo (seção 2.3), começaremos por Mill, do lado da teoria causal, e depois apresentaremos alguns dos autores classicamente considerados descritivistas (Frege, Russell, Searle). A partir da década de 70, o cenário da filosofia da linguagem passou a ser praticamente dominado pela teoria causal-histórica de Kripke. Na segunda metade do capítulo (seção 2.4), examinaremos as teorias de Donnellan, Kripke e Putnam, e a crítica de Evans. Terminaremos com um balanço sobre como cada uma dessas teorias resolveriam o problema *qua*.

2.3 Teorias pré-kripkeanas da referência

2.3.1 Mill: nomes próprios como nomes não-conotativos

A obra *Um Sistema de Lógica* (1974/1843), de John Stuart Mill, inaugura o pensamento contemporâneo sobre os nomes próprios, caracterizando a relação de referência dos nomes próprios como direta, ou seja, não mediada pelas propriedades dos objetos. Além disso, estabelece o embrião da teoria causal, sugerindo que o que fixa a referência de um nome próprio é um ato de batismo. Logo na primeira seção do Capítulo II do *Sistema de Lógica*, que trata dos nomes, Mill se posiciona contra a tese empirista de que os nomes se referem a ideias, e não a objetos. A seguir (§ 3–5), Mill estabelece três distinções que culminam na afirmação de que os nomes próprios pertencem à categoria dos nomes *não-conotativos*: aqueles cuja referência não depende dos atributos dos objetos nomeados.

A primeira dessas distinções é entre nomes gerais e nomes singulares, que corresponde grosso modo à distinção entre substantivos comuns e nomes próprios. Essa seção inclui a já mencionada (seção 1.5.3) citação a respeito do 76º Regimento de Infantaria do Império Britânico, que, como Mill enfatiza, é um nome coletivo cujo comportamento é o de um nome singular, e não de um geral. A segunda distinção é entre nomes concretos e abstratos. Nomes concretos (os exemplos dados são “João”, “o mar”, “esta mesa”, e “branco”) nomeiam coisas, enquanto nomes abstratos (como “brancura”) nomeiam *atributos*. Por fim, é na distinção entre nomes *conotativos* e *não-conotativos*, fundamentada na diferença entre as relações de *conotação* e *denotação*, que aparece a tese de que a relação de referência, no caso dos nomes próprios, é direta (MILL, 1974/1843, p. 31ss).

A relação de denotação é a que estamos chamando de *referência*, ou seja, aquela que se estabelece entre uma palavra e um objeto. Por sua vez, o que

estamos chamando de *objeto*⁷, segundo Mill, pode ser algo concreto (uma cadeira), abstrato (a brancura), singular (um homem) ou plural (o conjunto de todos os objetos brancos). Para Mill, todos os nomes — singulares ou gerais, concretos ou abstratos, conotativos ou não-conotativos — são em primeiro lugar denotativos. Assim, a relação de denotação se estabelece, por exemplo, entre o nome “Charles Darwin” e a pessoa Charles Darwin, a palavra “branco” e a classe das coisas brancas, ou a palavra “brancura” e o atributo brancura.

Algumas palavras, por outro lado, além de denotarem certos objetos, também *conotam* certos atributos. Segundo Mill, é isso que ocorre com “branco”: além denotar o conjunto das coisas brancas, essa palavra conota o atributo brancura, que é uma característica compartilhada por todos os elementos daquele conjunto. Mill chama os nomes desse tipo de *conotativos* — nomes que podem ser predicados de certos objetos para indicar que eles compartilham um ou mais atributos. A neve, o papel e a espuma do oceano são exemplos de objetos denotados pelo nome conotativo “branco”, mas essa relação de denotação só ocorre devido ao fato de eles compartilharem um atributo. Da mesma forma, o nome conotativo “homem” conota um certo número de atributos, e só pode ser aplicado ao conjunto de objetos que, de fato, instanciarem esses atributos. Apesar disso, e este é um aspecto que pode parecer confuso, Mill insiste que a relação de denotação é sempre direta.

Essa aparente confusão pode ser resolvida se levarmos em conta uma possível distinção entre *caracterização* e *explicação* da relação de referência. Caracterizar a relação de referência envolve dizer se ela é direta ou mediada por representações de propriedades do objeto nomeado. Mill e os defensores da teoria causal-histórica caracterizam a referência dos nomes próprios como *direta*. Por outro lado, explicar como se dá a referência envolve (como nas citações de Jackson (2010) que vimos na seção 2.1) explicitar as condições necessárias e suficientes para que um nome se refira a um objeto.

Para Mill, dizer que a referência (denotação) é direta, no caso dos nomes *conotativos* (portanto, não próprios), equivale tão somente a dizer que esses nomes só podem ser *predicados* diretamente dos objetos, nunca dos atributos. Apesar de caracterizada como direta, a referência dos nomes conotativos recebe a seguinte explicação, curiosamente descritivista:

A palavra *homem*, por exemplo, denota Pedro, Joana, João⁸, e um número indefinido de outros indivíduos, dos quais, toma-

⁷Embora isso possa ser um tanto confuso, escolhemos a palavra “objeto” para substituir as ocorrências de “sujeito” na obra de Mill. O motivo é que, além de julgar o termo “objeto” mais adequado para o conceito a que Mill se refere, dessa maneira manteremos a terminologia consistente ao longo deste capítulo.

⁸Tomamos a liberdade de traduzir os nomes próprios. No original, consta “Peter, Jane, John”.

dos como uma classe, ela é o nome. Mas ela se aplica a eles porque eles possuem, e para significar que eles possuem, certos atributos. Esses parecem ser: corporalidade, vida animal, racionalidade, e uma certa forma externa, que chamamos de humana. Qualquer coisa existente, que possuir esses atributos, será chamada de homem; e qualquer coisa que não possuir nenhum, ou apenas um, ou dois, ou até mesmo três deles, sem o quarto, não será assim chamada. Por exemplo, se no interior da África fosse descoberta uma raça de animais possuindo razão igual à dos seres humanos, mas com a forma de um elefante, eles não seriam chamados de homens. (MILL, 1974/1843, p. 31–2)

Nesse trecho, Mill está claramente afirmando que há uma prioridade da representação (um conjunto de atributos ligados a um nome conotativo) por sobre a referência, dizendo que o nome conotativo só pode ser predicado daquele conjunto de objetos que de fato instanciam os atributos conotados. Por isso, a *explicação* de Mill para a referência dos nomes conotativos é descritivista, ou representacionista.

A *caracterização* da relação de referência dos nomes conotativos como direta ou indireta, por sua vez, envolve um outro critério, que é o de predicação:

A palavra *homem*, portanto, significa todos esses atributos, e todos os objetos que possuem esses atributos. Mas ela só pode ser predicada dos objetos. O que chamamos de homens são os objetos, os Stiles e Nokes⁹ individuais; não as qualidades pelas quais sua humanidade está constituída. O nome [conotativo] [...] significa os objetos *diretamente* e os atributos *indiretamente*; ele *denota* os objetos [...] e *conota* os atributos. (MILL, 1974/1843, p. 32)

Dada essa caracterização dos nomes conotativos, Mill afirma que os nomes próprios pertencem à classe dos não-conotativos. Para Mill, os nomes próprios mantêm apenas uma relação de denotação com o objeto que nomeiam, sem conotar nada. É importante ressaltar que, para Mill, ao contrário do que afirmará Frege, os nomes próprios *podem ser predicados* dos objetos através da cópula (como em “este homem é Smith”, cf. MILL, 1974/1843, p. 35). Se não afirmasse isso, Mill sequer poderia afirmar que os nomes próprios têm denotação, já que ele concebe essa relação como fundamentalmente predicativa.

⁹“Stiles” e “Nokes” eram sobrenomes famosos à época de Mill.

Dessa maneira, um nome próprio não implica nenhum atributo que um objeto necessariamente deva possuir para ser denotado por aquele nome; portanto, nenhum atributo pode ser usado para *determinar* a relação de referência. É claro, pode haver uma razão para batizar um objeto com um nome em particular, mas essa razão não cumpre papel algum na manutenção da referência. Embora a cidade inglesa de Dartmouth possa ter sido assim batizada por se situar na foz do rio Dart¹⁰, “estar situado na foz do rio Dart” não faz parte do significado do nome “Dartmouth”. Escreve Mill:

Se a areia obstruísse a foz do rio, ou um terremoto mudasse seu curso, e o removesse a uma distância da cidade, o nome da cidade não necessariamente seria mudado. Aquele fato, portanto, não pode formar nenhuma parte da significação [(*signification*)]; pois, de outro modo, quando o fato expressamente deixasse de ser verdadeiro, ninguém mais pensaria em aplicar o nome. Os nomes próprios estão ligados aos próprios objetos, e não são dependentes da continuidade de nenhum atributo do objeto. (MILL, 1974/1843, p. 33)

O que Mill entende como “significado” parece ser o componente do nome que pode ser usado na determinação da referência e que, portanto, permitiria explicar a relação de referência. Os nomes próprios, então, são “marcas sem significado” (*unmeaning marks*); Mill compara a atribuição de nomes próprios ao episódio do ladrão de *As Mil e Uma Noites* que marca com giz as casas já visitadas:

[...] a marca tem um propósito, mas não tem propriamente nenhum significado. [...] O objetivo de marcar a casa é meramente fazer uma distinção. [...] Quando impomos um nome próprio, realizamos uma operação em certo grau semelhante à intenção do ladrão ao marcar com giz a casa. Colocamos uma marca, de fato não sobre o próprio objeto, mas, por assim dizer, sobre a ideia do objeto. Um nome próprio é uma marca sem significado [(*unmeaning mark*)] que conectamos em nossas mentes com a ideia do objeto, de modo que sempre que nos depararmos com a marca por meio de nossos olhos ou de nossos pensamentos, pensemos naquele objeto individual. (MILL, 1974/1843, p. 35)

Já que não há continuidade de um atributo no portador de um nome próprio, ou seja, já que esse nome não é conotativo, como é possível a *transmissão* da referência? A explicação fornecida por Mill antecipa a de Kripke:

¹⁰No inglês, a palavra “*mouh*” significa também “foz”.

os falantes simplesmente passam os nomes próprios adiante por ostensão, dizendo, por exemplo, “esta é a cidade de York”. Pode ser que o ouvinte já tivesse alguma informação sobre a cidade de York, por exemplo, que ali fica a catedral de Minster; entretanto, “a cidade que contém a catedral de Minster” não é o *significado* do nome “York”. A propósito, Mill afirma que descrições definidas, como “o atual primeiro ministro da Inglaterra”, apesar de estarem enunciadas de modo que se aplicam a um único objeto, não são realmente nomes próprios, mas sim nomes conotativos.

Em resumo, de acordo com a visão milliana, um nome próprio denota seu portador sem estar associado a nenhuma forma de representação dele. Isso quer dizer que, ao contrário do que ocorre com as descrições definidas, a representação não está envolvida na determinação da referência. Veremos a seguir um problema que pode surgir se adotarmos essa visão e a solução proposta por Frege para esse problema.

2.3.2 Frege: sentido e referência

Se Mill estiver certo, e os nomes próprios se referirem diretamente aos objetos que nomeiam, então não deve haver diferença entre os seguintes enunciados:

- (1) Álvaro de Campos é Fernando Pessoa.
- (2) Fernando Pessoa é Fernando Pessoa.

Afinal, os nomes “Álvaro de Campos” e “Fernando Pessoa” denotariam o mesmo indivíduo, e o enunciado (1) seria tão trivial quanto o enunciado (2). Mas isso é um contra-senso; certamente, o enunciado (1) é mais informativo que o (2). Ademais, uma pessoa que concorda com (2) mas não sabe que “Álvaro de Campos” é um pseudônimo de Fernando Pessoa, poderia não concordar com (1). Se esses dois enunciados têm praticamente a mesma forma (afirmam relações de identidade), como podem diferir em valor cognitivo? Esse é o chamado problema (*puzzle*) de Frege, ou então *problema das identidades informativas*. De modo geral, o problema pode ser formulado da seguinte maneira: sejam a e b dois nomes diferentes para um mesmo objeto; como explicar que o enunciado “ $a = a$ ” não tem valor informativo (ou cognitivo) algum, enquanto o enunciado “ $a = b$ ” potencialmente o tem?

Esse aparente contra-senso foi o ponto de partida para a teoria de Frege sobre a referência dos nomes próprios, desenvolvida principalmente no artigo “Sobre sentido e referência” (FREGE, 2009/1892). Dito de maneira breve, Frege explica a diferença de valor cognitivo entre os enunciados de identidade com base no fato de que os nomes próprios não podem ser puramente denotativos; deve haver algo como uma representação do portador — chamada por Frege de *sentido* (*Sinn*) — que é associada ao nome e medeia a relação de referência. Há, então, três componentes na relação de referência,

que são: *sinal* (*Zeichen*), *sentido* (*Sinn*) e *referência* (*Bedeutung*)¹¹. Pelo fato de haver um terceiro componente entre o sinal (nome) e a referência (objeto), a *relação* de referência é, na teoria de Frege, indireta. Vejamos, então, como Frege articula esses três componentes para solucionar o problema das identidades informativas.

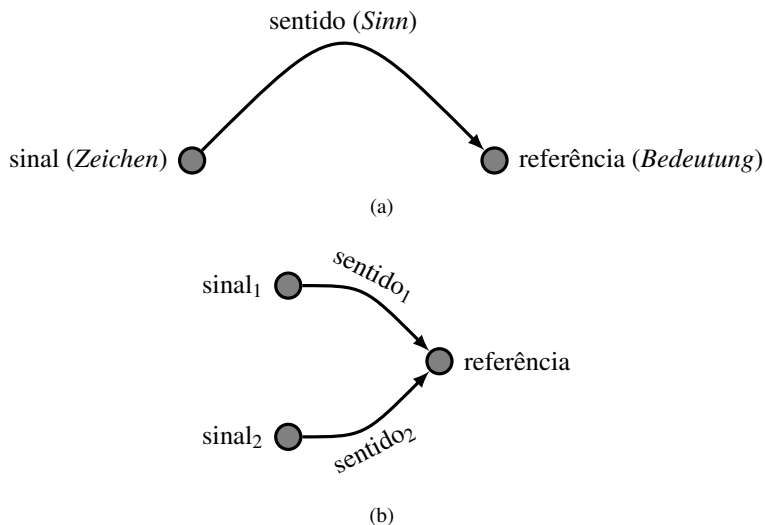


Figura 2.1: A teoria “descritivista” de Frege. (Ver texto para explicação a respeito de em que sentido o descritivismo de Frege não envolve necessariamente descrições definidas.) (a) A relação entre o sinal, o sentido e a referência, nos termos de Frege. (b) Ilustração da maneira como dois nomes diferentes podem ter a mesma referência, mas sentidos diferentes.

Para resolver tal problema, segundo Frege, em primeiro lugar devemos elucidar qual o tipo de relação de igualdade envolvido em uma sentença da forma “ $a = b$ ”, como o exemplo (1), “Álvaro de Campos é Fernando Pessoa”. Não pode se tratar de igualdade entre dois objetos, porque não há dois objetos que sejam estritamente idênticos¹². Tampouco seria o caso de que “ $a = b$ ” se

¹¹Embora *Bedeutung* talvez fosse mais propriamente por “significado”, escolhemos aqui manter a tradução consagrada “referência”. Essa escolha nos força a utilizar esse termo de modo ambíguo para nos referirmos tanto à *relação* de referência quanto ao objeto referido, ou *referente*. Quando julgarmos que essa ambiguidade prejudica nossa exposição, explicitaremos se estamos falando da relação ou do objeto.

¹²Está envolvida aí, conforme assinala Brito (2003, p. 49n), certa interpretação da noção de identidade, talvez baseada no princípio da identidade dos indiscerníveis. Afinal, Frege parece

refere à igualdade do *modo pelo qual usamos os dois nomes*, porque, se assim fosse, ela expressaria apenas um conhecimento sobre nossas convenções linguísticas. E, no caso extremo, se o enunciado fosse interpretado como afirmando a igualdade entre os nomes enquanto *símbolos*, seria simplesmente sem sentido.

Portanto, segundo Frege, para que enunciados da forma “ $a = b$ ” façam sentido, e sejam informativos, é preciso aceitar que um nome próprio está sempre associado a um *modo de apresentar* um objeto. Tomando como exemplo os antigos nomes do planeta Vênus, “Estrela da Manhã” (Fósforo) e “Estrela da Tarde” (Hésero), Frege escreve:

É, pois, plausível pensar que exista, unido a um sinal [(*Zeichen*)] (nome, combinação de palavras, letras), além daquilo por ele designado, que pode ser chamado de sua referência (*Bedeutung*), ainda o que eu gostaria de chamar de o sentido (*Sinn*) do sinal, onde está contido o modo de apresentação [(*Art des Gebenseins*)] do objeto. [...] A referência de “estrela da tarde” e “estrela da manhã” é a mesma, mas não o sentido. (FREGE, 2009/1892, p. 131)

Se uma pessoa, no ano de 1934, lesse o poema “Tabacaria”, assinado por Álvaro de Campos, e decidisse procurar pelo autor, acabaria encontrando o indivíduo Fernando Pessoa. Se essa mesma pessoa quisesse encontrar o autor do poema “Mar português”, assinado por Fernando Pessoa, chegaria ao mesmo indivíduo. Nesse caso, poderíamos dizer que o nome “Álvaro de Campos” *apresenta* o indivíduo Fernando Pessoa como o autor de “Tabacaria”. E, por sua vez, o nome “Fernando Pessoa” *apresenta* esse mesmo indivíduo como o autor de “Mar português”.

Nos termos de Frege, os nomes “Álvaro de Campos” e “Fernando Pessoa” são *sinais*; as propriedades “ser o autor de ‘Tabacaria’” e “ser o autor de ‘Mar português’” são os *sentidos*, ou modos de apresentação, respectivamente associados a cada um dos nomes¹³; e, por fim, Fernando Pessoa é o *significado*, ou referente, de ambos nomes. Assim, ao afirmarmos “Álvaro de Campos é Fernando Pessoa”, ocorre que dois *sinais* distintos apresentam o mesmo *significado* por duas vias diferentes — ou seja, cada um deles está associado a um *sentido* diferente (v. figura 2.1).

estar dizendo que, se dois objetos têm todas as propriedades exatamente idênticas, não são dois objetos, mas o mesmo objeto. Essa interpretação parece compartilhada por Wittgenstein no *Tractatus* (“[...] dizer de *duas* coisas que elas são idênticas é um contra-senso e dizer de *uma* coisa que ela é idêntica a si mesma é não dizer rigorosamente nada”, 5.5303).

¹³ Alguns autores (p. ex. KRIPKE, 1980) entendem os sentidos fregeanos como descrições definidas — algo como “o autor de ‘Tabacaria’”. Entretanto, seguimos aqui a caracterização de Soames (2010a, p. 9) dos sentidos como propriedades.

Pelos exemplos que demos, parece evidente que o sentido associado a um nome depende do conhecimento que temos a respeito do objeto nomeado. De fato, o conhecimento que uma pessoa tem de um objeto pode determinar qual dos muitos sentidos possíveis de um nome ela associará a esse nome. Por exemplo, uma pessoa pode entender “Álvaro de Campos” não como “o autor de ‘Tabacaria’”, mas como “o autor de ‘Magnificat’”. Frege reconhece esse ponto em uma famosa nota de rodapé:

No caso de um nome próprio genuíno como “Aristóteles”, as opiniões quanto ao sentido podem certamente divergir. Poder-se-ia, por exemplo, tomar, como seu sentido o seguinte: o discípulo de Platão e o mestre de Alexandre Magno. Quem fizer isso associará outro sentido à sentença “Aristóteles nasceu em Estagira” do que alguém que tomar como sentido daquele nome: o mestre de Alexandre Magno que nasceu em Estagira. Enquanto a referência permanecer a mesma, tais oscilações de sentido podem ser toleradas, ainda que elas devam ser evitadas na estrutura teórica de uma ciência demonstrativa, não devem ter lugar numa linguagem perfeita. (FREGE, 2009/1892, p. 132n)

Duas observações têm de ser feitas aqui. Em primeiro lugar, “Aristóteles” é um “nome próprio *genuíno*” pelo fato de que Frege inclui na categoria de nomes próprios também as descrições definidas. Muitos autores (inclusive Kripke, como já mencionado) interpretam Frege como se ele afirmasse que o sentido de um nome próprio genuíno fosse uma descrição definida. No entanto, uma descrição definida é um outro sinal, com seu próprio sentido e referência. Parece-nos, então, que deve-se entender a citação acima como afirmando que um nome próprio pode ter o mesmo sentido de uma descrição definida, e não que essa descrição definida *seja* o sentido desse nome próprio.

A segunda observação diz respeito ao fato de que, embora duas pessoas possam associar sentidos diferentes a um mesmo nome próprio, isso não faz com que os sentidos sejam aspectos subjetivos dos sinais. Qualquer um dos sentidos possíveis de serem associados a um nome será apreendido, segundo Frege, de um estoque comum de conhecimento, compartilhado por — e comunicável para — toda humanidade. A pessoa então representará internamente esse sentido da maneira que quiser: Frege chama essa representação interna, subjetiva, de *ideia*. Frege escreve: “[u]m pintor, um cavaleiro, e um zoólogo provavelmente associarão ideias muito diferentes ao nome ‘Bucéfalo’” (2009/1892, p. 134).

Frege utiliza uma metáfora para explicar a diferença entre sentido e concepção:

Alguém observa a lua através de um telescópio. Comparo a pró-

pria lua à referência; ela é o objeto da observação, proporcionado pela imagem real projetada pela lente no interior do telescópio, e pela imagem retiniana do observador. A primeira imagem comparo ao sentido, a segunda, à ideia ou intuição. A imagem real dentro do telescópio é, na verdade, relativa, depende do ponto de vista da observação; não obstante, ela é objetiva, na medida em que pode servir a vários observadores. De fato, ela poderia ser disposta de tal forma que vários observadores poderiam utilizá-la simultaneamente. Mas no que diz respeito à imagem retiniana cada um dos observadores teria sua própria imagem. (FREGE, 2009/1892, p. 213)

Desta maneira, Frege quer evitar a todo custo que o sentido seja entendido como um aspecto subjetivo da linguagem. O sentido de um termo não é um componente subjetivo, incomunicável (como a imagem retiniana na analogia acima), mas algo abstrato que pode, ainda assim, ser apreendido pelo entendimento. A dificuldade que Frege enfrenta é como explicar que algo pode ser, ao mesmo tempo, abstrato e objetivo. Explicar a maneira como Frege resolve essa dificuldade nos desviaria muito do escopo deste trabalho; resumidamente, em “O pensamento” (1956/1918), Frege responde que os pensamentos (sentidos de enunciados inteiros) são diferentes de nossas representações pessoais porque, ao contrário delas, não têm portadores. Não faz sentido, por exemplo, dizer “meu Teorema de Pitágoras”, muito menos dizer que meu Teorema de Pitágoras é verdadeiro, enquanto o de outra pessoa é falso (FREGE, 1956/1918, p. 301).

Resumidamente, então, a teoria de Frege coloca um sério problema — o problema das identidades informativas — para a noção milliana de que os nomes próprios são puramente denotativos. Como proposta de solução, Frege propõe que cada nome próprio está associado a um modo de apresentação do objeto, que ele chama de *sentido*. Conforme esclareceremos mais adiante, acreditamos que, a despeito de a teoria de Frege ser ou não adequada para explicar a referência de nomes próprios ordinários, ela fornece elementos para construirmos uma teoria da referência para os nomes próprios dos táxons biológicos.

2.3.3 Russell: nomes próprios como descrições definidas

Embora houvesse certa discordância entre Russell e Frege, a teoria de Russell é frequentemente classificada, juntamente com a de Frege, como descritivista. Porém, conforme veremos, há algumas ressalvas a fazer sobre essa classificação. De maneira semelhante a Frege, Russell também desenvolveu sua teoria da referência para os nomes próprios a partir da colocação de alguns proble-

mas. Russell estava preocupado com aqueles nomes próprios cujo referente pode ter sua existência questionada (“Rômulo”, “Homero”, “Moisés”), o que, segundo ele, não poderia ser uma característica dos nomes próprios genuínos (RUSSELL, 1985/1918, p. 121).

Guiado por essa intuição, Russell afirma que construções do tipo “Homero existiu” são suspeitas, e o que está sob suspeita não é o uso de “existiu” (que deve ser entendido como um quantificador lógico), mas sim que “Homero” seja um nome próprio genuíno. Conforme escreve Russell¹⁴,

Quando digo, por exemplo, “Homero existiu”, o que quero dizer com “Homero” é alguma descrição, digamos “o autor dos poemas homéricos”, e estou afirmando que esses poemas foram escritos por um homem, o que é uma proposição muito duvidosa; mas se você pudesse encontrar a pessoa que de fato escreveu esses poemas [...], dizer dessa pessoa que ela existiu seria enunciar algo sem sentido [...], porque é apenas sobre pessoas descritas que é possível dizer, significativamente [*significantly*], que elas existem. (RUSSELL, 1985/1918, p. 121)

Para entender esse ponto, é preciso levar em consideração, em primeiro lugar, a teoria russelliana sobre as proposições. Proposições são, grosso modo, os conteúdos abstraídos a partir de determinados enunciados ou sentenças. Para usar o exemplo mais conhecido de toda a filosofia analítica, supondo que “a neve é branca” e “snow is white” são sentenças em duas línguas diferentes, podemos dizer que elas expressam a mesma proposição, isto é, o mesmo conteúdo. Agora, para Russell, quando um nome próprio ocorre em uma sentença, o referente desse nome próprio é parte da proposição expressa por essa sentença. Para Russell, o próprio Mont Blanc com toda sua neve é parte da proposição expressa pela sentença “Mont Blanc tem mais de 4.000 metros de altura” (Cf. ABBOTT, 2010, p. 34). Aliás, a proposição expressa por essa sentença contém o Mont Blanc (um particular) e a propriedade de ter mais de 4.000 metros de altura (um universal). Por isso, Russell afirma que

se o próprio Rômulo fizesse parte das proposições que [afirmam que] ele existe ou que ele não existe, ambas proposições não somente não poderiam ser verdadeiras, como também sequer seriam significantes [*significant*], a menos que ele existisse. (RUSSELL, 1985/1918, p. 109)

Em segundo lugar, é importante ressaltar que, para Russell, as línguas naturais expressam certas estruturas gramaticais superficiais, mas os verda-

¹⁴Wittgenstein faz considerações semelhantes sobre o nome “Moisés” no famoso § 79 das *Investigações Filosóficas*.

deiros conteúdo dos pensamentos (as proposições) são expressos em uma gramática profunda, que é uma linguagem lógica de primeira ordem. E o ponto é que, em uma linguagem de primeira ordem, “existe” é um quantificador, nunca um predicado. Pode-se dizer “há um x tal que ...”, e aí preencher as reticências com uma estrutura predicativa para x , mas nunca predicar a existência¹⁵ de x .

Poder-se-ia expressar “Homero existiu” em uma linguagem de primeira ordem da seguinte forma (desconsiderando, claro, o tempo verbal): $\exists x(x = h)$, onde h é uma constante individual para Homero. Porém, essa fórmula seria trivialmente dedutível da reflexividade da identidade ($\forall x(x = x)$, “todo x é igual a si mesmo”), um axioma amplamente aceito. Por outro lado, dizer “Homero nunca existiu” na forma

$$(3) \neg \exists x(x = h)$$

na mesma linguagem em que se aceita a reflexividade da identidade (como Russell o faria) leva a uma contradição. Isso ocorre porque, ao incluirmos Homero em nosso universo de discurso e nomeá-lo pela constante individual h , deduz-se que $h = h$ (“Homero é idêntico a si mesmo”). Mas a fórmula (3) está justamente dizendo que não há nada que seja idêntico a Homero, nem mesmo o próprio Homero.

Do mesmo modo,

$$(4) \text{Pégaso nunca existiu.}$$

parece ser um enunciado verdadeiro que fala sobre Pégaso, mas se for verdadeiro e for sobre Pégaso, ele paradoxalmente *não pode ser* sobre Pégaso (LYCAN, 2008, p. 32). Introduzir um objeto no universo de discurso por meio de um nome próprio genuíno já implica supor sua existência. Em outras palavras, no momento em que nomeamos algo com um nome próprio genuíno, para Russell, a existência do objeto nomeado não está em questão. Então, para Russell, essas considerações sugerem que nomes como “Pégaso” e “Homero”, e de fato todos os nomes próprios comumente utilizados, não são nomes próprios genuínos.

O que seriam, então, nomes próprios genuínos? A caracterização que Russell faz dessa classe de nomes é surpreendentemente¹⁶ milliana. Nesse sentido, nomes próprios genuínos se opõem a descrições definidas pelo fato de não serem exatamente parte da língua. Uma pessoa que conhece o português pode entender o significado de “o autor de *Waverley*” (uma descrição

¹⁵Isto é, em uma linguagem de primeira ordem, se j é uma constante individual (algo como um nome próprio), $\exists j$ é uma expressão mal-formada. Uma fórmula bem formada seria uma expressão como $\exists x\phi x$, onde ϕ é uma constante de predicado qualquer.

¹⁶Pelo menos para os leitores acostumados com a visão kripkeana de Russell como um descriptivista inveterado.

definida) mesmo sem tê-la ouvido antes, mas o mesmo não ocorre com o nome próprio “Scott”, se este for entendido como um nome genuíno. Isso ocorre pois “saber o significado de um nome é saber a quem ele se aplica” (RUSSELL, 1985/1918, p. 112). Poderíamos dizer, utilizando a terminologia de Mill, que, para Russell, o *significado* de uma descrição definida é sua conotação, enquanto o significado de um nome próprio genuíno é sua denotação ou referente.

Russell escreve que uma descrição definida é um “símbolo incompleto”, principalmente pelo fato de que sua estrutura lógica depende da estrutura de uma sentença na qual a descrição ocorra. Por sua vez, um nome é “um símbolo simples (isto é, um símbolo que não tem partes que são símbolos) [...] usado para designar um certo particular” (RUSSELL, 1985/1918, p. 111). Vejamos agora como Russell utiliza a noção de que descrições definidas são símbolos incompletos para resolver o problema da aparente referência a objetos inexistentes que ocorre, por exemplo, na sentença “Pégaso nunca existiu”.

Tal problema se coloca sempre que utilizamos nomes ou descrições que aparentemente se referem a coisas que não existem, por exemplo:

- (5) Pégaso é um cavalo alado branco.
- (6) Papai Noel usa uma roupa vermelha.
- (7) O atual rei da França é calvo.

Mais uma vez, se os nomes “Pégaso” e “Papai Noel”, e a descrição “o atual rei da França” fossem millianos, ou nomes próprios genuínos, não se refeririam a nada, e portanto as frases acima não teriam significado. Além disso, teríamos de considerar os seguintes enunciados como sinônimos:

- (8) Pégaso é um cavalo alado branco.
- (9) Papai Noel é um cavalo alado branco.

O fato de que as sentenças acima são significativas gera um aparente paradoxo — compreendemos as sentenças mesmo que os objetos supostamente denotados por elas não existam. Segundo Russell, esse problema pode ser solucionado se aceitarmos que os nomes aí utilizados não são nomes próprios genuínos, mas descrições definidas “disfarçadas”. Nesse sentido, ele escreve

As palavras comuns, incluindo os nomes próprios, são habitualmente na realidade descrições. Isto é, o pensamento na mente de uma pessoa que usa um nome próprio corretamente em geral só pode ser expresso explicitamente se substituirmos o nome próprio por uma descrição. (RUSSELL, 2008/1912, p. 114)

A solução proposta por Russell para esse aparente paradoxo passa por uma análise da forma lógica das sentenças contendo descrições definidas,

realizada sobretudo no artigo “Sobre a denotação” (1905). Ali, Russell afirma que os artigos definidos que iniciam as descrições definidas não podem ser univocamente formalizadas em uma linguagem lógica, por isso, ele apresenta um esquema de paráfrase de modo a revelar a forma lógica dessas descrições.

Para entender como isso pode ser feito, Russell apresenta o seguinte exemplo (1905, p. 488): o escritor escocês Sir Walter Scott (1771–1832) publicou anonimamente o livro *Waverley* e, ao ganhar notoriedade por essa obra, passou a assinar as outras como “o autor de *Waverley*”. O então príncipe-regente da Inglaterra, George, sem saber sua identidade, convidou-o para jantar, pois queria conhecer o famoso “autor de *Waverley*”. Certamente, escreve Russell, seguindo Frege, George estava interessado em saber se “Scott é o autor de *Waverley*” e não se “Scott é Scott”, nem se “o autor de *Waverley* é o autor de *Waverley*”. Entretanto, diferentemente de Frege, Russell não apela para o *sentido* dos nomes aí envolvidos para explicar essa diferença. A chave para entender a diferença de valor cognitivo, segundo Russell, está relacionada à forma lógica das descrições definidas. Digamos que alguém afirmasse para George:

(10) O autor de *Waverley* é um escocês.

Russell propõe que esse enunciado deve ser decomposto, do ponto de vista lógico, em três enunciados quantificados unidos por conjunções¹⁷:

- Pelo menos uma pessoa é o autor de *Waverley*; e
- no máximo uma pessoa é o autor de *Waverley*; e
- quem quer que seja o autor de *Waverley*, é um escocês.

Esse esquema permite que nos livremos de dificuldades tais como o problema da *aparente referência a coisas inexistentes*, colocado, por exemplo, pelo enunciado paradigmático (7):

(7) O atual rei da França é calvo.

Como explicar que compreendemos esse enunciado, e poderíamos até dizer que ele é falso? Se aplicarmos o esquema sugerido por Russell, teremos a seguinte conjunção tripla:

¹⁷Em uma lógica de primeira ordem com identidade, sendo A uma constante de predicado unária para “ x é o autor de *Waverley*” e E outra constante de predicado unária para “ x é escocês”, essas três sentenças podem ser assim parafraseadas:

- $\exists x(Ax)$
- $\forall x(Ax \rightarrow \forall y(Ay \rightarrow y = x))$
- $\forall x(Ax \rightarrow Ex)$

Conjuntamente, essas sentenças podem ser resumidas na sentença:

- $\exists x(Ax \wedge \forall y(Ay \rightarrow y = x) \wedge Ex)$

- *Pelo menos* uma pessoa é o atual rei da França; e
- *no máximo* uma pessoa é o atual rei da França; e
- quem quer que seja o atual rei da França, essa pessoa é calva.

Ora, desta maneira fica fácil ver que o primeiro enunciado é falso, pois não há nenhuma pessoa que seja o atual rei da França, e com isso a conjunção como um todo é falsa. Como argumento em favor dessa abordagem, Russell afirma que esse paradigma de solução pode ser utilizado para resolver outros três problemas (para detalhes, v. LYCAN, 2008, p. 9–44) mas nos concentraremos aqui em analisar como o esquema de Russell se aplica aos nomes próprios.

Vejamos o caso do enunciado (4):

(4) Pégaso nunca existiu.

Em *Filosofia do atomismo lógico* (1985/1918), Russell afirma que, para evitar o paradoxo provocado por enunciados como (4), temos de tratar o nome próprio como uma descrição definida e aí então parafrasear o enunciado nos moldes do esquema proposto em “Sobre a denotação”. Que descrição definida pode ser utilizada no lugar de “Pégaso”? Podemos entender “Pégaso” como sinônimo da descrição “o cavalo alado de Belerofonte” e realizar a análise. A forma lógica de (4) é “não é o caso que: Pégaso existiu”, e por isso, esse enunciado pode ser parafraseado como a *negação* do primeiro enunciado de uma conjunção russelliana:

Não é o caso que: pelo menos um objeto é o cavalo alado de Belerofonte.

Em outras palavras, ao afirmarmos que “Pégaso nunca existiu”, não estamos dizendo que existe (quando o nomeamos “Pégaso”) um objeto inexistente (quando dizemos “não existiu”), o que seria absurdo; mas sim que nunca existiu tal coisa como o cavalo alado de Belerofonte¹⁸. Essa solução, além de efetiva, parece intuitiva. Outro argumento que se pode dar em favor do descritivismo de Russell é que informações sobre nomes são frequentemente dadas na forma de descrições definidas. Suponhamos que uma pessoa não saiba quem foi Yuri Gagarin; alguém pode lhe explicar: “Yuri Gagarin foi o primeiro homem a viajar no espaço”. Assim, a pessoa que não entendia o nome “Yuri Gagarin” agora passa a entendê-lo como sinônimo da descrição definida “o primeiro homem a viajar no espaço”.

Cabe agora retomar a ressalva de que Russell acreditava que o descritivismo só é adequado para explicar certos fenômenos associados aos nomes

¹⁸A análise poderia continuar para o nome “Belerofonte”, e assim por diante, até afirmarmos que todo o panteão grego é uma ficção.

próprios das línguas naturais, mas que haveria outra classe de nomes, os nomes próprios *genuínos*, que se comportariam de maneira milliana. Os únicos nomes próprios genuínos seriam os indexicais (“isto”, “aquilo”) utilizados para nomear nossos dados dos sentidos; porém, uma discussão mais pormenorizada desse ponto envolveria uma incursão pela epistemologia russelliana.

Para os propósitos deste trabalho, então, deve-se entender a teoria de Russell como a proposta de que os nomes próprios das línguas naturais são sinônimos de descrições definidas, e que, portanto, a relação de referência de determinado nome próprio é sempre mediada por uma descrição definida. Por sua vez, enunciados contendo descrições definidas podem ser analisados como conjunções de três enunciados quantificados. Se qualquer um desses enunciados for falso, a referência como um todo falha, e não há nenhum objeto que é designado por aquela descrição. Nomes próprios “vazios”, como “Pégaso”, também se sujeitam a essa análise, e sua referência também falha. Entretanto, isso não faz com que todos enunciados sobre seres inexistentes sejam sinônimos, porque as descrições associadas a cada um dos nomes desses seres são diferentes. Por fim, essa solução fornece também uma explicação para o problema levantado por Frege, mas o grande diferencial da teoria de Russell é que ela propõe entidades linguísticas — e não epistemológicas — com uma estrutura regular, as descrições definidas, para cumprir um papel semelhante àquele cumprido pelo sentido fregeano.

Apesar do grande poder da teoria de Russell em solucionar problemas, algumas objeções foram levantadas contra ela. Uma das objeções comuns é a das múltiplas descrições para um mesmo nome: na maioria das vezes, não é possível dizer qual é a descrição definida que um nome supostamente abrevia. Afinal, poderíamos entender “Machado de Assis” tanto como “o autor de *Quincas Borba*” quanto como “o autor de *Dom Casmurro*”. Criou-se, na filosofia da linguagem, a mitologia de que Russell jamais teria se dado conta desse problema (Cf. LYCAN, 2008). Porém, o próprio Russell escreve, em *Os problemas da filosofia*,

a descrição exigida para exprimir o pensamento irá variar para pessoas diferentes, ou para a mesma pessoa em momentos diferentes. A única coisa constante (desde que o nome seja corretamente usado) é o objeto ao qual o nome se aplica. Mas desde que isso permaneça constante, a descrição particular envolvida não faz habitualmente diferença no que respeita à verdade ou falsidade da proposição na qual o nome aparece. (RUSSELL, 2008/1912, p. 114)

Uma outra resposta possível a esse tipo de objeção é dizer que o nome não abrevia *uma única* descrição definida, mas sim um conjunto vago, ou

agregado, de descrições. Segundo a teoria do agregado de descrições, proposta por Searle, um nome se refere a qualquer objeto que satisfaça um número suficiente, porém vago e não especificado, de descrições geralmente associadas a ele (LYCAN, 2008, p. 38). A teoria do agregado resolveria a objeção ao propor que diferentes pessoas podem ter em mente diferentes subconjuntos do agregado de descrições associado a um nome, e ainda assim esses diferentes subconjuntos seriam, cada um deles, *suficientes* para fazer referência, de maneira bem-sucedida, ao mesmo indivíduo.

2.3.4 Searle: nomes próprios como “ganchos para pendurar descrições”

No artigo “Nomes próprios” (1958), John Searle retoma o problema de Frege a respeito das identidades informativas e discute se os nomes próprios têm, de fato, sentido. Searle começa sua abordagem a partir da distinção analítico/sintético: pode ser que “Túlio é Túlio” seja uma sentença trivialmente analítica, mas será “Túlio é Cícero” uma sentença sintética? Se considerarmos a concepção tradicional de analiticidade segundo a qual uma sentença é analítica se sua verdade for garantida em virtude das regras linguísticas, sem recurso à investigação empírica, então “ambas sentenças são analiticamente verdadeiras, e ambas ilustram fatos contingentes a respeito de nosso uso dos símbolos” (SEARLE, 1958, p. 166).

À primeira vista, parece estranha a sugestão de Searle de que “Túlio é Túlio” ilustra um fato contingente a respeito de nosso uso dos símbolos. Mas Searle rejeita a ideia de que a diferença entre identidades não-informativas e informativas reside no fato de que as não-informativas sejam instâncias do axioma da autoidentidade ($x = x$). Para Searle, a autoidentidade não vale ir-restritamente para qualquer símbolo que se queira colocar no lugar de x . Searle nos convida a supor uma linguagem na qual haja regras de referência não apenas para as palavras enquanto *tipos (types)*, mas também enquanto *ocorrências (tokens)*, tal como em algumas formas de criptografia nas quais o mesmo objeto é referido por x , e em seguida por y , etc. Numa linguagem assim, “ $x = y$ ” é trivialmente analítica, enquanto “ $x = x$ ” não faz sentido.

Por outro lado, também parece estranha a ideia de que “Túlio é Cícero” seja analítica, ou seja, que as regras linguísticas seriam suficientes para determinar a verdade dessa sentença. A explicação para isso é que Searle entende por “regras linguísticas” algo que inclui uma lista de especificação dos referentes, isto é, uma lista do tipo “o nome ‘Túlio’ se refere ao objeto t , o nome ‘Cícero’ se refere ao objeto t, \dots ”. Se as regras linguísticas apenas *autorizam* que dois nomes se refiram ao mesmo objeto, sem especificar quais nomes se referem a quais objetos, elas seriam insuficientes para determinar a verdade de “Túlio é Cícero”. Por isso, Searle escreve que “as regras linguísticas para

usar o nome ‘Cícero’ e as regras linguísticas para usar o nome ‘Túlio’ são tais que ambos nomes se referem, sem descrever, ao mesmo objeto” (1958, p. 166).

Entretanto, Searle afirma que uma sentença como “Túlio é Cícero” também pode ser *sintética*; algumas sentenças dessa forma *não* são usadas para explicitar regras linguísticas. Um exemplo seria “Shakespeare era Bacon” — quem afirma essa frase não está interessado em explicar nenhuma convenção linguística, mas sim enunciar uma hipótese historiográfica. Para Searle, o que torna uma sentença sintética, então, não é o fato de ela não ser prevista por alguma regra linguística, mas sim o uso que um falante faz dela: trata-se de um critério *pragmático* para a sinteticidade. O objetivo de Searle no artigo é justamente explicar como esse uso sintético das identidades é possível, já que ele não pode ser explicado como um imprevisto das leis linguísticas.

Se considerarmos apenas as regras linguísticas, tais como consideradas anteriormente, chegaremos inevitavelmente à concepção milliana de que os nomes denotam mas não conotam. Afinal, a relação entre “Túlio” e Túlio, e “Cícero” e Túlio, são completamente arbitrárias; não há nada nesses nomes que nos informe algo sobre seu portador. Então, sob essa perspectiva, os nomes próprios têm necessariamente um referente e contingentemente um sentido. Por outro lado, para ensinar ou aprender o nome de um objeto, é necessário *identificar* o objeto de algum modo, seja por ostensão, seja por descrição¹⁹. Nessa perspectiva contrastante, um nome próprio necessariamente tem de ter um sentido que forneça características que nos permitam identificar um possível referente (e essa é outra maneira de enunciar o problema *qua*). Conforme escreve Searle, “parece que [o nome] não poderia ter um referente a menos que tenha um sentido, pois [de outra maneira] como [...] poderia ser correlacionado ao referente?” (SEARLE, 1958, p. 168).

Antecipando a argumentação de Kripke, Searle pergunta: não seria, por outro lado, possível que um objeto não satisfaça nenhuma das descrições que costumamos atribuir a ele e, ainda assim, o nome se refira a ele? Suponhamos que os feitos que associamos ao nome “Aristóteles” não tenham sido realizados por Aristóteles, mas sim por inúmeros indivíduos espalhados por vários continentes. Nesse caso, Searle responde que o suposto objeto único denotado pelo nome “Aristóteles” simplesmente não existe; o nome “Aristóteles” passa a se tornar o nome de uma entidade fictícia, semelhante a “Pégaso” ou “Papai Noel”, e, assim, pode ser objeto de uma análise russelliana. Nesse sentido, parece que os nomes necessariamente têm um sentido e apenas contingentemente uma referência.

¹⁹A menos, é claro, que já se saiba um dos nomes do objeto. De qualquer modo, nesse caso, é preciso saber identificar o referente do primeiro nome. Se alguém perguntar “quem é Álvaro de Campos?”, “Álvaro de Campos é Fernando Pessoa” pode ser uma resposta satisfatória, mas apenas se o autor da pergunta souber identificar, em primeiro lugar, Fernando Pessoa.

Há, então, duas visões alternativas em conflito. A primeira, baseada nas regras linguísticas, sugere que nomes próprios têm necessariamente um referente e contingentemente um sentido. A segunda, que envolve considerações epistêmicas, sugere o oposto: nomes próprios têm necessariamente um sentido e apenas contingentemente uma referência (pensando, por exemplo, nos nomes de objetos fictícios). Searle começa analisando esta segunda posição.

O que é o sentido de um nome? Certamente não pode ser uma descrição completa do objeto, caso contrário, qualquer enunciado do tipo “Machado de Assis escreveu *Dom Casmurro*” seria uma tautologia (e, obviamente, contradizê-lo seria incorrer em contradição), qualquer mudança mínima ocorrida no objeto já causaria uma mudança no sentido do nome, e assim por diante (SEARLE, 1958, p. 169). Podemos, então, nos perguntar quais seriam as condições necessárias e suficientes para que um nome em particular se aplique a um objeto em particular.

Podemos encontrar uma resposta a essa pergunta, segundo Searle, se começarmos por uma caracterização de qual a função dos nomes próprios na linguagem. Os nomes próprios diferem das descrições definidas, de acordo com Searle, pois se referem a seus objetos sem especificar nenhuma característica que estes tenham de possuir — isto é, nenhuma condição necessária e suficiente — para que a referência seja bem-sucedida. Mesmo assim, Searle ressalta que o uso referencial dos nomes próprios pressupõe que os objetos referidos tenham certas características. Assim, usos referenciais do nome “Aristóteles” pressupõem “a existência de um objeto a respeito do qual um certo número suficiente mas até então não especificado [de enunciados descritivos] é verdadeiro” (1958, p. 171).

O ponto é que os nomes próprios não trazem consigo condições necessárias e suficientes para sua aplicação. Enquanto é possível esquadrihar o mundo em busca do “autor de *Dom Casmurro*”, tendo em mãos apenas essa descrição, o mesmo não pode ser dito a respeito de “Machado de Assis”. Presume-se que um certo número de descrições são verdadeiras a respeito de Machado de Assis, mas não há um número preciso que determine quando uma determinada aplicação do nome “Machado de Assis” é bem-sucedida. Esse ponto é desenvolvido em uma importante passagem perto do final do artigo de Searle:

Perguntar pelos critérios para a aplicação do nome “Aristóteles” é perguntar no modo formal o que é Aristóteles; é perguntar por um conjunto de *critérios de identidade* para o objeto Aristóteles. “O que é Aristóteles?” e “Quais são os critérios para aplicar o nome ‘Aristóteles’?” fazem a mesma pergunta. Portanto, se concordássemos com antecedência que usaríamos o nome para precisamente aquelas características que constituíssem a identidade

de Aristóteles, nossas regras para usar o nome seriam precisas. [...] [O] nome em si se tornaria supérfluo, pois se tornaria logicamente equivalente a este conjunto de descrições. (SEARLE, 1958, p. 171, grifos meus)

De fato, escreve Searle, é precisamente nesse fato que reside a utilidade de um nome próprio. Ao separar a função referencial da função descritiva da linguagem, os nomes próprios nos permitem referir “sem ter de especificar condições de identidade toda vez que a referência é feita”; e ainda: “eles [os nomes próprios] não funcionam como descrições, mas como ganchos [*pegs*] para pendurar descrições” (SEARLE, 1958, p. 172). Com essas considerações, Searle retorna à pergunta inicial: nomes próprios têm sentido? Se sentido for uma descrição, ou especificação das características dos objetos, a resposta é “não”; porém, se a pergunta significar “os nomes próprios estão conectados logicamente a características dos objetos a que se referem”, a resposta é “sim, mas de maneira frouxa” (SEARLE, 1958, p. 172). Assim, a sentença “Túlio é Cícero” seria analítica se os pressupostos descritivos associados a cada um dos nomes fossem idênticos, e sintética no caso contrário.

2.4 Teorias kripkeanas da referência

2.4.1 Donnellan: uso referencial e uso atributivo das descrições

Há uma outra dificuldade para a teoria russelliana das descrições definidas, apontada por Keith Donnellan no artigo “Reference and Definite Descriptions” (1966). As descrições definidas, argumenta Donnellan, são ambíguas no plano pragmático (relativo a seu uso). Segundo Donnellan, há dois usos possíveis para uma descrição definida: o *referencial* e o *atributivo*. Um falante usa uma descrição definida de maneira referencial quando ele quer chamar a atenção de seus interlocutores para uma pessoa ou objeto. O uso referencial de uma descrição definida equivale a um gesto de apontamento, e não requer que o referente satisfaça de fato a descrição. Um exemplo de Donnellan a respeito do uso referencial seria o seguinte: alguém está em uma festa e repara em um homem segurando um copo de martini. O interessado então pergunta: “quem é o homem tomando um martini?”. Mesmo se o que houver no copo é água, e não martini, uma pergunta sobre uma pessoa em particular foi feita, e é possível dar uma resposta para ela (DONNELLAN, 1966, p. 287).

Por sua vez, o uso atributivo de uma descrição definida ocorre quando um falante quer dizer algo a respeito de qualquer pessoa ou coisa que satisfaça aquela descrição, mesmo que o falante não saiba de quem ou o quê se trata. O exemplo de uso atributivo é análogo ao exemplo anterior, mas envolve outro contexto. Suponhamos que a mesma pergunta do exemplo anterior seja agora

feita pelo líder da Sociedade dos Abstêmios local, após ele ter sido informado que há um homem bebendo um martini na festa anual daquela sociedade. Ao perguntar a seu informante “quem é o homem tomando um martini?”, o líder “não tem em mente ninguém em particular sobre quem faz a pergunta; se ninguém está tomando um martini, se a informação estiver errada, nenhuma pessoa pode ser destacada como aquela a respeito da qual a pergunta foi feita” (DONNELLAN, 1966, p. 287).

Segundo Donnellan, um dos resultados dessa distinção é que ela força também uma separação entre denotação e referência, conceitos que Russell havia unido. Tanto o uso referencial quanto o atributivo, para Donnellan, podem fazer com que uma descrição definida denote alguma coisa. A denotação, assim, é um fenômeno mais amplo, que pode ser conseguido por referência ou por atribuição. Donnellan reconstrói o conceito de denotação de Russell da seguinte maneira: “uma entidade X é denotada por uma descrição definida, ‘o ϕ ’, apenas se X é o único que possui [*uniquely possesses*] a propriedade designada por ‘ ϕ ’” (DONNELLAN, 1970, p. 357n). Conforme vimos acima, Russell argumentou que a análise semântica de uma descrição definida como “o atual rei da França” é quantificacional (“há um e apenas um x tal que x é o atual rei da França”). Essa análise, segundo Donnellan, contempla na melhor das hipóteses o uso atributivo, mas não o referencial.

Para ilustrar por que denotação e referência são diferentes, Donnellan propõe um exemplo (1966, p. 296). Suponhamos que alguém tenha dito, em 1960, sem saber que Barry Goldwater seria o candidato republicano à presidência dos EUA em 1964, que “o candidato republicano à presidência dos EUA em 1964 será um conservador”. A descrição definida utilizada *denota* Goldwater, mas dificilmente diríamos, afirma Donnellan, que o falante estava *se referindo* a Goldwater. Isso ocorre porque o falante utilizou a descrição definida de modo atributivo, não referencial.

2.4.2 Kripke: o retorno à teoria da referência direta

Um conjunto de objeções mais sérias ao descritivismo de Russell foi levantada pelo filósofo contemporâneo Saul Kripke, nas palestras reunidas sob o título *Naming and Necessity* (1980). Kripke argumenta que é possível que uma pessoa não tivesse feito nenhuma das coisas frequentemente associadas a ela, mas isso não faria com que seu nome deixasse de se referir a ela. Quer dizer, Machado de Assis poderia não ter escrito nem *Dom Casmurro*, nem *Quincas Borba*; aliás, poderia, por alguma razão ou outra, jamais ter se dedicado à escrita. Nem por isso, entretanto, o nome “Machado de Assis” deixaria de se referir à pessoa Machado de Assis.

Para entender exatamente qual o alvo da crítica de Kripke, convém trazer à tona a distinção proposta por Gareth Evans (1985a) entre dois tipos de

teoria descritivista: uma na qual a referência é determinada pelo conjunto de descrições que *um falante em particular* associa a um nome, outra na qual as descrições associadas a um nome dependem das práticas de *uma comunidade de falantes*. É importante ressaltar que a teoria de Kripke ataca somente a primeira posição (EVANS, 1985a, p. 2); diante disso, Soames (2002, p. 19) classifica os argumentos utilizados por Kripke em três grupos: argumentos *semânticos*, *epistêmicos*, e *modais* (que envolvem questões de necessidade e possibilidade).

Os argumentos semânticos têm por objetivo mostrar que “o referente de um nome próprio *n*, tal como usado por um falante *s*, não está linguisticamente determinado a ser a denotação de qualquer descrição, ou conjunto de descrições, associado a *n* por *s*” (SOAMES, 2002, p. 19). Os exemplos que Kripke oferece nessa linha de argumentação têm por objetivo mostrar que um falante pode ser bem-sucedido ao utilizar um nome próprio para se referir a um objeto *o* mesmo que não associe a esse nome nenhuma descrição que seja suficiente para distinguir *o* de outros objetos. Alguém pode, por exemplo, utilizar o nome “Feynman” para se referir a Feynman mesmo que saiba apenas que ele é um físico famoso, sem associar ao nome uma descrição que permita distinguir Feynman de, digamos, Gell-Mann (KRIPKE, 1980, p. 91). Esse exemplo sugere que as descrições associadas a um nome não têm relação com o sucesso ou fracasso da referência.

Os argumentos epistêmicos envolvem a noção de que o estatuto epistêmico de proposições envolvendo nomes próprios é diferente daquele de proposições envolvendo descrições definidas. Para citar um exemplo inspirado em Kripke (1980, p. 145), consideremos o par de proposições:

- (1) Se Benjamin Franklin existir, então Benjamin Franklin é o inventor das lentes bifocais.
- (2) Se o inventor das lentes bifocais existir, então o inventor das lentes bifocais é o inventor das lentes bifocais.

(1) não é cognoscível *a priori*, e pode inclusive se mostrar falsa como resultado da investigação empírica. A proposição (2), por outro lado, pode ser conhecida *a priori*. Isso mostra que o conteúdo conferido à proposição pelo nome “Benjamin Franklin” não é o mesmo que aquele conferido pela descrição definida “o inventor das lentes bifocais”.

Para entender melhor os argumentos modais apresentados por Kripke, é preciso apresentar um pouco do aparato conceitual envolvido. Quase 60 anos separam a teoria de Russell da de Kripke, e esse tempo foi suficiente para que houvesse um grande desenvolvimento da lógica matemática, disciplina que Frege e Russell ajudaram a fundar. Nesse período, em particular, houve o desenvolvimento da lógica *modal*, que trata de questões de necessidade e possibilidade. O próprio Kripke realizou uma importante contribuição para

essa lógica, ao propor uma semântica para ela, a semântica dos *mundos possíveis*. Sem entrar em muitos detalhes, a semântica de Kripke propõe, grosso modo, que entendamos um enunciado como *necessário* se ele for verdadeiro em todos mundos possíveis, e *possível* se for verdadeiro em pelo menos um mundo possível, mas não todos²⁰.

Kripke sugere que o conceito de mundo possível, embora soe um tanto estranho e forçado, deve ser entendido como uma situação hipotética, algo que poderia ser o caso, mas não é, ou ainda algo que poderia *ter sido* o caso, mas não foi. Kripke enfatiza que mundos possíveis são situações *estipuladas*, e não mundos “reais” separados do nosso, como propõe David Lewis²¹ (KRIPKE, 1980, p. 42). Assim, os limites para como um mundo possível é (ou poderia ter sido) só dependem dos limites de nossa capacidade especulativa. Nas discussões que envolvem mundos possíveis, o mundo “real”, e os fatos que nele aconteceram, são qualificados pelo adjetivo “atual” (*actual*), significando aquilo que existe ou existiu *em ato*, e não apenas *em potência*.

Especular sobre um mundo possível, sobre uma circunstância contrafactual, escreve Kripke, não é algo muito diferente do que realizamos quando calculamos probabilidades. Se quisermos saber qual a probabilidade de tirar onze em um par de dados de seis faces, temos que levar em conta as trinta e seis combinações possíveis de resultados — trinta e seis “mundos possíveis em miniatura” (KRIPKE, 1980, p. 16). Um desses mundos é o atual; podemos especular sobre os outros mundos e calcular quão provável ou improvável foi o resultado que de fato tiramos. Os mundos possíveis que Kripke utiliza em seus exemplos são “pouco mais que os minimundos da probabilidade que aprendemos na escola ampliados” (KRIPKE, 1980, p. 18).

Kripke argumenta que descrições definidas se comportam de maneiras muito diferentes em relação aos nomes próprios quando analisados em diferentes mundos possíveis. Uma descrição definida, afirma Kripke, não designa o mesmo indivíduo em todos mundos possíveis. Pensemos no caso da descrição “o biólogo evolutivo mais longevo”: no mundo atual, essa descrição provavelmente se refere a Ernst Mayr, que viveu até os 100 anos de idade. Suponhamos, porém, que em uma circunstância contrafactual, Mayr jamais tivesse se dedicado à biologia evolutiva. Nessa circunstância, talvez a descrição “o biólogo evolutivo mais longevo” se refira a George L. Stebbins, que viveu até os 94 anos de idade. Diante desse tipo de considerações modais, seria falso dizer que a descrição “o biólogo evolutivo mais longevo” se refere inequivocamente — em todos mundos possíveis — a Ernst Mayr. Há inclusive mundos possíveis em que biólogos evolutivos não existem; nesses mundos, a

²⁰Deve ser definida também uma relação de acessibilidade entre mundos, que cumpre um papel importante na semântica de Kripke, mas não entraremos aqui em detalhes a respeito dela.

²¹Lewis escreve: “[e]u advogo uma tese de pluralidade de mundos, chamada *realismo modal*, que afirma que nosso mundo é apenas um dentre muitos” (1986, p. 2).

descrição não se refere a ninguém.

O nome “Ernst Mayr”, por outro lado, não acompanha essa variação de referência apresentada pelas descrições definidas nos diferentes mundos possíveis. Aparentemente, utilizamos um nome como esse para nos referirmos ao *mesmo* indivíduo em todos mundos possíveis; afinal, mesmo na situação em que Ernst Mayr não tivesse sido um biólogo evolutivo, ele não deixaria de *ser* Ernst Mayr. Nós podemos, é claro, imaginar uma situação na qual Ernst Mayr *não se chamasse* Ernst Mayr, mas nem assim ele deixaria de ser essa pessoa que conhecemos no mundo atual como Ernst Mayr. Segundo Kripke, quando perguntamos, por exemplo, “poderia Ernst Mayr ter se tornado advogado, ao invés de biólogo?”, estamos fazendo uma pergunta sobre o *próprio* Ernst Mayr, e imaginando um cenário no qual *ele* é um advogado. Não estamos interessados no cenário no qual *o biólogo evolutivo mais longo*, seja quem for, é um advogado. Afinal, pode ser que, em algum mundo possível, o biólogo evolutivo mais longo seja Stebbins. Não estamos perguntando se Stebbins poderia ter sido advogado.

Kripke chama os termos que designam o mesmo indivíduo em todos mundos possíveis de *designadores rígidos*. Sendo assim, a principal tese de Kripke é a de que os nomes próprios, na maioria das vezes²², se comportam como designadores rígidos, enquanto as descrições definidas, usualmente, se comportam como *designadores não-rígidos*, porque designam indivíduos diferentes em diferentes mundos possíveis. Esse é o principal argumento que Kripke apresenta contra a tese de que nomes próprios podem ser identificados com descrições definidas.

Uma descrição definida pode ser transformada em um designador rígido se acrescentarmos a já mencionada qualificação “atual”, ou ainda “atualmente”, “no mundo atual”: se dissermos “a pessoa que atualmente escreveu *Dom Casmurro*”, estamos nos referindo a Machado de Assis, em todos mundos possíveis. De fato, um possível argumento em defesa do descritivismo russelliano é justamente o de que devemos entender os nomes próprios como descrições definidas. De qualquer maneira, a noção de descrição definida rigidificada será central para nossa teoria sobre os nomes próprios dos táxons biológicos.

Entretanto, dizer que os nomes próprios são descrições definidas rigidificadas não salva o descritivismo. Embora um argumento detalhado contra essa posição seja apresentado por Soames (2002, cap. 2), acreditamos que um exemplo do próprio Kripke é suficiente para derrotá-la. Trata-se do céle-

²²Exceções seriam aqueles casos em que certos nomes próprios são utilizados para resumir um conjunto de adjetivos, por exemplo, o nome “Einstein” em “João não é nenhum Einstein”; ou quando os nomes são usados como variáveis, como o nome “Fulano de Tal” em português. Entretanto, Kripke provavelmente diria que, nesses usos, essas palavras não são nomes próprios genuínos.

bre exemplo fictício que envolve Gödel e Schmidt (KRIPKE, 1980, p. 83ss). Kurt Gödel é o matemático austríaco conhecido por seu teorema que prova a incompletude da aritmética. Suponhamos que, à maneira descritivista, associemos a descrição definida “o homem que provou o teorema da incompletude da aritmética” ao nome “Gödel”. Agora digamos que se descubra que, na verdade, o autor desse teorema tenha sido um homem chamado “Schmidt”, que morreu em circunstâncias obscuras, e de quem Gödel tenha recebido o manuscrito referente ao teorema. Isso significa que o nome “Gödel” se refere a Schmidt, como defenderiam os descritivistas? Certamente não, responde Kripke; o nome “Gödel” se refere a Gödel em todos mundos possíveis, quer ele tenha sido o real autor do teorema da incompletude, quer não.

Parece que rigidificar a descrição só piora as coisas para o descritivista: associando “Gödel” a “o homem que *atualmente* provou o teorema da incompletude da aritmética”, a referência a Schmidt fica ainda mais forte. Há exemplos não-fictícios mencionados por Kripke que ilustram esse mesmo ponto. Costuma-se falar na “axiomática de Peano”, embora ela tenha sido desenvolvida por Dedekind (KRIPKE, 1980, p. 84). De modo semelhante, costumava-se atribuir a Cristóvão Colombo a descoberta do fato que a Terra é redonda, e a descoberta da América. Se formos descritivistas, escreve Kripke, então hoje temos que admitir que o nome “Cristóvão Colombo” se refere a algum grego da Antiguidade (para a Terra redonda) ou a algum escandinavo medieval (para a descoberta da América).

Kripke oferece algo como um teste para sabermos se uma expressão é um designador rígido: basta substituir *N* pelo termo em questão no esquema “*N* poderia não ter sido *N*” (KRIPKE, 1980, p. 49). Se houver uma leitura na qual o enunciado resultante faz sentido, então o termo não é um designador rígido. Por exemplo, “o autor de *Dom Casmurro* poderia não ter sido o autor de *Dom Casmurro*” pode ser lido naturalmente como “qualquer pessoa que, de fato, tenha escrito *Dom Casmurro*, poderia não tê-lo feito” (seja pelo fato de que outra pessoa teria escrito, ou pelo fato de que ninguém teria escrito). Por outro lado, “Machado de Assis poderia não ter sido Machado de Assis” não faz muito sentido. Em que circunstâncias Machado de Assis não seria Machado de Assis? A exploração desse tema leva Kripke a derivar uma posição *essencialista* a partir de sua teoria da referência (v. adiante).

A teoria causal-histórica da referência

Até agora, vimos os argumentos de Kripke contra a noção de que nomes próprios podem ser identificados com descrições definidas, mas nada foi dito a respeito de como Kripke explica os fenômenos de fixação e transmissão da referência. Em resposta a essas questões, Kripke esboça uma teoria que ficou conhecida como *causal-histórica*. Segundo Kripke, a fixação da referência

se dá por meio de um *batismo*, ou cerimônia de nomeação, e a transmissão da referência se dá simplesmente pelo fato de que as pessoas comunicam a referência do nome umas às outras. Em uma passagem clássica, Kripke argumenta convincentemente que a referência se explica pela existência de uma cadeia de comunicação que vai do batismo ao falante, e não porque o falante associa ao nome uma descrição dos feitos da pessoa nomeada:

Alguém, digamos, um bebê, nasce; seus pais o chamam por um certo nome. Eles falam sobre ele para seus amigos. Outras pessoas o conhecem. Através de vários tipos de fala o nome é passado de elo em elo como em uma cadeia [(*chain*)]. Um falante que está no extremo oposto dessa cadeia, que ouviu falar sobre, digamos, Richard Feynman, na feira ou em outro lugar, pode estar se referindo a Richard Feynman mesmo se não se lembrar de quem primeiro ouviu falar de Feynman [...]. Uma certa passagem de comunicação que remonta por fim ao próprio homem alcança o falante. (KRIPKE, 1980, p. 91)

Essa teoria é convenientemente resumida em uma passagem mais adiante:

Uma breve apresentação da teoria poderia ser a seguinte: um “batismo” inicial acontece. Aqui, o objeto pode ser nomeado por ostensão [isto é, apontando para o objeto], ou a referência do nome pode ser fixada por uma descrição. Quando o nome é “passado de elo para elo”, o aprendiz [(*receiver*)] do nome deve, penso, ao aprender o nome, pretender usá-lo com a mesma referência que a pessoa de quem aprendeu o usa. Se eu ouço o nome “Napoleão”, e decido que seria um nome legal para meu aardvark de estimação, não satisfaço essa condição. (KRIPKE, 1980, p. 96)

Essa teoria explica, então, como é possível que o falante que não consegue associar o nome “Feynman” a nenhuma descrição definida seja capaz de se referir a Feynman de maneira bem-sucedida. O uso do nome “Richard Feynman” por esse falante é o último elo em uma cadeia causal de comunicação que remonta ao próprio batismo de Feynman, talvez feito por seus pais.

Por outro lado, o exemplo do uso de “Napoleão” para nomear um aardvark de estimação não é tão feliz. Esse exemplo deveria ser justamente sobre a quebra da cadeia causal de comunicação referente ao nome “Napoleão”, mas ele acaba mostrando como uma nova cadeia é criada. Afinal, supostamente irei apresentar meu aardvark para meus amigos, que por sua vez transmitirão o nome para outras pessoas, e assim por diante. Um exemplo melhor teria sido se o próprio Napoleão, ao invés de retornar de Elba, fugisse para o Brasil e se

apresentasse com outro nome, digamos “Pierre”. Fugitivos criminosos deliberadamente quebram a cadeia causal de comunicação que os associa a seus nomes próprios; o nazista Josef Mengele, por exemplo, viveu na América do Sul após a II Guerra utilizando nomes falsos.

Parece difícil imaginar uma situação de quebra da cadeia causal de referência que não envolva também uma quebra da capacidade de outros falantes em *reconhecer* o portador do nome, e isso conta como um ponto a favor de Frege. Se, como quer Kripke, a dimensão epistêmica dos nomes próprios não cumprisse qualquer papel na determinação da referência, haveria pouco sentido na adoção de pseudônimos e heterônimos. Se Fernando Pessoa escreveu o poema “Tabacaria” sob o heterônimo “Álvaro de Campos” é porque ele quis que, de algum modo, a autoria desse poema ficasse associada a esse nome. Do mesmo modo, ao adotar o nome falso “Wolfgang Gerhard”, o que Josef Mengele queria era evitar que os feitos associados ao nome “Josef Mengele” fossem relacionados à sua pessoa. Veremos como esse tipo de consideração pode levar a uma teoria híbrida da referência na seção 2.4.4.

Em suma, Kripke afirma que os nomes próprios são designadores rígidos, isto é, designam o mesmo indivíduo em todos mundos possíveis. Os nomes próprios não podem ser sinônimos de descrições definidas, como defendia Russell, porque elas são designadores não-rígidos, ou seja, sua referência muda de um mundo possível para outro. A referência de um nome próprio é fixada por um ato de batismo, e então transmitida por uma cadeia causal de comunicação relativamente independente de descrições ou representações do objeto nomeado. Por promover, de certa forma, um retorno à concepção milliana dos nomes próprios, a teoria de Kripke torna-se vulnerável aos problemas colocados por Russell e Frege. Vejamos a seguir como Kripke deriva um essencialismo a partir de sua teoria da referência.

Da teoria da referência ao essencialismo

O que faria, então, com que uma coisa deixasse de ser o que ela é? Para resolver essa situação limítrofe, Kripke afirma que qualquer coisa que tivesse uma *origem* diferente da que teve no mundo atual não seria *esse* objeto (1980, p. 113). Kripke apresenta apenas esboços de argumentos para defender essa posição, que ficou conhecida como *essencialismo de origem*. A tese do essencialismo de origem é uma tese metafísica que, embora seja supostamente derivada de uma teoria da referência, depende da aceitação de um pressuposto oculto que já é, ele próprio, essencialista (SALMON, 2005).

O que Kripke considera propriedades essenciais de um objeto são propriedades necessariamente atribuídas àquele objeto, isto é, aquelas que o objeto apresenta em todos os mundos possíveis. De acordo com Salmon (2005), as propriedades essenciais de Kripke podem ser divididas em triviais e não-

triviais. Um exemplo de propriedade trivialmente essencial são as identidades necessárias *a posteriori*. Tais identidades ocorrem nos casos em que dois nomes se referem ao mesmo objeto; por exemplo, “Héspero” e “Fósforo” são dois antigos nomes para o planeta Vênus. Dessa constatação, podemos formular a sentença:

(3) Héspero é idêntico a Fósforo.

Devido ao fato de que Héspero e Fósforo são dois nomes próprios, nomeiam a mesma entidade em todos os mundos possíveis; portanto, a sentença é verdadeira em todos os mundos possíveis. Sendo que uma sentença é necessariamente verdadeira se for verdadeira em todos os mundos possíveis, então a sentença é necessariamente verdadeira. Assim, “ser idêntico a Fósforo” ou “ser um planeta, se Fósforo o for” são propriedades trivialmente essenciais de Héspero (SALMON, 2005, p. 83).

Uma propriedade essencial não-trivial é a essencialidade da origem, que pode ser expressa como a idéia de que a origem de um objeto determina a identidade desse objeto. Kripke afirma que, se um organismo não tivesse se originado dos gametas dos quais de fato se originou, não seria o mesmo indivíduo. Para citar o exemplo de Kripke: se a rainha Elizabeth II não tivesse se originados dos gametas dos quais se originou no mundo atual, não seria essa mesma pessoa. Escreve Kripke:

Como poderia uma pessoa que tivesse se originado de pais diferentes, a partir de um espermatozoide e de um óvulo totalmente diferentes, ser *esta mesma mulher*? Alguém pode imaginar, *dada* a mulher, que várias coisas na vida dela poderiam ter mudado: que ela tivesse se tornado uma mendiga; que o sangue real dela tivesse permanecido desconhecido, e assim por diante. [...] Mas o que é mais difícil é imaginar que ela tivesse nascido de pais diferentes. Me parece que qualquer coisa que tivesse se originado de maneira diferente não seria esse objeto. (KRIPKE, 1980, p. 113, grifos no original)

Nathan Salmon, que analisa detalhadamente o argumento de Kripke em favor da essencialidade da origem, conclui que é preciso postular algo como uma essência individual para que tal argumento funcione. Para entender esse ponto, seguiremos a reconstrução de Salmon (2005, p. 172) do exemplo de Kripke a respeito de uma mesa e sua origem (1980, p. 114n). Suponhamos que “Cavaco” seja o nome próprio de uma mesa de madeira que está diante de nós, e que “esta mesa” seja um designador rígido²³ sinônimo de “Cavaco”.

²³Um demonstrativo pode ser transformado em um designador rígido através do recurso ao operador “*dthat*” (KAPLAN, 1989).

Podemos, então, formular o seguinte argumento (“EC” para “Essência de Cavaco”):

- (EC) P₁ Necessariamente, Cavaco é esta mesa.
 P₂ Esta mesa foi originalmente construída do pedaço de madeira *M*.
 P₃ “Ser a mesma mesa que *x*” consiste, pelo menos em parte, em ter a mesma composição material original que *x*.
 ► Necessariamente, Cavaco foi originalmente construída do pedaço de madeira *M*.

A forma desse argumento é o que Salmon chama de *mecanismo-I*, porque deriva o essencialismo de origem para *indivíduos* a partir da teoria da referência dos nomes próprios²⁴. O argumento parece derivar uma propriedade essencial não-trivial (enunciada na conclusão) de uma propriedade essencial trivial (P₁). A pergunta de Salmon é se o raciocínio é válido, ou seja, se não há nenhuma premissa que envolva, tacitamente, uma pressuposição essencialista não-trivial. P₂, assim como P₁, é uma identidade necessária *a posteriori*, portanto, envolve apenas uma propriedade trivialmente essencial. O problema está no salto da P₃ para a conclusão (SALMON, 2005, p. 182), que envolve o seguinte pressuposto essencialista não-trivial (“EOM” para “Essencialismo de Origem para Mesas”):

- (EOM) Se é possível que uma mesa *x* seja originalmente construída de um pedaço de matéria *y*, então, necessariamente, qualquer mesa originalmente construída a partir de *y* é a mesma mesa, e não outra. (SALMON, 2005, p. 206)

Portanto, segundo Salmon, não há como derivar um essencialismo não-trivial somente a partir da teoria da referência e de constatações empíricas. Em argumentos que têm a mesma forma do argumento (EC), acima, o essencialismo não-trivial é sub-repticiamente injetado através de pressupostos como a essencialidade de origem para mesas (EOM). De um modo mais geral, podemos formular o seguinte princípio de essencialidade da origem:

- (EO) Se for possível, para um indivíduo *x*, que ele tenha a origem *y*, então necessariamente qualquer coisa que tenha a origem *y* é esse mesmo indivíduo *x*.

Esse princípio é, acredito, algo como uma forma geral para enunciar *critérios de identidade* essencialistas de origem. Porém, não vemos como seja possível definir um critério de identidade de modo independente de um contexto

²⁴O mecanismo correspondente para classes naturais é o mecanismo-K, de “kinds”.

teórico. E o problema com o argumento de Kripke é justamente esse: falha ao supor que há um contexto teórico no qual os critérios de identidade para objetos materiais (como mesas) são definidos de maneira não-controverosa. Kripke dispara um critério de identidade para mesas (EOM) apelando apenas à intuição. Nossa opinião é que critérios de identidade não podem ser tirados da intuição, mas sim derivados dos contextos teóricos relevantes. Como não há um contexto teórico claro para falarmos sobre mesas e cadeiras, não temos como dizer se uma mesa feita de um material diferente seria ou não Cavaco. Afinal, poderíamos inventar um contexto teórico no qual “ser a mesma mesa que x ” envolve “ter a mesma função que x ”. Esse ponto é importante porque, ao discutirmos o critério de identidade para táxons, veremos que é preciso ou derivá-lo do contexto teórico da biologia evolutiva, ou então explicar como é possível fazer referência bem-sucedida a objetos teóricos sem ter critérios de identidade.

2.4.3 Putnam: a teoria causal aplicada aos termos para classes naturais

O próprio Kripke esboçou uma aplicação de sua teoria para os termos que denotam classes naturais (1980, p. 116ss). Essa aplicação, sobretudo na versão desenvolvida por Putnam (1975), é importante para os propósitos do presente trabalho, pois nela transparece a relação dessa teoria da referência com os nomes dos táxons. Kripke e Putnam consideram os táxons biológicos como classes naturais, não como indivíduos, mas, pelo fato de que sua teoria trata os termos para classes naturais de modo idêntico aos nomes próprios, ela pode ser representada diante da tese da individualidade dos táxons²⁵.

Segundo Kripke, os termos que denotam classes naturais também são designadores rígidos, e têm sua referência fixada de modo semelhante aos nomes próprios. É pelo fato de alguém ter batizado o ouro de “ouro”, e de que há uma cadeia causal ininterrupta de comunicação que nos liga a esse evento, que utilizamos o termo para nos referirmos a esse metal. O batismo pode ocorrer pelo contato com amostras da classe natural, ou por meio de uma descrição. Porém, independentemente de como a referência foi fixada, um termo que denota uma classe natural, para Kripke, não tem qualquer conteúdo descritivo. Kripke afirma em diversos trechos (1980, p. 140, 162) que os termos para classes naturais são designadores rígidos, mas não fornece argumentos nem definições adicionais para sustentar esse ponto (SOAMES, 2002, p. 245).

Diante disso, apresentaremos aqui a versão de Putnam da teoria causal-histórica para classes naturais, embora haja diferenças significativas entre ela

²⁵Retornaremos a essa reformulação no capítulo seguinte. Teorias de inspiração causal histórica para nomes de táxons são desenvolvidas por Devitt (2008), LaPorte (2004), mas ficaremos com a versão de Okasha (2002).

e a teoria de Kripke (HACKING, 2007). A teoria de Putnam é pensada como uma crítica a duas tese bastante difundidas, porém nem sempre aceitas conjuntamente, na filosofia da linguagem da época. A primeira é a tese de que os significados dos termos são intensões, condições necessárias e suficientes que permitem determinar as extensões. A segunda é a tese, atribuída por Putnam a Frege e Carnap, de que conhecer um significado envolveria “apreendê-lo” mentalmente, e equivaleria a estar em determinado estado psicológico.

Putnam reconhece que atribuir essa tese a Frege parece conflitar com o anti-psicologismo manifesto por este autor. Afinal, o que Putnam está chamando de estado mental é justamente o que Frege chamou de *ideia*, e fez questão de enfatizar que a ideia não determina o sentido de um termo. Por sua vez, Putnam chama o *sentido* fregeano de “entidade platônica”, e escreve que estados psicológicos (ideias) e entidades platônicas (sentidos) estariam em uma relação de correspondência de um para um. Portanto, ao fim e ao cabo, essa formulação não trai o anti-psicologismo de Frege, pois os estados psicológicos continuam sendo públicos, como queria Frege, no sentido de que várias pessoas que apreendem um mesmo sentido estão no *mesmo* estado psicológico. Assim, tomar o estado psicológico ou a entidade platônica como “o significado” de um termo parece ser uma questão de convenção (PUTNAM, 1975, p. 222).

O problema, para Putnam, é que essas duas teses, tomadas conjuntamente, implicam que a extensão de um termo é determinada por um estado psicológico²⁶, e essa consequência é inaceitável (1975, p. 222). Talvez seja útil aqui adiantar como esse autor concebe o *significado* de um termo para uma classe natural: Putnam não rejeita a tese de que algo como a intensão determina a extensão, mas afirma que esse processo é mediado por um regime de cooperação linguística que envolve pesquisa empírica. O significado de um termo, de acordo com Putnam, não é um único objeto, mas um *vetor* cujos componentes incluem:

- (1) os marcadores sintáticos que se aplicam à palavra, por exemplo, “substantivo”;
- (2) os marcadores semânticos que se aplicam à palavra, por exemplo, “animal”, “período de tempo”;
- (3) uma descrição de características adicionais do estereótipo, se houver;
- (4) uma descrição da extensão. (PUTNAM, 1975, p. 269)

Os componentes (1) a (3) representam uma hipótese sobre o que um falante deve conhecer para utilizar o termo de modo competente. A determi-

²⁶Parece-nos, entretanto, que Frege jamais sustentaria isso. Um movimento possível para o fregeano é atacar a premissa de Putnam de que há uma relação de determinação que vai do estado psicológico para a “entidade platônica”. Parece que Putnam só aceita isso por não conceber que os sentidos não são nem entidades, nem platônicos. Suspeitamos que aquilo que Putnam chama de *significado* seja perfeitamente compatível com o sentido fregeano.

nação exata da extensão de um termo vai sendo descoberta por uma comunidade de falantes como resultado da pesquisa empírica. Para citar um exemplo rápido, a descrição da extensão do termo “ouro” como “aquilo composto de átomos tendo número atômico 79” não era conhecida no momento em que o termo foi introduzido na linguagem, mas sim é resultado da pesquisa empírica. O importante a se perceber, nesse momento, é que a extensão é parte do significado de um termo, então, para usar o *slogan* de Putnam, “os significados simplesmente não estão na cabeça” (1975, p. 227).

Para demonstrar esse ponto, Putnam apresenta o célebre experimento mental da Terra Gêmea (1975, p. 223). Consideremos que, em algum lugar da galáxia, haja um planeta praticamente idêntico à Terra, até no fato de que cada terráqueo tem um sócia nessa Terra Gêmea. As línguas da Terra Gêmea, as nacionalidades e países, são idênticos aos da Terra. Contudo, há uma diferença importante entre a Terra e a Terra Gêmea: lá, o líquido chamado de “água” não tem a estrutura química H_2O , mas sim XYZ. Não obstante, a substância XYZ é completamente indistinguível da água em todas suas características superficiais, é insípida, inodora e incolor, e mata a sede como a água. Na Terra Gêmea, chove XYZ, XYZ corre pelos rios e constitui os lagos e mares.

Uma expedição de astronautas terráqueos à Terra Gêmea, após analisar a estrutura química do líquido que lá é chamado de água, poderia relatar o seguinte:

- (1) Na Terra Gêmea, a palavra “água” significa XYZ.

Simetricamente, uma expedição de nativos da Terra Gêmea, ao visitar a Terra, poderia relatar:

- (2) Na Terra, a palavra “água” significa H_2O .

Até aqui, esse cenário de ficção científica tem por objetivo mostrar que a extensão de um termo é parte do significado desse termo. Afinal, levando em consideração os relatos dos dois grupos de cientistas, diríamos a palavra “água” tem dois significados diferentes. A extensão do termo “água”, na Terra, é o conjunto de moléculas de H_2O , enquanto a extensão desse termo na Terra Gêmea corresponde ao conjunto de moléculas de XYZ.

Em um segundo momento do cenário de Putnam, ele solicita que voltemos no tempo até por volta de 1750, época anterior à descoberta da estrutura química da água tanto na Terra quanto na Terra Gêmea. Agora, suponhamos que nessa época haja um terráqueo, Oscar₁, que tenha um duplo, Oscar₂, na Terra Gêmea. Esses dois indivíduos são idênticos em todos os aspectos relevantes para o exemplo — falam a mesma língua, têm os mesmos pensamentos e sentimentos. Desse modo, qualquer crença que Oscar₁ tiver sobre o termo

“água” também é compartilhada por Oscar₂. Obviamente, em 1750, a extensão do termo “água” já era H₂O na Terra e XYZ na Terra Gêmea.

Sobre esse segundo momento do experimento mental, Putnam entende que ele serve para refutar a tese de que a determinação da extensão de um termo é determinada por um estado psicológico:

Oscar₁ e Oscar₂ entendiam o termo “água” de modo diferente em 1750 *embora estivessem no mesmo estado psicológico*, e embora, dado o estado da ciência na época, levaria mais ou menos cinquenta anos para que suas comunidades científicas descobrissem que eles entendiam o termo “água” diferentemente. Assim, a extensão do termo “água” (e, de fato, seu “significado” no uso intuitivo e pré-analítico desse termo) *não é simplesmente uma função do estado psicológico do falante.* (PUTNAM, 1975, p. 224)

A seguir, Putnam explica o que está envolvido na fixação da referência de um termo de classe natural. Suponhamos que alguém forneça uma definição ostensiva do termo “água” apontando para um copo d’água e dizendo “este líquido é água”. Putnam percebe o problema *qua*, e afirma que essa definição depende de que o líquido que eu estou apontando mantenha uma certa relação de semelhança²⁷, “mesmo_L” (“mesmo líquido”), com as demais amostras da substância que eu e outros falantes em minha comunidade linguística chamamos de “água”. Desse modo, a definição ostensiva veicula um critério de identidade, ou seja, uma condição necessária e suficiente para que algo seja água: para que uma substância seja água, é necessário e suficiente que ela mantenha a relação mesmo_L com o líquido que está no copo.

Então, como é possível que Oscar₁ e Oscar₂ se referiam a coisas diferentes ao usar a palavra “água” em 1750? Putnam responde da seguinte forma:

O ponto chave é que a relação mesmo_L é uma relação *teórica*: [dizer] se algo é ou não o mesmo líquido que *este* pode tomar uma quantidade indeterminada de investigação científica para determinar. (PUTNAM, 1975, p. 225)

Desse modo, um único falante, com seus estados psicológicos, é incapaz de determinar as extensões dos termos que utiliza. Ao aprender a palavra “ouro”, um falante não precisa adquirir um método preciso de identificação que permita determinar se algo é ou não feito de ouro. Isso é perfeitamente compatível com o que Frege afirma sobre o sentido. Para o falante normal, o sentido de “ouro” talvez correspondesse ao que Putnam chama de “características superficiais”. O químico associa um sentido diferente a esse termo,

²⁷Note-se que Putnam também parece supor que a identidade é relativa, ou pelo menos que há identidades relativas.

mas essa seria justamente a explicação fregeana para o fato de que “ouro é o elemento com número atômico 79” é uma identidade informativa, enquanto “ouro é ouro” é trivial.

Para Putnam, critérios mais precisos que permitem identificar se algo cai ou não sob a extensão de um termo estão presentes na comunidade linguística como um todo — há especialistas que sabem diferenciar ouro de ouro de tolo (pirita), olmos de faias, molibdênio de alumínio. Com isso, de acordo com Putnam há uma *divisão de trabalho linguístico*, de modo que toda comunidade linguística tem termos cujos critérios de aplicação são dominados apenas por um subconjunto dos falantes — os especialistas. O uso desses termos pelos falantes “leigos” depende de uma cooperação estruturada com os especialistas (1975, p. 228). As palavras são frequentemente comparadas a ferramentas como martelos, que podem ser operadas por uma única pessoa; Putnam compara os termos para classes naturais a navios a vapor, que precisam da atividade cooperativa e especializada de um certo número de pessoas para que possam funcionar.

Para finalmente mostrar a semelhança de sua abordagem com a de Kripke, Putnam retoma o caso da definição ostensional do termo “água”, introduzindo agora uma linguagem modal. Sejam W_1 e W_2 dois mundos possíveis nos quais ocorre uma situação de definição ostensional do termo “água” mediante uma amostra de um líquido, que é H_2O em W_1 (o mundo atual) e XYZ em W_2 . Nestas circunstâncias, há duas teorias possíveis sobre o significado do termo “água”:

- (1) Ele pode significar “o mesmo líquido que *este* (apontado em um mundo possível qualquer)”; nesse caso, o significado é o mesmo nos dois mundos, mas é relativo ao mundo em que a ostensão é feita.
- (2) Ele pode significar “o mesmo líquido que *este* (apontado no mundo atual W_1)”; aí, o significado é diferente de um mundo para outro.

Na formalização sugerida por Putnam (1975, p. 231), os enunciados ficam respectivamente,

- (1') (Para todo mundo W) (Para todo x em W) (x é água se e somente se x mantém a relação mesmo_L com a entidade referida como “isto” em W)
- (2') (Para todo mundo W) (Para todo x em W) (x é água se e somente se x mantém a relação mesmo_L com a entidade referida como “isto” *no mundo atual* W_1)

A teoria de Putnam é a do segundo tipo (exemplificada por 2 e 2'), ou seja, afirma que quando utilizamos um indexical (“isto”) para definir um termo ostensionalmente, esse indexical é usado de maneira rígida. Desse modo, ele designa, em todos mundos possíveis, qualquer coisa que mantenha a relação de semelhança relevante com a amostra apontada. Quando uma

suposta classe natural é batizada por um nome, se supõe, segundo Putnam, que haja algo como uma “estrutura escondida”, ou essência, que explique as características superficiais observadas nas amostras dessa classe. No caso da água, essa estrutura escondida é a fórmula química H_2O ; para o ouro, trata-se do número atômico 79; para seres vivos como tigres, gatos e limões, Putnam afirma que a estrutura escondida seria o genoma (1975, p. 239).

Para fazer justiça à teoria de Putnam, alguns esclarecimentos devem ser feitos neste momento. Primeiro, nem tudo que se supõe ser uma classe natural tem de fato uma estrutura escondida. Putnam cita o clássico exemplo da jade, que, hoje se sabe, corresponde na verdade a dois minerais com estruturas químicas diferentes, a jadeíta e a nefrita. Em segundo lugar, a estrutura escondida, se existir, é o que determina a extensão *a despeito de se a conhecermos ou não*. Porém, ao conhecermos a estrutura escondida, o termo que denota a classe natural *não* passa a ser sinônimo de uma descrição dessa estrutura (PUTNAM, 1975, p. 240). Por mais que alguns especialistas talvez conheçam o genoma dos limões, o termo “limão” continua denotando algo que seja suficientemente semelhante nos aspectos superficiais a uma determinada amostra de limão.

Conforme resume Putnam,

A extensão de nossos termos depende da real natureza [*actual nature*] das coisas particulares que servem como paradigmas, e essa natureza real não é, em geral, plenamente conhecida pelo falante. (PUTNAM, 1975, p. 245)

Para concluir, então, Putnam afirma que o *significado* de um termo não é plenamente redutível nem à intensão, nem à extensão, mas é algo como uma ênupla ordenada, ou um vetor, no qual um dos componentes é a extensão. Eis como Putnam (1975, p. 269) escreve que poderia ser esse vetor para o termo “água”, pelo menos parcialmente:

MARCADORES SINTÁTICOS	MARCADORES SEMÂNTICOS	ESTEREÓTIPO	EXTENSÃO
substantivo de massa, concreto	classe natural, lí- quido	incolor, inodoro, transparente, etc.	H_2O

Em suma, a teoria de Putnam parece um pouco mais sofisticada que a de Kripke, porque não caracteriza a origem como critério de identidade irrestritamente válido. Para Putnam, a relação de identidade que determina se uma amostra cai sob a extensão de um termo de classe natural depende do contexto teórico no qual a classe natural em questão é estudada. Assim, para Putnam, é a biologia que deve determinar o que significa “pertencer à mesma

espécie”, a despeito de como usamos os termos que nomeiam espécies. Em outras palavras, a relação que poderíamos chamar de “mesma_E” (“mesma espécie”) é determinada por uma teoria científica, e nosso objetivo aqui é justamente caracterizar como seria essa relação.

2.4.4 Evans: o papel da comunidade linguística na determinação da referência

Se Putnam apresentou uma teoria na qual a cooperação ao interior de uma comunidade linguística é relevante para a determinação do significado de termos para espécies naturais, Gareth Evans desenvolveu uma teoria semelhante para os nomes próprios. Evans (1985a) levanta uma série de exemplos envolvendo mudanças na denotação de um nome, que o levam a elaborar uma teoria “híbrida” da referência que toma em conta tanto aspectos causais quanto representacionais. Evans concorda com o esforço de Kripke em evitar que algum objeto completamente desconexo da comunidade de um falante acabe sendo o referente de um nome usado por ele simplesmente porque esse objeto satisfaz melhor do que qualquer outro um conjunto de descrições associadas ao nome (EVANS, 1985a, p. 12). Porém, Evans escreve:

parece-me que ele [Kripke] localizou erroneamente [*has mislocated*] a relação causal; a relação causal importante se situa entre os estados e feitos daquele objeto e o *corpus* de informação do falante — não entre o fato de o objeto ter sido batizado com um nome e o uso contemporâneo que o falante faz dele [do nome]. (EVANS, 1985a, p. 13)

Assim como Putnam associa um estereótipo ao significado de um termo, Evans dirá que uma comunidade de falantes vincula, a um nome próprio, um conjunto de conhecimentos — um “dossiê” — a respeito de seu portador. Contudo, tal dossiê não pode ser entendido como um conjunto de descrições definidas *à la* Searle; não é a satisfação das descrições presentes em um dossiê que garante que o nome se refira a seu portador. Conforme veremos, o conjunto de descrições presentes em um dossiê influencia as intenções dos falantes, o que por sua vez produz o fenômeno da denotação.

A teoria desenvolvida por Evans não é nem puramente causal, nem puramente descritivista, mas híbrida. Aos descritivistas, ele concede que o corpo de informação sobre um objeto disponível a um falante tem um papel na determinação da denotação, embora a relação seja mais complexa que uma simples satisfação de descrições. Aos teóricos da abordagem causal, concede uma posição central à comunidade linguística e às cadeias de comunicação que se desenvolvem ao interior dela.

Mas Evans começa apontando o que ele considera errado nas teorias descritivista e causal. Para o autor, as condições que essas duas teorias estipulam para que um nome denote um objeto estão ambas erradas e, em cada um dos casos, não são nem necessárias, nem suficientes. Evans mostra isso através de contraexemplos, dos quais reproduziremos apenas alguns.

Começemos, então, pelas objeções à teoria descritivista. Conforme mencionamos acima, Evans sustenta que Kripke ataca apenas aquela versão da teoria descritivista que leva em conta as descrições associadas por *um único falante* a um nome. Feita essa ressalva, a condição estipulada pela teoria descritivista nesses moldes seria algo do tipo:

(TD) Um nome próprio n denota x em uma ocasião particular de seu uso por um falante S [**se e/ou somente se**] x for o único objeto que satisfaça todas ou a maior parte das descrições ϕ de tal modo que S concordaria com “ n é ϕ ”.

Utilizamos a expressão em negrito e entre colchetes para indicar ambiguidade em relação ao estatuto da condição à direita: ela pode ser suficiente (“se”), necessária (“somente se”), ou necessária e suficiente (“se e somente se”). Segundo Evans, o exemplo de Kripke sobre o homem que não sabe identificar Feynman mostra que a condição à direita em **(TD)** não é necessária. E, por sua vez, se concordarmos que “o homem que provou o teorema da incompletude da aritmética” não denota Schmidt no exemplo sobre Gödel e Schmidt, a condição não é suficiente.

Vejamos o que Evans diz sobre a condição proposta pela teoria causal-histórica. Ela seria algo assim:

(TC) Um nome próprio n denota x em uma ocasião particular de seu uso por um falante S [**se e/ou somente se**] “houver uma cadeia causal de *elos preservantes de referência* levando de seu uso naquela ocasião até o momento em que o próprio item x esteve envolvido em uma transação de aquisição de nome tal como um batismo explícito ou o processo mais gradual pelo qual os nomes se estabelecem [*stick*]” (EVANS, 1985a, p. 6).

Consideremos primeiro o caso em que a condição é considerada *suficiente*. Contra essa possibilidade, Evans (1985a, p. 6–7) apresenta o seguinte exemplo: imaginemos que um sujeito S , em um bar, ouça pessoas conversando sobre um certo Louis a respeito de quem S nunca tenha ouvido falar. Mesmo sem saber de quem as pessoas estão falando, S pode se intrometer na conversa e perguntar “o que Louis fez então?”; parece que não há questão de que S denota um certo indivíduo e pergunta a respeito dele. Do mesmo modo, S pode subsequentemente comentar “Louis estava certo em fazer isso”. Até

aqui, o sucesso de *S* em se referir a Louis poderia ser explicado pelo fato de que a condição à direita de (TC) parece ser suficiente. A teoria descritivista, em contraste, falharia em explicar esse caso, já que *S* pode não ter associado nenhuma descrição ao nome “Louis”, ou ainda associado descrições que são satisfeitas por um outro indivíduo.

Agora, digamos que os participantes daquela conversa na mesa de bar estivessem falando de Louis XIII, mas que *S* tenha saído da conversa sem entender isso. E imaginemos que muito tempo depois dessa conversa, tendo já esquecido dela, em um contexto de conversa totalmente diferente e como resultado de uma confusão, *S* afirme “Louis era um jogador de basquete”. Ora, se aceitarmos que a condição estipulada em (TC) é suficiente, isso tem o resultado indesejável de que *S* estava, nessa segunda ocasião, dizendo que Louis XIII era um jogador de basquete. É claro, ressalta Evans, não há nenhum argumento definitivo para mostrar que essa conclusão é inaceitável; apenas não faz muito sentido dizer que *S* estivesse se referindo especificamente a Louis XIII, e não Louis XVI ou outro rei da França, ou ainda qualquer outra pessoa com o nome “Louis” (digamos, Louis Williams, que de fato é um jogador de basquete).

O que houve de errado aí? O diagnóstico de Evans é o seguinte:

A Teoria Causal novamente ignora a importância do contexto circundante, e vê a capacidade de denotar algo como um truque mágico que foi, de algum modo, passado adiante, e que uma vez passado adiante não pode ser perdido. Ao invés disso, deveríamos dizer: em virtude do contexto no qual o homem [*S*] se encontrava, as disposições dele estavam inclinadas em direção a um homem em particular — Louis XIII — cujos estados e feitos seriam os únicos que ele [*S*] contaria como servindo para verificar apontamentos feitos naquele contexto usando aquele nome. (EVANS, 1985a, p. 8)

A condição estipulada à direita de (TC) tampouco é *necessária* para que alguém denote algo por um nome. Para mostrar isso, Evans alude às convenções de nomeação de uma certa tribo chamada Wagera, descrita pelo etnógrafo Delhaise (EVANS, 1985a, p. 10). De acordo com essas convenções, qualquer filho primogênito recebe o nome de seu avô paterno, o segundo filho recebe o nome do irmão mais velho de seu pai, e o terceiro do avô materno. O ponto é que, de posse do conhecimento de o nome do avô paterno de uma criança, um falante *S* pode deduzir o nome dessa criança, ou seja, não é necessário que *S* esteja inserido em uma cadeia causal de comunicação que remonta ao batismo da criança. O mesmo ocorre com as convenções de nomeação dos eslavos orientais: na Rússia, por exemplo, o nome do meio de uma pessoa qualquer é sempre o patronímio (primeiro nome do pai dessa pessoa). Sendo

que o nome completo de Dostoievski era “Fiodor Mikhailovich Dostoievski”, o falante conhecedor dos costumes russos pode inferir que o primeiro nome de seu pai era Mikhail, sem estar inserido na cadeia causal de comunicação que remonta ao batismo de Mikhail.

Com estes exemplos, Evans pretende mostrar que tanto as condições estabelecidas por (TD) quanto aquelas estabelecidas por (TC), não importando se entendidas como necessárias ou suficientes, são inadequadas para explicar a referência. A partir daí, Evans passa ao desenvolvimento de uma teoria da referência na qual os processos de fixação da referência, e os processos pelos quais a referência é preservada ou mudada, são os mesmos. Evans insiste que é errado supor, como o fazem os defensores da teoria causal, que, uma vez fixada a referência, ela é apenas propagada, sem se alterar.

Há uma série de exemplos simples aos quais Evans aduz para mostrar isso (1985a, p. 11–13); mencionarei apenas dois deles. Primeiro, Evans escreve que o nome “Madagascar” se referia a uma parte continental da África (acredita-se que se trate de Mogandishu), e que a atual referência à ilha de Madagascar resulta de um mal-entendido cometido por Marco Polo. O segundo exemplo é o de que, na lenda original do rei Arthur, ele tinha um filho chamado “Anir”; mais tarde, esse nome ficou conhecido com o nome do suposto local onde o rei Arthur está enterrado.

Da teoria descritivista, Evans incorpora a intuição de que a denotação de um nome é determinada por aquilo que uma comunidade de falantes *pretende* que ela seja, e isso depende de um corpo de conhecimento sobre o objeto nomeado. Evans coloca bastante ênfase na *intenção* do falante e de sua comunidade na determinação da referência. Porém, Evans rejeita a ideia descritivista de que esse processo depende, de algum modo, do *encaixe* (*fit*) de um objeto em um conjunto de descrições (1985a, p. 12). Da teoria causal, o autor incorpora a ideia de que deve haver uma interação causal entre o item referido e o falante, mas localiza essa interação no fato de que o item é uma — não necessariamente a única — *fonte dominante* do conhecimento associado ao nome.

É fundamental que abandonemos o caso solipsista do uso de um nome próprio por um único falante. A partir do momento em que um nome próprio é usado em uma comunidade para se referir a um objeto, a interação causal repetida do objeto com os membros da comunidade vai gerando fragmentos de conhecimento que vão sendo associados pela comunidade ao nome, formando algo como um “dossiê”. As interações causais que produzem conhecimento sobre o objeto são chamadas por Evans de “transações coletoras de informação” (*information-gathering transactions*), e não é necessário que o conhecimento produzido nessas interações seja verdadeiro. No caso de pessoas, as transações coletoras de informação geralmente envolvem contato perceptivo com a própria pessoa, mas podemos também saber algo sobre ela

“revistando sua pasta ou lendo suas obras” (EVANS, 1985a, p. 15). Porém, nada impede que um sujeito *A*, ao fumar cigarros franceses, seja a fonte da crença de *S* de que “*A* fuma cigarros gregos”.

Tampouco é necessário que a informação coletada em um dossiê seja sobre um único objeto. Lendas e erros de identificação podem fazer com que diferentes objetos contribuam para o dossiê associado por uma comunidade a um único nome. O Gödel de Kripke foi a fonte da crença de que “Gödel provou o teorema da incompletude”. Dessa forma, “um agregado ou dossiê de informação pode ser predominantemente *sobre* um item embora ele contenha elementos cuja fonte é diferente” (EVANS, 1985a, p. 16). E erros de identificação repetidos podem fazer com que um dossiê contenha predominantemente informações que sejam verdadeiras sobre um item diferente daquele que originou o dossiê.

Digamos que, durante o exílio na ilha de Elba, em 1814, um sócia tenha assumido o papel de Napoleão e retornado para a França para governar o país como imperador. O dossiê do historiador típico, escreve Evans, seria “predominantemente sobre o homem reponsável pelos feitos anteriores [...], e diríamos que ele então teria crenças falsas a respeito de quem lutou em Waterloo” (EVANS, 1985a, p. 16–7). Em contraste, se o sócia tivesse assumido o papel de Napoleão desde 1793, o historiador não teria crenças falsas a respeito do general em Waterloo, mas sobre a carreira desse general no período anterior a 1793.

Desses exemplos, Evans colhe a tese de que “*em geral* um falante pretende se referir ao item que é a fonte dominante de seu corpo de informações associado” (1985a, p. 17). A palavra chave aí é “pretende”: as intenções dos falantes obedecem, ao mesmo tempo, às determinações epistemológicas do dossiê coletado a respeito de um objeto, e ao jogo causal-histórico do uso de um nome por uma comunidade. Assim, essa preocupação pelas intenções dos falantes é o aspecto que permite que Evans reconcilie aspectos descritivistas e causal-históricos.

Tendo isso em mente, vejamos o resumo que o próprio Evans faz de sua teoria:

“NN” é um nome de *x* se há uma comunidade *C*

1. na qual é conhecimento comum que os membros de *C* têm em seu repertório [de práticas] o procedimento de usar “NN” para se referir a *x* (com a intenção de se referir a *x*)
2. [na qual] se pretende que o sucesso da referência em cada caso particular dependa do conhecimento comum entre falante e ouvinte de que “NN” foi usado para se referir a *x* por membros de *C*, e não do conhecimento comum da

satisfação por x de algum predicado embutido em “NN”.
(EVANS, 1985a, p. 18)

Essa definição garante que um falante não precise ter conhecimento discriminatório do referente (como no exemplo de Kripke sobre Feynman) para que seja bem-sucedido ao usar um nome. Basta que ele tenha a intenção de se engajar na prática do uso do nome que for corrente em uma comunidade.

Outra vantagem é que essa teoria permite que uma comunidade use um nome para se referir a alguém mesmo que esse não seja, de fato, o nome dessa pessoa. Consideremos o caso em que é descoberta uma urna no Mar Morto contendo um manuscrito com demonstrações matemáticas fascinantes, com o nome “Ibn Khan” inscrito ao final. Os matemáticos passam a estudar essas provas e afirmam coisas do tipo “Ibn Khan aqui conjecturou que ...” (EVANS, 1985a, p. 19). Agora, digamos que “Ibn Khan” era o nome do escriba que transcreveu as provas, e não do autor delas. Ora, pela teoria de Evans, esse nome *se torna* um dos nomes do autor das provas; isso tem a consequência desejável de que a comunidade de matemáticos tem crenças verdadeiras sobre o Ibn Khan autor das provas, e não crenças falsas sobre o Ibn Khan escriba.

Voltando à metáfora do retrato (seção 2.2), a explicação fornecida por Evans pode ser descrita assim (GRUSH, 2000): o retrato não é construído de maneira instantânea, como uma máquina fotográfica, mas sim mais parece um retrato pintado coletivamente por uma comunidade de artistas. Uma pessoa X posa para o retrato, e alguém faz um esboço a lápis de sua silhueta e seus olhos. No dia seguinte, outro artista completa um esboço da boca (cada uma das sessões representa uma transação coletora de informações). Pode ocorrer que, um dia, uma pessoa diferente venha posar para o retrato. No início, a porção do retrato que corresponde a essa segunda pessoa é ínfima (os traços da pessoa anterior ainda predominam). Porém, se a primeira pessoa não retornar mais, o retrato passará por um momento em que os traços que representam as duas pessoas são igualmente predominantes, até a hora em que a relação se inverte, e o retrato passa a ser predominantemente da segunda pessoa.

2.5 As teorias da referência frente ao problema *qua*

Talvez seja útil terminar este capítulo com um breve comentário a respeito de como cada uma das teorias apresentadas resolveria o problema *qua*. Neste momento, não nos reportaremos aos autores mencionados um a um, apenas esboçaremos uma resposta descritivista e outra causal-histórica. Para finalizar, escreveremos um pouco sobre a adoção que faremos das teorias de Putnam e Evans.

Conforme mencionamos na apresentação deste capítulo, o problema *qua* não se coloca para a teoria descritivista, pelo menos em sua versão fregeana. A solução geralmente apresentada é que o critério de identidade do objeto nomeado é parte do sentido de seu nome. Curiosamente, aqui desaparecem os exemplos envolvendo nomes de pessoas e voltam os exemplos sobre rios. Dummett, por exemplo, escreve:

Se devemos entender uma expressão como significando [*standing for*] um objeto, então devemos ser capazes, nos termos vívidos de Frege, de “reconhecer o objeto como novamente o mesmo”: devemos, isto é, saber sob quais condições algum outro termo significará o mesmo objeto. Se me dizem, por exemplo, “Este é o Rio Windrush”, e eu não tiver ideia de como determinar se seria certo, em outro lugar ou outra hora, ou ambos, dizer mais uma vez, “Este é o Rio Windrush”, então eu não sei nada sobre a expressão “o Rio Windrush” para além do simples fato de que estava certo dizer “Este é o Rio Windrush” naquele lugar e naquela hora: assim, não sei que objeto estava sendo nomeado, ou, de fato, nem mesmo se a expressão estava sendo empregada como o *nome* de um *objeto*. (DUMMETT, 1973, p. 73)

Sidney Zink levanta praticamente as mesmas questões ao argumentar que os nomes próprios não são puramente denotativos, como queria Mill. No artigo “O significado dos nomes próprios”, Zink começa afirmando que “[u]m nome próprio é o nome de uma coisa particular; e uma condição necessária da particularidade é ter uma posição histórica (particular)” (1963, p. 481). Assim, entender um nome como próprio é, no mínimo, entender que o objeto nomeado tem uma localização histórica. Zink aparentemente subscreve a tese de Geach de que parte do sentido de um nome próprio é um substantivo comum, ou termo geral, que por sua vez fornece as condições de identidade do objeto. Zink não utiliza o termo fregeano “sentido”, mas sim “significado”; de qualquer maneira, é possível ver que suas intuições são fregeanas:

Entender um nome próprio é entender o que seria apontar para — sob que condições se estaria apontando para — a coisa nomeada. Mas essas condições são as condições mencionadas na descrição geral da coisa nomeada pelo nome próprio. Então, nessa versão, o significado do nome próprio se tornou o significado de um conjunto de termos gerais descrevendo essas condições. O significado é agora “conotativo”. (ZINK, 1963, p. 489)

O significado completo de um nome próprio, então, para Zink, é composto de várias descrições sobre a posição do objeto nomeado no espaço e

no tempo, o que é equivalente a uma única dessas descrições, somada a um critério de identidade que permita determinar a localização desse objeto em outros momentos. Por exemplo, o significado de um nome próprio de uma pessoa pode ser formado simplesmente por sua localização em determinado instante do tempo, o que, “juntamente com nossos critérios para o conceito de ‘pessoa’, e o que significa existir como pessoa, fornecerão critérios para determinar sua localização em outros momentos” (ZINK, 1963, p. 491). No restante do artigo, Zink rejeita a concepção de Searle de que descrições do tipo “o professor de Alexandre Magno” figuram como parte do significado do nome “Aristóteles”. Segundo Zink, isso equivale a confundir conhecimento sobre o objeto nomeado com conhecimento sobre o significado do nome. Se conhecemos os feitos de Aristóteles, e detalhes sobre a filosofia de Aristóteles, isso não faz com que saibamos mais sobre o *nome* “Aristóteles” do que alguém que conheça apenas a data e o local de nascimento de Aristóteles.

Entretanto, Zink admite que, em certos casos, o conhecimento sobre a localização de um objeto é a única forma de conhecimento que temos sobre esse objeto. Nesses casos, o conhecimento sobre o objeto e o conhecimento sobre o significado de seu nome de fato se confundem. Isso ocorre, por exemplo, com nosso conhecimento sobre astros muito distantes: quando um astrônomo obtém um novo conhecimento sobre a localização de um astro, está obtendo conhecimento sobre o *nome* desse objeto. A explicação que Zink dá para a coincidência dos dois tipos de conhecimento nesse caso é a seguinte:

Quanto mais uma coisa é conhecida apenas como um objeto material, tal como um corpo estelar remoto, mais o nosso conhecimento sobre ela coincidirá com nosso conhecimento sobre o significado de seu nome. Nosso conceito de corpo estelar é tal que o conhecimento das localizações de tais coisas é uma parte central de nosso conhecimento delas; enquanto nosso conceito de uma pessoa é de tal forma que o conhecimento de sua localização é apenas uma parte rudimentar de nosso conhecimento dela. (ZINK, 1963, p. 497)

Kripke, claramente, discorda de teses como a de Zink, e diria que os nomes próprios não têm significado. Tampouco é necessário, segundo Kripke, que o falante conheça os locais frequentados pelo objeto nomeado para usar o nome de maneira bem-sucedida. Conforme vimos, para tanto, é suficiente que o falante se vincule a uma cadeia de comunicação que utiliza aquele nome para se referir àquele objeto. Mas o que Kripke tem a dizer sobre o problema *qua*? Considerando os argumentos de Geach, Kripke escreve:

De acordo com Geach, já que qualquer gesto de apontamento é ambíguo, alguém que batiza um objeto por uma ostensão tam-

bém deve aplicar uma propriedade sortal para desambiguar sua referência e garantir critérios de identidade ao longo do tempo corretos — por exemplo, alguém que designa uma referência a “Nixon” apontando para ele e dizendo “uso ‘Nixon’ como um nome daquele *homem*”, assim removendo a tentação do ouvinte em interpretá-lo como apontando para um nariz ou fatia temporal. O sortal é, então, em algum sentido, parte do significado do nome; nomes então têm um sentido (parcial) afinal, embora eles não sejam suficientemente completos para determinar suas referências, como são nas teorias da descrição [...]. Poucos falantes de fato aprendem a referência de um nome por ostensão; e, mesmo se aprenderem o nome por uma cadeia de comunicação que remonta a uma ostensão, porque o sortal supostamente usado na ostensão deveria ser, em qualquer sentido, parte do “sentido” do nome para eles? Nenhum argumento é oferecido. (KRIPKE, 1980, p. 115–6n)

Porém, se Kripke mantém que um nome próprio designa *o mesmo* indivíduo em todos mundos possíveis, tem de explicar quais são os critérios de identidade nesse caso. Como vimos, ele responde a essa pergunta através do essencialismo de origem: em qualquer mundo possível w um indivíduo é o mesmo que ele é no mundo atual se e somente se tiver a mesma origem que teve no mundo atual. Embora não trate dos nomes próprios, poderíamos dizer que a teoria de Putnam é mais sofisticada que a de Kripke ao manter que os critérios de identidade variam de acordo com o domínio de estudo do objeto em questão. Um subconjunto de uma comunidade de falantes — o subconjunto dos especialistas — se encarrega de desenvolver critérios cada vez mais precisos para determinar a extensão dos termos utilizados nessa comunidade.

De fato, pode ser que Kripke tenha razão ao afirmar que não há termos gerais (ou sortais) envolvidos no sentido de um nome. Porém, em sistemas altamente regimentados de nomenclatura, como nos exemplos de Evans sobre os Wagera, ou no caso dos códigos de nomenclatura dos táxons biológicos, um nome próprio pode implicar certos conhecimentos sobre seu portador. Conhecendo apenas as convenções dos códigos de nomenclatura, podemos inferir que “*Cygnus olor*” nomeia uma espécie, “*Panthera leo spelaea*” uma subespécie, “Fabales” uma ordem (de plantas), e assim por diante. De qualquer maneira, adotaremos aqui a concepção putnamita de que “espécie” é um *marcador semântico* de “*Cygnus olor*”; nesse aspecto, se assemelha a “líquido” em relação a “água”. Também concordamos com Putnam que a tarefa de determinar os critérios de identidade cabe a uma comunidade científica. O problema é que, no caso da nomenclatura biológica, há divergência sobre a questão de se esses critérios de identidade devem ser embutidos nos no-

mes em si ou delegados a um contexto teórico mais amplo. É essa tensão que discutiremos no próximo capítulo.

Capítulo 3

Critérios de identidade e a referência dos nomes de táxons

Neste capítulo, analisaremos as regras para a fixação da referência de nomes próprios de táxons em dois sistemas de nomenclatura: o sistema lineano e o PhyloCode. Em particular, estamos interessados em estudar a relação entre a referência dos nomes próprios e os critérios de identidade para táxons a partir desses dois sistemas. O sistema lineano é frequentemente descrito como obedecendo a uma lógica causal-histórica, e o PhyloCode como descritivista (WILEY; LIEBERMAN, 2011; GHISELIN, 1995). Essa caracterização tem um fundo de verdade no que diz respeito à vinculação dos nomes dos táxons com os critérios de identidade. No sistema lineano, a responsabilidade pelo estabelecimento de critérios de identidade é delegada ao contexto teórico da biologia como um todo. Por sua vez, o PhyloCode vincula explicitamente os critérios de identidade — chamados de *definições filogenéticas* — aos nomes em si, o que sugere que esses critérios poderiam ser entendidos como *sentidos* fregeanos. Porém, defenderemos aqui que os nomes dos táxons são *sui generis* por apresentarem sentidos fregeanos compostos de dois elementos, atribuídos (por DUMMETT, 1973) respectivamente aos sentidos dos termos gerais e aos dos nomes próprios: *critérios de aplicação* e *critérios de identidade*. A diferença entre o sistema lineano e o PhyloCode é que o primeiro fornece apenas critérios de aplicação, enquanto o segundo propõe critérios de identidade que funcionam ao mesmo tempo como critérios de aplicação.

Atualmente, há três códigos que regulamentam oficialmente a nomenclatura de táxons biológicos, todos adotando o sistema lineano: o *International Code of Zoological Nomenclature* (ICZN), para nomes de animais, o *International Code of Botanical Nomenclature* (ICBN), para nomes de plantas, e o *International Code of Nomenclature of Bacteria* (ICNB), para nomes de

bactérias. O PhyloCode, inicialmente elaborado por Cantino e De Queiroz e vinculado à *International Society for Phylogenetic Nomenclature* (ISPN), busca levar a sério a ideia de que a classificação dos seres vivos deve ser estritamente baseada em relações filogenéticas, e com isso propõe o abandono da hierarquia lineana. De acordo com o PhyloCode, o nome próprio de um táxon deve conter informação filogenética, isto é, deve ser *definido* de acordo com a posição de seu portador na árvore da vida. Contudo, a redação do PhyloCode se encontra em versão preliminar, e é apenas marginalmente aceito na comunidade de biólogos. A razão para isso, conforme diagnosticaremos aqui, é a já mencionada junção de critérios de aplicação com critérios de identidade.

Começaremos este capítulo tentando mostrar que uma postura essencialista sobre determinado domínio não depende necessariamente do estatuto ontológico das entidades desse domínio. Isso conflita com a ideia comumente aceita pelos filósofos da biologia de que a concepção tipológica dos táxons implica o essencialismo, enquanto a tese da individualidade não. Adotaremos um sentido estrito de essencialismo segundo o qual ser essencialista sobre determinadas entidades significa apenas sustentar que é possível fornecer critérios de identidade para elas. Nesse sentido, defenderemos uma forma de essencialismo mesmo aceitando que espécies são indivíduos. Um dos pré-requisitos geralmente exigidos para que uma posição seja essencialista é o fato de que as essências sejam *explicativas*, isto é, que seja possível explicar outras propriedades de seus portadores com base nas propriedades essenciais (ERESHEFSKY, 2010b; SOBER, 2000). A forma de essencialismo que estamos defendendo postula que a propriedade essencial de um grupo monofilético é a ancestralidade comum, o que, sob a ótica darwiniana, explica as semelhanças entre os organismos.

Para compreender a distinção entre critérios de aplicação e critérios de identidade, inicialmente analisamos as regras estipuladas pelos códigos de nomenclatura tradicionais para a fixação da referência dos nomes próprios dos táxons. Conforme veremos, isso se dá de modo puramente ostensional, através de um sistema chamado de *tipificação nomenclatural*, que fornece apenas critérios de aplicação para o nome. Desse modo, o estabelecimento do critério de identidade é delegado ao contexto teórico da biologia. Na busca por critérios de identidade, então, temos de traçar outra distinção, desta vez entre critérios de identidade *sortais* e *particulares*. Analisamos os candidatos a critério de identidade sortal para táxons, argumentando que o candidato mais viável, pelo menos do ponto de vista da sistemática filogenética, é o critério genealógico. A partir desse critério sortal, seria possível derivar um critério de identidade particular para cada táxon.

Conforme veremos, o PhyloCode sugere precisamente que se vincule tais critérios de identidade *particulares* aos nomes próprios dos táxons. En-

tretanto, sérias objeções foram levantadas quanto à forma que isso deve ser feito. Concordamos com essas objeções; por isso, no final do capítulo, tentamos diagnosticar o que há de errado, do ponto de vista de uma teoria da referência, com o PhyloCode. A saber, o problema é que o PhyloCode exige que os critérios de identidade funcionem como critérios de aplicação. Entretanto, essa não é uma razão para descartarmos os critérios de identidade particulares para táxons; eles apenas devem ser empregados em caráter muito mais restrito do que aquele previsto pelo PhyloCode. No final do capítulo, consideramos duas objeções possíveis a essas teses e respondemos a elas.

3.1 Essencialismo como uma postura sobre critérios de identidade

No capítulo 1, apresentamos as considerações de Ghiselin no sentido de que é impossível fornecer critérios necessários e suficientes para que um organismo pertença a uma espécie. Essas considerações se integram ao “consenso antiessencialista” (OKASHA, 2002) que se instaurou na filosofia da biologia sobretudo a partir da distinção de Mayr (2006) entre pensamento tipológico e pensamento populacional. O pensamento tipológico, de acordo com Mayr, corresponde à concepção pré-darwiniana das espécies como classes naturais. Mayr atribui à concepção platônica de *eidos* de Platão a origem dessa maneira de pensar, de acordo com a qual cada espécie corresponderia a um tipo ou classe imutável de organização (funcional e/ou morfológica), e as variações ao interior das populações são entendidas como *desvios* desse tipo.

O próprio Mayr chama o conceito tipológico de espécie de “essencialista”, e lhe atribui as seguintes teses:

- (1) as espécies consistem de indivíduos semelhantes que compartilham a mesma essência; (2) cada espécie está separada das demais por uma brusca descontinuidade; (3) cada espécie é constante ao longo do tempo; e (4) há severas limitações para a variação possível em qualquer espécie. (MAYR, 1982, p. 260)

Desse modo, para Mayr, a concepção essencialista é incompatível com a ideia de evolução. A grande novidade trazida pelo pensamento darwiniano é a aceitação da variedade entre os indivíduos de uma espécie como uma característica fundamental das populações biológicas. De acordo com Mayr, é apenas sob essa perspectiva *populacional* — estatística, contingente, histórica — que é possível conceber a evolução. Teses muito semelhantes são defendidas por Hull (1967), para quem uma metafísica essencialista é incompatível com o darwinismo. Entenderemos aqui essencialismo como a visão de que

cada espécie é distinguida por um conjunto de características essenciais. A posse de cada característica essencial é necessária para que um organismo pertença à espécie, e a posse de todas as características essenciais é suficiente. (HULL, 1994a apud OKASHA, 2002, p. 196).

Para os autores vinculados ao consenso antiessencialista, o fato de que as espécies são indivíduos faz com que não se possa fornecer nenhuma propriedade necessária e suficiente para que um organismo seja incluído em um táxon; portanto, o essencialismo é falso (quem expressa essa posição mais claramente é Ghiseline em (1997, 1995)).

Ao nosso ver, os autores relacionados ao consenso antiessencialista cometem o erro de vincular a concepção tipológica dos táxons — que diz respeito ao seu *estatuto ontológico* — com a ideia de que é possível enunciar critérios necessários e suficientes para o pertencimento a um táxon — que diz respeito ao seu *critério de identidade*. Ao nosso ver, o essencialismo sobre táxons deve ser entendido como a posição de que é possível formular critérios de identidade para eles, e o antiessencialista deve defender que isso não é possível.

Nessa acepção, o essencialismo é compatível com a tese da individualidade. Em princípio, não há nada de conflitante em afirmar que táxons são indivíduos e, ao mesmo tempo, que há critérios necessários e suficientes para que organismos, populações, e linhagens, sejam partes deles. Se estivermos certos, então é possível que os táxons tenham algo como *essências individuais*, semelhantes às que Kripke postulava para os organismos individuais. Essa possibilidade já foi levantada por Sober, que escreve:

Kripke [em *Naming and Necessity*] sugeriu que cada ser humano individual tem a propriedade essencial de ter nascido precisamente do espermatozoide e do óvulo do qual ele ou ela nasceu. Se indivíduos como os organismos têm propriedades individuais, então presumivelmente também é possível que indivíduos como *Drosophila melanogaster* tenham propriedades essenciais também. É claro, essas essências seriam algo muito diferente das características “puramente qualitativas” que o essencialismo tradicional pensou estar descobrindo. (SOBER, 1980, p. 359)

Mas Sober não leva muito a sério sua própria sugestão, e acaba aderindo, como já mencionamos, ao consenso antiessencialista.

Porém, se, como nos propomos a fazer, seguirmos a sugestão de Hull, e admitirmos que a essência de x é o conjunto de critérios necessários e suficientes que determinam o que significa “ser idêntico a x ”, então essência e critério de identidade são sinônimos. Esse conceito de essencialismo nos

parece razoavelmente inócuo; de acordo com essa visão, uma teoria de conjuntos que incorpora o axioma da extensionalidade¹ é essencialista. Isso se dá pelo fato de que o axioma da extensionalidade nos permite derivar uma condição necessária e suficiente para que algum número seja membro de determinado conjunto: chamaremos um enunciado desse tipo, no que se segue, de critério de identidade *particular*. Um exemplo de critério de identidade particular é o seguinte: para qualquer x , x é membro do conjunto $\{2, 3, 5\}$ se e somente se x for igual a 2, 3, ou 5.

Pelo fato de que essência e critério de identidade são sinônimos, afirmar — com os antiessencialistas — que os táxons não têm essências parece inexoravelmente trazer de volta o problema *qua*. Nos parece, então, inevitável postular que haja alguma forma de critério de identidade associado aos nomes dos táxons, ainda que esses critérios sejam talvez vagos e não necessariamente vinculados diretamente aos nomes. Um dos objetivos deste capítulo é propor um critério de identidade para táxons, mas o faremos apenas para táxons supraespecíficos; isto é, não determinaremos condições necessárias e suficientes para que um organismo seja parte de uma espécie, mas sim para que espécies (ou táxons) façam parte de outros táxons.

Ainda que digamos que um nome designa *o mesmo táxon* em todos mundos possíveis, é preciso explicar, então, o que significa *o mesmo táxon*. Uma alternativa seria dizer, como Ghiselin (que sustenta algo como uma teoria causal para nomes de táxons), que a expressão “o mesmo táxon” é irredutível; que a única propriedade essencial de um táxon seria uma “estidade” primitiva, a propriedade de ser *este* indivíduo (GHISELIN, 1997). Argumentaremos que, no contexto de uma hipótese filogenética particular, a identidade dos táxons terminais e dos ancestrais comuns é, de fato, primitiva. Mas não há razões para supor que a identidade dos grupos monofiléticos não seja analisável em termos da descendência de um ancestral comum. E, pelo fato de que grande parte (idealmente todos) dos táxons terminais são grupos monofiléticos, sua identidade também pode ser determinada em outras análises filogenéticas.

Entenderemos aqui que um critério de identidade deve fornecer condições necessárias e suficientes que possam ser aplicadas em qualquer mundo possível. Isso é importante, entre outras coisas, pelo fato de que as explicações biológicas — como todas as explicações científicas — pressupõem cenários contrafatuais. Faz-se necessário estabelecer, então, sob que condições os nomes próprios utilizados nas explicações se referem aos mesmos indivíduos que no mundo atual. Mas antes, temos de delimitar o subconjunto, do conjunto de todos os mundos metafisicamente possíveis, que são interes-

¹Enunciado de maneira breve: dois conjuntos são o mesmo se e somente se todo elemento do primeiro for também um elemento do segundo, e vice-versa. O axioma da extensionalidade é um dos exemplos mais clássicos de critério de identidade (Cf. LOWE, 1989).

santes para a biologia: chamaremos esses mundos de mundos *biologicamente* possíveis.

3.2 Mundos biologicamente possíveis

Conforme vimos no capítulo anterior, Kripke insistiu na noção de que os nomes próprios e termos para classes naturais designam, respectivamente, *o mesmo indivíduo e a mesma classe* em todos mundos possíveis. Também vimos que Putnam (1975) apresentou o argumento da Terra Gêmea com o objetivo de detalhar a tese de Kripke no que diz respeito às classes naturais. O argumento da Terra Gêmea é enunciado no início do artigo (1975, p. 223) como ocorrendo *no mundo atual* — a Terra Gêmea fica “em algum outro lugar da galáxia” — mas, mais adiante (1975, p. 231), Putnam generaliza o argumento para todos mundos possíveis.

Em um artigo posterior, “Is water necessarily H₂O?” (1990), Putnam revisa essas afirmações, tentando se distanciar da concepção kripkeana de mundos possíveis. O problema, para Putnam, é que afirmar que “água é necessariamente H₂O”, se “necessariamente” for entendido como “em todos mundos possíveis” *tout court*, isso transforma o fato de que água é H₂O em uma necessidade metafísica. O problema óbvio com essa concepção é que *não temos como saber* se água é H₂O em todos mundos possíveis. Assim, contrariando o que afirmava no artigo de 1975, Putnam escreve:

não acho que um critério de identidade de substância [*criterion of substance-identity*] que dá conta de casos como o da Terra Gêmea possa ser convenientemente estendido a “mundos possíveis”. Em particular, e se um “mundo” particular *obedece leis diferentes*? Talvez alguém pudesse contar uma história sobre um mundo no qual H₂O existe [...], mas as leis são ligeiramente diferentes, de modo que uma pequena diferença nas *equações* produz uma grande diferença no *comportamento* de H₂O. Será que chamaríamos de *água* uma substância (hipotética) com comportamento bem diferente nessas circunstâncias? Eu agora penso que a questão, “qual a condição necessária e suficiente para ser água *em todos mundos possíveis*?” não faz sentido nenhum. E isso significa que agora rejeito a “necessidade metafísica”. (PUTNAM, 1990, p. 69–70)

Concordamos com Putnam que não faz sentido dizer que os critérios de identidade de substância envolvem necessidade metafísica, isto é, propriedades a serem satisfeitas *em todos mundos possíveis*. Ainda assim, Putnam afirma que, em certo sentido restrito de “necessariamente”, a água é neces-

sariamente H_2O . O ponto é que temos de restringir a quantidade de mundos possíveis sobre os quais estamos falando. Não podemos falar de todos os mundos possíveis *concebíveis*; afinal, se admitirmos mundos nos quais as leis da física são diferentes, nossas intuições sobre a referência dos termos para classes naturais podem não se aplicar. De certo modo, essas considerações já estavam antevistas no artigo de 1975: se a referência de nossos termos depende de como o mundo é (“o significado não está na cabeça”), as leis da física participam, ainda que indiretamente, na determinação de sua referência.

Putnam impõe essa restrição sobre o próprio critério de identidade para substâncias: qualquer critério desse tipo “deve ter a consequência de que *A* e *B* são a mesma substância se e somente se obedecerem às mesmas *leis*” (1990, p. 68). Porém, esse critério tem alguns problemas: primeiro, como o próprio Putnam reconhece, falar em “as mesmas leis” é vago; segundo, o critério pode ser impossível de aplicar, já que teríamos de testar se determinada substância obedece a *todas* as mesmas leis que conhecemos; terceiro, a aplicação desse critério pode requisitar um outro, de identidade para leis.

Há uma outra formulação possível para a restrição exigida por Putnam. Ao invés de restringirmos os critérios de identidade para substâncias, podemos restringir nossa quantificação sobre os mundos possíveis de que falamos. A ideia é que os mundos possíveis sobre os quais quantificamos quando afirmamos coisas como “é impossível que exista um moto perpétuo” são mundos nos quais as leis da física (no caso, da termodinâmica) não são violadas. Poderíamos dizer que o conjunto dos mundos *fisicamente* possíveis é um subconjunto dos mundos *metafisicamente* possíveis. Mundos fisicamente possíveis são aqueles suficientemente semelhantes — por estipulação — ao mundo atual no que diz respeito às leis da física. Essa manobra parece não estar sujeita aos problemas da proposta de Putnam (exceto, talvez, a vagueza), pois estamos estipulando, *à la* Kripke, e não descobrindo, os mundos possíveis sobre os quais quantificamos.

Na verdade, embora Putnam não concordaria com isso, não é necessário sequer nos comprometermos com a noção de que há leis da natureza; basta dizer que os mundos fisicamente possíveis são aqueles que preservam as regularidades causais físicas. Putnam aceita, por outro lado, que há uma estreita relação entre causalidade e possibilidade: “[d]izer que algo é impossível é dizer que nada tem a capacidade de causar esse algo” (1990, p. 74). Aqui, Putnam está efetivamente dizendo que nada *no mundo atual* tem a capacidade de produzir, digamos, um moto perpétuo. Mas podemos reinterpretar essa afirmação em termos de nossa noção de mundos fisicamente possíveis: em nenhum mundo fisicamente possível existe algo capaz de produzir um moto perpétuo.

Desse modo, realizamos uma transposição do lugar das regularidades causais na circunscrição do domínio de discurso: na formulação original de

Putnam, elas eram parte do critério de identidade; em nossa formulação, elas impõem uma restrição na quantificação sobre mundos possíveis. Essa manobra é importante se aceitarmos, como faremos aqui, a visão — em certo sentido humeana — segundo a qual toda explicação científica pressupõe a verdade de um condicional contrafactual. Uma concepção assim é defendida, por exemplo, pelo historiador Geoffrey Hawthorn, que escreve:

a força de uma explicação depende do condicional contrafactual que ela implica. A implicação é que se tal e tal combinação de causas não tivesse estado presente, ou que se tal e tal ação ou série de ações não tivessem sido levadas a cabo, as coisas haveriam sido distintas. Se não acreditamos nisso, então não deveríamos dar às causas e às ações em questão a importância que lhes estamos dando. (HAWTHORN, 1995, p. 20)

Dizer, por exemplo, que o Partido Trabalhista britânico (*Labour Party*) perdeu as eleições de 1983 porque seus membros realizaram uma série de medidas que afetou a popularidade desse partido (HAWTHORN, 1995, p. 15ss) implica dizer que, se essas medidas não tivessem sido tomadas, o partido não teria perdido.

Uma teoria da explicação científica fundamentada em contrafatuais é desenvolvida por James Woodward (2003). Além de dizer que toda explicação envolve um contrafactual, Woodward afirma que as explicações científicas fornecem informações a respeito de como é possível manipular a natureza: “estamos em uma posição para explicar quando temos informações relevantes para manipular, controlar, ou mudar a natureza” (2003, p. 9–10). Para Woodward, explicações contrastam com *descrições*, que não fornecem informações relevantes para a manipulação. Ademais, a explicação deve “nos tornar capazes de ver que tipo de diferença faria para o *explanandum* se os fatores citados no *explanans*² tivessem sido diferentes em diversos modos possíveis” (2003, p. 11).

O ponto é que entenderemos que as explicações científicas postulam a existência de mundos possíveis nos quais os condicionais contrafatuais pressupostos por elas são verdadeiros. Porém, retomando as considerações que fizemos a partir de Putnam (1990) anteriormente, o conjunto de mundos possíveis relacionados a uma explicação preservam as relações causais relevantes para a teoria na qual a explicação é enunciada. Para arrematar essas duas linhas de raciocínio, consideremos o clássico raciocínio contrafactual que vincula a extinção dos dinossauros ao surgimento dos mamíferos:

²O *explanandum* é uma descrição do evento que se quer explicar; o *explanans* é um conjunto de enunciados que se invoca para efetuar a explicação.

Os mamíferos surgiram no final do Triássico, ao mesmo tempo que os dinossauros ou logo depois. Os mamíferos passaram seus primeiros 100 milhões de anos — dois terços do total de sua existência — escondendo-se nos recessos do mundo dos dinossauros. [...] [Nesse período,] [o]s mamíferos não fizeram qualquer progresso substancial no sentido de tornarem-se mais dominantes, desenvolverem cérebros maiores ou mesmo aumentarem de tamanho. [...] [O]s dinossauros continuaram dominantes e provavelmente se extinguíram apenas em consequência do mais previsível de todos os acontecimentos — um episódio de extinção em massa desencadeado pelo impacto de um corpo extraterrestre. Se os dinossauros não tivessem morrido nesse evento eles provavelmente ainda dominariam o universo dos vertebrados terrestres de grande porte [...] e os mamíferos ainda seriam pequenas criaturas vivendo nos interstícios de seu mundo. (GOULD, 1990, p. 374–5)

Segundo entendemos, Gould está descrevendo um mundo possível em que os dinossauros *não* são extintos — seja porque a queda do meteoro que causou sua extinção no mundo atual não aconteceu, seja porque eles, de algum modo, sobreviveram a ela. É importante ressaltar que esse mundo possível obedece às regularidades causais da biologia que conhecemos: por exemplo, não haveria como os nichos ecológicos dos grandes vertebrados terrestres ser ocupado simultaneamente pelos mamíferos e pelos dinossauros.

Em outras palavras, os cenários contrafatuais relevantes para a biologia — mundos biologicamente possíveis — são aqueles que preservam as regularidades causais da biologia (em particular, a evolução) do mundo atual. Agora, nossa preferência por regularidades causais, e não por leis, talvez faça mais sentido: mesmo se a biologia não tiver leis, como provavelmente é o caso, ainda é possível delimitar mundos biologicamente possíveis.

O conceito de mundos possíveis que preservam as regularidades causais biológicas já foi cogitado por Kitts, ao aplicar intuições kripkeanas à biologia:

Os mundos possíveis que estipularei para iluminar a noção de um nome de espécie biológica são mundos possíveis nos quais a teoria evolutiva contemporânea é válida [*holds*] e nos quais há seres vivos sobre os quais a teoria pode se aplicar. Uma propriedade essencial de uma espécie individual é uma propriedade que ela tem em todos mundos possíveis nos quais existe. A essência de uma espécie é tal propriedade que apenas aquela espécie tem em todos mundos possíveis nos quais existe. (KITTS, 1983, p. 28)

O papel desse raciocínio, conforme salienta Kitts, é o de iluminar a re-

ferência dos nomes das espécies biológicas. Assim, poderíamos perguntar: que grupo de organismos, no cenário contrafactual enunciado por Gould, ele está se referindo quando utiliza o termo “mamíferos”? Nesse caso, podemos conjecturar que o termo está sendo utilizado como sinônimo do nome próprio “Mammalia”, que denota, na sistemática filogenética, um grupo monofilético. Concordamos que esse nome é um designador rígido, que denota no cenário contrafactual o mesmo indivíduo denotado por “Mammalia” no mundo atual. Mas essa resposta não soluciona nosso problema. Queremos um critério de identidade particular para Mammalia, ou seja, que nos forneça condições necessárias e suficientes para o que consiste *ser o mesmo indivíduo que* Mammalia. Diremos que “Mammalia” se refere, em todos mundos possíveis, ao indivíduo que satisfizer os critérios de identidade associados a esse nome.

Algo diferente ocorre com “dinossauros”. Do modo como Gould utiliza esse termo, ele não se refere ao grupo monofilético “Dinosauria”, pois este grupo inclui as aves, e não está extinto. Assim, teremos duas opções de interpretação: ou estabelecemos critérios de identidade para o grupo parafilético “dinossauros”, ou entendemos esse termo como uma abreviatura de um conjunto de espécies.

3.3 Fixação da referência nos códigos de nomenclatura vigentes

Um exame a respeito de como se dá a fixação da referência dos nomes próprios dos táxons nos códigos de nomenclatura vigentes (ICBN, ICNB, ICZN) ajudará a evidenciar como o critério de identidade deve ser definido. A fixação da referência do nome próprio de um táxon se dá, nos códigos de nomenclatura vigentes, por meio de *tipos nomenclaturais*, ou simplesmente *tipos*. O tipo é uma parte de um táxon que serve como objeto de uma definição ostensional (HULL, 1976; GHISELIN, 1995, 1997) para vincular o nome ao táxon.

Para entender o que pode servir como tipo em cada caso, é importante perceber que, apesar de severamente criticada (ERESHEFSKY, 2001), a hierarquia lineana ainda é a base dos códigos de taxonomia vigentes³. Diante disso, a maneira como os nomes dos táxons são definidos depende de sua posição hierárquica: em geral, se aponta a um espécime ou cepa (no caso de microorganismos) para fixar o nome de uma espécie; por sua vez, uma

³Na tentativa de compatibilizar a hierarquia lineana com a perspectiva filogenética na classificação, criou-se uma hierarquia lineana “expandida”, de 21 graus. São eles: reino, filo, subfilo, superclasse, classe, subclasse, infraclasse, coorte, superordem, ordem, subordem, infraordem, superfamília, família, subfamília, tribo, subtribo, gênero, subgênero, espécie, subespécie (ERESHEFSKY, 2001, p. 213).

espécie-tipo é utilizada para fixar o nome do gênero; e, por fim, um gênero-tipo é utilizado para fixar o nome da família e dos táxons acima do nível de família⁴. O código de nomenclatura de bactérias (ICNB) prevê ainda que, no nível de classe, uma ordem seja designada como tipo.

O termo *espécime* é usado para designar um organismo, uma parte de um organismo, ou um conjunto de vestígios deixados por um organismo nos casos em que a espécie a que esse organismo pertencia está extinta. Na nomenclatura zoológica, quaisquer das formas de espécime — organismo, parte de um organismo, vestígios — podem ser utilizadas para fixar a referência de um nome de espécie⁵. O nome da espécie será então definido em relação a esse espécime-tipo. A título de ilustração, o holótipo para a espécie *Homo erectus* é o espécime chamado “Trinil 2”, que consiste em uma calota craniana e alguns dentes, encontrados por Eugene Dubois em 1891. Aliás, o nome completo da espécie deve fazer referência à publicação na qual o espécime-tipo foi primeiro descrito: “*Homo erectus* Dubois, 1892”. Acima do nível da espécie, os tipos são táxons inteiros, e não mais organismos individuais. Por exemplo, a espécie *Chamaeleo chamaeleon* Linnaeus, 1758 é a espécie-tipo do gênero *Chamaeleo*, que por sua vez é o gênero-tipo da família Chamaeleonidae. Para citar exemplos do ICNB, a cepa-tipo (no caso, neótipo) da espécie bacteriana *Escherichia coli* é a ATCC 1775, também conhecida como NCTC 9001. E a espécie *E. coli* é a espécie-tipo do gênero *Escherichia*, que, por sua vez, é o gênero-tipo da família Enterobacteriaceae (ICNB, 1992, regra 21b).

Quando um único espécime-tipo (ICZN, ICBN), ou uma única cepa-tipo (ICNB), é descrita na publicação que estabelece o nome de uma espécie, aquele espécime ou cepa é chamado *holótipo*⁶. Os holótipos da área de botânica são plantas inteiras, ou partes de plantas, preservadas em folhas de herbários ou conservados em meio líquido (ICBN, 2006, artigo 8). O código de nomenclatura bacteriana em geral não aceita espécimes-tipo como holótipos, mas apenas cepas-tipo, mantidas em culturas vivas. Apenas excepcionalmente se aceitam descrições, espécimes preservados, ou ilustrações como tipos (ICNB, 1992, regra 18a). O código de nomenclatura bacteriana estipula ainda que táxons acima do nível de ordem sejam definidos por referência a uma ordem, por exemplo, a ordem Mycoplasmatales é a ordem-tipo da classe

⁴Ver ICZN (1999, artigo 61), ICBN (2006, artigos 7–10), ICNB (1992, regra 15).

⁵Entretanto, desde 1930, não são aceitos vestígios de animais quando se trata de espécies não-extintas (ICZN, 1999, artigo 1).

⁶Há outros termos para designar os espécimes-tipo nos casos em que há mais de um (*sin-tipo*), ou o holótipo original foi substituído (*neótipo*), etc. Para algumas espécies, como *Homo sapiens*, o ICZN julga desnecessário — e inclusive proíbe — que haja um espécime-tipo. Se só restar uma ilustração do espécime-tipo, entende-se que o organismo originalmente retratado, e não a ilustração, é o espécime-tipo.

Mollicutes (ICNB, 1992, regra 22).

Conforme mencionamos acima, Ghiselin (1997) e Hull (1976) interpretam a prática do uso de tipos na taxonomia como uma forma de definição ostensiva, porque a referência a um tipo (espécime, espécie ou gênero) seria uma forma de apontar para o táxon (GHISELIN, 1997, p. 67). De fato, para Hull e Ghiselin, publicar um novo nome de táxon e fixá-lo a um tipo é cometer um batismo kripkeano e, além disso, os nomes das espécies são designadores rígidos:

Suponha, por exemplo, que ao invés de simplesmente dar um nome a uma pessoa, o procedimento [de batismo] envolvesse tomar uma mecha de cabelo da cabeça dessa pessoa, fixar essa mecha a um certificado com o nome dela, e arquivar junto às autoridades como um meio de determinar quem tem esse nome. [...] Tal procedimento [...] fixaria a referência [do nome] de maneira rígida. (GHISELIN, 1997, p. 66–7)

Hull, por sua vez, escreve:

estou defendendo que a análise de Kripke se aplica aos nomes das espécies [...]. Portanto, não deveria ser surpreendente que seus nomes são designadores rígidos. (HULL, 1976, p. 179n)

Ghiselin e Hull claramente concordam com Kripke no que diz respeito à teoria da referência dos nomes próprios, mas não o acompanham na defesa do essencialismo de origem. Ghiselin simplesmente escreve que indivíduos não têm propriedades definitórias, e portanto não têm essências. Ademais, para ele, não há nenhuma “razão metafísica” para apresentarmos critérios de identidade (essências) para indivíduos, pois eles “são quem são, e possuem existência, independentemente de alguém ser capaz de reconhecê-los” (1997, p. 75). Em resumo, Ghiselin e Hull entendem que, sendo indivíduos, táxons não têm nem propriedades definitórias, nem essências, nem critérios de identidade (essas três coisas são, ao nosso ver, sinônimos).

Certamente, os códigos de nomenclatura vigentes não fornecem critérios de identidade para táxons. Porém, inferir que tais critérios simplesmente não existem nos traz de volta ao problema *qua*. Pensemos em Trinil 2, o holótipo de *Homo erectus*: qual a relação entre esse espécime e outro da mesma espécie, digamos, o Garoto de Nariokotome? Em outras palavras, como é possível que os biólogos tenham determinado que o Garoto de Nariokotome pertence à mesma espécie que Trinil 2? Pior ainda: de que nos adianta saber que a família de lagartos Agamidae é a que contém o gênero-tipo *Agama* se não soubermos dizer se outro gênero, digamos *Sitana*, pertence a essa família? Aqui entram em jogo as chamadas características *diagnósticas* dos táxons. Quando

um táxon é batizado, a publicação costuma incluir certas características morfológicas que permitem que os biólogos identifiquem outros membros dele.

Contudo, devemos afirmar uma vez mais: na teoria darwiniana, a semelhança morfológica é a *ratio cognoscendi*, não a *ratio essendi* da identidade do táxon. Ou, dito de outro modo: o fato de que dois organismos são semelhantes é relevante apenas na medida em que for indício da filiação comum. Se a semelhança de certas características é o que permite *diagnosticar* um táxon, o nexó genealógico entre seus membros é o que lhe confere *identidade*. Se rejeitamos, junto com Ghiselin e Hull, este último elemento (a identidade), pelo fato de ele ser “essencialista” ou uma “propriedade definitória”, temos que admitir que ninguém sabe exatamente que entidade está sendo referida por nomes como “*Homo erectus*”.

Kitts aponta esse fato com precisão:

Hull faz muito caso do fato de que os nomes são conferidos por meio de batismo e pouco do fato de que eles podem se referir ao mesmo indivíduo em diferentes mundos possíveis. [...] Mas mesmo se um nome de espécie for um designador rígido, ele não pode cumprir nenhum papel no discurso biológico a menos que seja entendido como designando um indivíduo com certas propriedades teoricamente relevantes. [...] Tendo rejeitado a visão de que uma espécie é uma classe cujos membros todos compartilham uma essência, ele não atribui uma essência individual a cada espécie como um todo, seja como uma condição necessária de identidade através do tempo, ou em [across] diferentes mundos possíveis. (KITTS, 1983, p. 28)

O ponto é que o relato de Ghiselin e Hull sobre como ocorre o batismo de um táxon negligencia um aspecto fundamental, que é o critério de identidade para a entidade que está sendo nomeada. Ao nosso ver, o único argumento potencialmente viável em favor da tese “diagnóstico, não definição” de Ghiselin e Hull seria afirmar que, desse modo, permanecemos neutros a respeito de qual seria a teoria subjacente à taxonomia (MOORE, 1998). Com efeito, os táxons podem ser diagnosticados do mesmo modo sob diferentes teorias; a teoria utilizada por Lineu não era evolutiva, mas isso não impede que diagnosticuemos táxons batizados por ele. Mas considerações teóricas são precisamente o que levou Ghiselin e Hull a enunciarem a tese da individualidade dos táxons em primeiro lugar, e é muito curioso o fato de eles as abandonarem agora. Não levar em conta a contribuição da teoria para a determinação da referência é subdescrever o que ocorre no batismo de um táxon.

Nesse sentido, Levine afirma:

O ponto aqui *não* é dizer que, a despeito do que pensam os sis-

tematas, as tentativas de nomear as espécies *falham*. Aqui, devemos nos referir aos especialistas, que obviamente desenvolveram um conjunto de convenções para nomear as espécies, convenções que, no conjunto, lhes servem muito bem. O ponto, ao invés disso, é que dizer que as espécies, concebidas como indivíduos, sejam nomeadas por contato ostensional com espécimes-tipo é drasticamente subdescrever [*underdescribe*] o caso. Claramente algo a mais, ou algo diferente, deve estar ocorrendo; a questão é se esse algo é consoante com a noção de designação rígida. E essa questão é significativa para Hull, porque a semelhança entre o individualismo dele e a teoria Kripke-Putnam é mais que fortuita. (LEVINE, 2001, p. 331)

Pensamos que para fornecer uma descrição completa do que ocorre, no entanto, é preciso levar em conta as concepções de critério de identidade e critério de aplicação.

3.4 Critérios de aplicação e critérios de identidade

É preciso que fique claro, desde já, que julgamos que os nomes próprios dos táxons são fregeanos, no sentido informal de que, sem suplementarmos uma definição ostensional com critérios de identidade apropriados, não conseguimos identificar adequadamente o referente do nome. Assim, os nomes dos táxons talvez contrastem com nomes próprios ordinários (de pessoas, cidades, lugares), que talvez não sejam fregeanos; pelo menos, não há critérios de identidade muito precisos associados a eles. Os critérios de identidade são parte do *sentido* fregeano⁷ dos nomes dos táxons, que pode ser associado a eles por um código de nomenclatura (como no caso do PhyloCode) ou pelo contexto teórico no qual o nome é usado.

Julgamos que o outro componente do sentido de um nome de táxon é seu critério de aplicação, e este é sempre associado ao nome pelos códigos de nomenclatura. Sustentar que nomes próprios têm critérios de aplicação seria — até onde sabemos — talvez uma tese inaceitável para o proponente da distinção, Michael Dummett (1973). Para Dummett, o sentido de alguns termos gerais é composto de critérios de identidade e critérios de aplicação, mas os sentidos dos nomes próprios são constituídos somente de critérios de identidade (1973, p. 233). Para que essa distinção fique clara, comecemos pelos critérios de identidade.

Até aqui, apresentamos apenas o problema *qua* como argumento na tentativa de mostrar que a tarefa de explicitar o critério de identidade para táxons

⁷Daqui em diante, escreveremos apenas “sentido”, exceto quando o contexto for ambíguo.

é inescapável. Mas há outro argumento, que talvez seja a razão mais corriqueira para estipularmos critérios de identidade: um critério de identidade nos permite *contar* as entidades em determinado domínio⁸. Um critério de identidade tem por objetivo explicitar quais as condições necessárias e suficientes sob as quais dois objetos em determinado domínio sejam idênticos e, portanto, contados como um único objeto (LOWE, 1989, 1997; NOONAN, 1997). Para citar um exemplo de Dummett (1973, p. 74), imaginemos que alguém nos pergunta “esse é o mesmo livro que você estava lendo ontem?”, ao que podemos responder “é a mesma *obra*, mas não a mesma *cópia*”. A diferença entre esses dois sentidos do termo “livro”, afirma Dummett, é uma diferença de critério de identidade, e cada um desses critérios de identidade resultam em contagens diferentes dos elementos em um domínio (um escritor pode ter escrito uma única *obra* mas ter vendido muitas *cópias* dela).

Geralmente, critérios de identidade são concebidos como estando associados a *sortais*⁹ (LOWE, 1997), isto é, termos gerais que especificam o *tipo de coisa* que é o objeto da contagem. No exemplo dos livros, acima, os sortais que resultam em duas contagens diferentes são “obra” e “cópia”. Chamaremos de critério de identidade *sortal* aquele que se aplica a todos indivíduos que caem sob a extensão de determinado sortal, e de critério de identidade *particular* aquele que se aplica a um único indivíduo¹⁰. Mais adiante, tentaremos explicitar o critério de identidade *sortal* para “táxon”, e apresentar os problemas relacionados à tentativa de usá-lo para derivar critérios de identidade particulares.

Entender o critério de aplicação de determinado termo, por outro lado, envolve a habilidade de saber determinar se “predicações brutas” [*crude predications*] envolvendo esse termo são verdadeiras ou falsas (DUMMETT, 1973, p. 233). Uma predicação bruta de um termo *t* é uma ostensão acompanhada do enunciado “isto é *t*”; entendemos o critério de aplicação do termo “livro” se somos capazes de determinar a verdade ou falsidade da predicação bruta “isto é um livro” em diferentes circunstâncias. Dito de maneira simples, os critérios de aplicação afirmam sob que condições um termo pode ser aplicado adequadamente. O critério de aplicação não esgota o sentido de um substantivo comum: mesmo sabendo aplicar o termo “livro” podemos não

⁸Para uma visão de que é possível contar entidades sem ter um critério de identidade, ver Arenhart (2011). Entretanto, parece-nos que os táxons podem ser tratados por uma teoria mais convencional sobre os critérios de identidade e contagem, já que não são indistinguíveis como as entidades estudadas por Arenhart.

⁹O termo “sortal” provavelmente deriva etimologicamente do inglês “*sort*”, “tipo”. Esse termo é às vezes traduzido como “categorial” na linguística; porém, diante das conotações que o termo “categoria” tem na filosofia, optamos pela tradução literal, com aportuguesamento do plural.

¹⁰A distinção é nossa; Dummett só reconhece aquilo que estamos chamando de critério de identidade *sortal*.

estar em condições de distinguir os diferentes critérios de identidade que podem estar associados a ele (“obra” e “cópia”). O mesmo não ocorre, segundo Dummett, com os sentidos dos nomes próprios; de posse de um critério de identidade, somos capazes de determinar a verdade ou falsidade de predicções brutas do tipo “este é Sócrates”.

Acreditamos que os nomes dos táxons, no entanto, são diferentes dos nomes próprios ordinários, e uma das diferenças consiste no fato de seus sentidos serem constituídos também por critérios de aplicação. Em parte, a razão para isso é a de que os nomes dos táxons têm a dupla vida a respeito da qual comentamos no capítulo 1, e podem ser predicados. Outra razão é o fato de que a nomenclatura dos táxons é regulamentada por códigos, que estabelecem os critérios de aplicação como normas. Se estivermos certos, saber determinar se “isto é Mammalia” é verdadeiro ou falso significa conhecer apenas parcialmente o sentido do nome — pois conota apenas conhecimento do critério de aplicação —, e essa habilidade tampouco garante o conhecimento do critério de identidade para Mammalia¹¹. Diríamos que, pelo menos no caso dos táxons, critérios de aplicação são *deontológicos*, pois determinam os direitos e deveres dos falantes ao utilizarem o nome de um táxon. Os critérios de identidade, por outro lado, parecem ser sempre *ontológicos*, na medida em que dizem respeito às entidades cuja existência é postulada pela teoria.

3.4.1 Da ostensão ao critério de identidade particular

Parece claro que as predicções brutas de nomes próprios, do modo como apresentadas por Dummett, são transações linguísticas de *transmissão*, e não *fixação*, da referência. Contudo, pensamos que um ato de *fixação* da referência, até mesmo de um nome próprio, também prescreve um critério de aplicação (além de supor um critério de identidade). Isto é, a predicção bruta “este é Sócrates”, quando usada para fixar a referência, está prescrevendo “o nome ‘Sócrates’ deverá ser aplicado a *este* indivíduo”. Pode-se conjecturar, então, que a fixação da referência por predicções brutas (ostensões), também no caso de termos para classes naturais e nomes próprios para táxons, estipula — seja pela mediação das intenções de comunidade de falantes, seja por códigos de nomenclatura — critérios de aplicação para os termos em questão.

¹¹Alguém poderia sustentar a seguinte objeção: ter um critério de aplicação (como parte do sentido) é condição suficiente para que uma expressão seja incompleta, e nomes próprios genuínos são expressões completas, portanto, “Mammalia” não é um nome próprio genuíno. Não fica claro se Dummett (1973, cap. 7) aceitaria a primeira premissa desse argumento; em todo caso, nós a rejeitamos. Ainda assim, pode haver contextos em que “Mammalia” seja uma expressão incompleta, o que se evidencia pelo predicado “ξ é um Mammalia”. Ao leitor que julgar que esse predicado é malformado, recomendamos a saída de Ghiselin, de que “ξ é um Mammalia” seja entendido como expressando o predicado complexo “ξ é uma parte de Mammalia” (onde ξ é uma metavaríavel para um termo).

Assim, a fixação da referência de um nome por uma ostensão é um ato que envolve, ao mesmo tempo, um aspecto deontológico (pois prescreve um critério de aplicação) e outro ontológico (pois supõe, sem no entanto prescrever, um critério de identidade para o objeto nomeado).

Esse ponto nos permite enunciar aquilo que julgamos ser uma diferença importante entre as teorias descritivista e causal-histórica da referência. Na teoria descritivista (exceto talvez na versão de Searle), os critérios de identidade funcionam ao mesmo tempo como critérios de aplicação para os nomes próprios. Na teoria causal-histórica, há uma separação entre critérios de aplicação e de identidade. Por força do critério de aplicação, estabelecido em um evento de fixação da referência, o nome passa a se referir ao objeto nomeado em todos mundos possíveis, independentemente do fato de a comunidade de falantes conseguir ou não fornecer critérios de identidade para ele.

A versão de Putnam da teoria causal-histórica parece ser a mais adequada para ajudar a elaborar a teoria que viemos esboçando. Se bem entendemos, a teoria de Putnam postula que a fixação da referência de um termo para uma classe natural garante que aquele termo passe a se referir, em todos mundos possíveis (causalmente semelhantes ao atual), a qualquer substância que tenha a mesma estrutura profunda que a amostra apontada. A questão é que, no momento do ato de batismo, se conhece apenas as características superficiais da amostra apontada. Não se conhece sua estrutura escondida, e nem mesmo se sabe se há *uma única* estrutura escondida responsável por todas as características superficiais da amostra.

Reescrevendo a tese de Putnam na terminologia que adotamos, diríamos que o batismo de uma classe natural estabelece um critério de aplicação do tipo “o termo ‘água’ pode ser usado para fazer referência a *este* líquido”. Enquanto não conseguimos determinar o que é “este líquido” — isto é, qual a sua estrutura escondida —, não podemos determinar um critério de identidade preciso para ele, e os cientistas o identificam inicialmente apenas através de características superficiais. Há uma diferença importante entre o exemplo de “água” e o dos nomes próprios dos táxons: no caso da água, há pouca dúvida a respeito de quais são as características superficiais relevantes (líquido insípido, inodoro, incolor) para segurar a referência enquanto a estrutura escondida não é descoberta. No caso dos nomes dos táxons, os pesquisadores precisam apontar as características *diagnósticas* do tipo nomenclatural que são relevantes para garantir que o nome continue sendo aplicado ao objeto adequado até que se determine sua estrutura escondida. Podemos, então, explicar por que as características diagnósticas utilizadas pelos taxônomos são neutras do ponto de vista teórico (MOORE, 1998): isso se deve ao fato de elas estarem vinculadas aos critérios de aplicação dos nomes, e não aos critérios de identidade de seus portadores. Mantendo essa ressalva em mente, vejamos como os critérios de aplicação se articulam com os critérios de identidade na

determinação da referência.

A ideia é que o nome de um táxon se refere a qualquer que seja a entidade que mantenha a relação de identidade relevante com o tipo nomenclatural. A determinação do que constitui a “relação de identidade relevante” muda com a teoria subjacente, e em última instância é essa relação que determina a extensão, ou referência, do nome. Para explicar esse ponto, retomemos inicialmente o enunciado de Putnam sobre a definição ostensional da água (citado na p. 96). Suponhamos que a afirmação “isto é água” seja enunciada no contexto da fixação, e não transmissão, da referência do termo “água”. Pensamos que esse gesto de definição ostensional tem como subproduto a prescrição de um critério de aplicação cuja formulação mínima seria¹²:

- (1) Para todo mundo W , e para todo x em W : o termo “água” pode ser aplicado a x se e somente se x mantiver a relação $mesmo_L$ com a entidade referida como “isto” no mundo atual W_1 .

Ou seja, o critério de aplicação supõe uma relação de identidade sortal ($mesmo_L$), cujas condições devem ser fornecidas por uma teoria de fundo. Antes de avançarmos, convém traçarmos uma distinção entre critérios de identidade *sortais* e *particulares*. Um critério de identidade *sortal* é um enunciado que estabelece critérios necessários e suficientes para que alguma coisa seja do mesmo tipo que outra. Para um determinado tipo de coisa, o critério de identidade sortal é o que responde à pergunta: o que significa ser desse mesmo tipo de coisa? Por exemplo, poderíamos formular o seguinte critério de identidade para líquidos:

- (2) Para todo x , para todo y : x é o mesmo líquido que y se e somente se a estrutura química de x é a mesma que a estrutura química de y .

Um critério de identidade particular é obtido substituindo-se todas as ocorrências de uma das variáveis em um critério de identidade sortal por ocorrências de um termo singular. Supondo que “água” seja um termo singular, poderíamos obter o seguinte critério de identidade particular:

- (3) Para todo x : x é o mesmo líquido que a água se e somente se a estrutura química de x é a mesma que a estrutura química da água (no mundo atual).

Chamemos um enunciado como (3) de *critério de identidade particular provisório*. São enunciados como esse que guiam a pesquisa empírica até que se conheça, digamos, qual exatamente é a estrutura química da água no mundo atual. Quando ela é descoberta, podemos então substituí-la no enunciado (3), obtendo um critério de identidade particular *definitivo*:

¹²O “pode” que ocorre na formulação é deôntico, não metafísico.

- (4) Para todo x : x é o mesmo líquido que a água se e somente se a estrutura química de x é H_2O .

A determinação da referência de um termo, então, envolve esses três tipos de enunciado: um *critério de aplicação* (enunciado(1)) para um termo, um *critério de identidade sortal* (2), e um *critério de identidade particular* (4) para o referente desse termo. É ação conjunta desses três critérios que faz com que o termo “água” se refira a H_2O em todos mundos possíveis, o que se pode expressar no seguinte enunciado¹³:

- (5) Para todo mundo W , e para todo x em W : o termo “água” pode ser aplicado a x se e somente se a estrutura química de x for H_2O .

A fixação da referência de um nome de um táxon por meio de um tipo nomenclatural fornece o critério de aplicação, mas não explicita os critérios de identidade (nem sortal, nem particular) relevantes. Poderíamos dizer que os atos de batismo dos táxons, de acordo com os códigos nomenclaturais vigentes, expressam critérios de aplicação como os seguintes:

- (6) Em qualquer mundo biologicamente possível w , para todo t em w : o nome “*Homo erectus*” pode ser aplicado a t se e somente se t mantiver a relação *mesmo_T* com o táxon da categoria de espécie cujo tipo nomenclatural é o espécime-tipo Trinil 2.
- (7) Em qualquer mundo biologicamente possível w , para todo t em w : o nome “Agamidae” pode ser aplicado a t se e somente se t mantém *mesmo_T* com o táxon da categoria de família cujo tipo nomenclatural é o gênero-tipo Agama.

A forma geral desses critérios é a seguinte:

- (CAT) Em qualquer mundo biologicamente possível w , para todo t em w : o nome “ N ” pode ser aplicado a t se e somente se t mantiver a relação *mesmo_T* com o táxon da categoria de [grau hierárquico de N] cujo tipo nomenclatural (no mundo atual w^*) é o [grau hierárquico do tipo nomenclatural de N]-tipo n .

¹³Vejam os critérios de referência de um termo, então, envolve esses três tipos de enunciado: um *critério de aplicação* (enunciado(1)) para um termo, um *critério de identidade sortal* (2), e um *critério de identidade particular* (4) para o referente desse termo. É ação conjunta desses três critérios que faz com que o termo “água” se refira a H_2O em todos mundos possíveis, o que se pode expressar no seguinte enunciado¹³:

13Vejam como expressar a relação lógica “de alto nível” entre esses critérios de aplicação, critérios de identidade particulares, e enunciados de determinação da referência. Supondo que o critério de aplicação é um enunciado do tipo $\Box(A \leftrightarrow B)$, e o critério de identidade particular (provisório ou definitivo) é um enunciado do tipo $\Box(B \leftrightarrow C)$; a determinação da referência é um enunciado do tipo $\Box(A \leftrightarrow C)$. Essa representação é “de alto nível” porque está enunciada em uma linguagem proposicional, e não de primeira ordem, o que, estamos conscientes, faz toda a diferença. Porém, acreditamos que essas pinceladas grosseiras ajudam a compreender o que estamos propondo aqui.

Esses critérios de aplicação com forma têm a vantagem de não variarem diante de mudanças teóricas, pois não explicitam o critério de identidade. Qualquer publicação que batize um táxon está afirmando um critério de aplicação da forma (CAT), que permanece válido a despeito de mudanças teóricas. No caso, poderíamos atribuir o enunciado (6) a Eugene Dubois em sua publicação de 1892, e ele permanece válido apesar do fato de a sistemática filogenética ter surgido nesse meio tempo. O próprio Lineu poderia ter feito enunciados da mesma forma de (6) e (7) para os táxons que batizou, e o fato de tê-lo feito antes do surgimento da teoria evolutiva não invalidaria seu batismo.

O ponto é que as expressões à direita dos bicondicionais em (6) e (7) dizem apenas que t tem de ser o mesmo táxon que *este*, e não dizem o que significa “ser o mesmo táxon que ...”. Precisamos, então, de um critério de identidade *sortal* para táxons, para então determinar critérios de identidade particulares (as “estruturas escondidas”) de, digamos, *H. erectus* e Agamidae. Trata-se, então, de explicitar qual é a relação *mesmo*_T na biologia ou, pelo menos, na sistemática filogenética contemporânea.

Pensamos que há três candidatos a um critério de identidade para táxons: *extensional*, *intensional–tipológico* e *intensional–genealógico*. Apresentamos esses três candidatos abaixo, e depois tentaremos mostrar que este último é o mais adequado.

- **Extensional:** t_1 é o mesmo táxon que t_2 se e somente se t_1 for constituído por exatamente os mesmos membros que t_2 .
- **Intensional–tipológico:** t_1 é o mesmo táxon que t_2 se e somente se todos e apenas os membros de t_1 apresentarem exatamente as mesmas características *intrínsecas* (morfológicas, fisiológicas, genéticas) que todos e apenas os membros de t_2 apresentam.
- **Intensional–genealógico:** t_1 é o mesmo táxon que t_2 se e somente se o último ancestral comum de todos os membros de t_1 for exatamente o mesmo que o último ancestral comum de todos os membros de t_2 .

Começamos pelo critério extensional. Sob esse critério, um táxon é concebido de modo semelhante a um conjunto matemático em uma teoria de conjuntos que incorpore o axioma da extensionalidade¹⁴. Até onde sabemos, há na literatura um único defensor do critério extensional para táxons. Trata-se de Bradley Wilson, que escreve: “duas linhagens são idênticas se e somente se forem compostas das mesmas entidades” (1995, p. 342).

O critério extensional encontra uma objeção óbvia. Uma de suas consequências é que determinada linhagem não poderia estar composta por mais

¹⁴Esse axioma afirma que dois conjuntos são idênticos se e somente se todo elemento do primeiro for também um elemento do segundo, e vice-versa.

nem menos entidades do que está composta, sob pena de que deixaria então de ser *aquela linhagem*. Consideremos as afirmações:

- (8) Se a célula *c* (sendo “*c*” o nome próprio de uma célula no corpo de Fifi) não tivesse existido, Fifi continuaria sendo Fifi.
- (9) Se Fifi (sendo “Fifi” o nome de uma cadela) não tivesse existido, *Canis familiaris* continuaria sendo *Canis familiaris*.
- (10) Se *C. familiaris* não tivesse existido, Mammalia continuaria sendo Mammalia.
- (11) Se Mammalia não tivesse existido, Vertebrata continuaria sendo Vertebrata.

Se adotássemos o critério de Wilson, teríamos de admitir que todas essas sentenças são contradições. Na verdade, cada uma dessas linhagens não só não poderia ter uma parte a menos (para continuar sendo a mesma linhagem) como também não poderia ter nenhuma a mais. Se Vertebrata, Mammalia, *C. familiaris* e Fifi não fossem compostos exatamente das partes que são de fato compostos, não seriam *essas* entidades. Kitts & Kitts, por exemplo, escrevem: “[u]ma espécie não é necessariamente composta por esses organismos que *de fato* a compõem [*which happen to compose it*] em dado momento de sua história” (1979, p. 615). E eis o que Sober escreve nesse sentido:

Considere o conjunto dos organismos em *Homo sapiens*. Eu sou um deles. Se eu não existisse, aquele conjunto não existiria. Mas a espécie sim. [...] E o mesmo é verdadeiro sobre classes naturais; o ouro ainda existiria e seria numericamente a mesma classe natural, mesmo se minha aliança e a matéria da qual ela é feita jamais tivessem existido. (SOBER, 1984, p. 337)

Poderíamos dizer que o problema é que o critério extensional conflita com a ideia amplamente aceita de que a existência de qualquer entidade biológica é contingente (GOULD, 1990), porque tornaria a existência de certas linhagens necessárias. Mas isso não seria verdade: o que ele faz é tornar a existência de certas entidades *necessária para* a existência de outras (por exemplo, de *C. familiaris* para a existência de Mammalia). A existência das entidades em si se tornaria mais contingente do que seria, por exemplo, em um critério intensional, pois dependeria em um grau ainda maior da existência de outras entidades também contingentes.

Outra objeção contra o critério extensional é que ele impediria que organismos que ainda não nasceram fossem incluídos na extensão da linhagem (KELLER; BOYD; WHEELER, 2003, p. 107n). O problema é que só poderíamos determinar (quando muito) a identidade de linhagens extintas. Indexar temporalmente a extensão do táxon, como de fato faz Wilson, não resolve esse

problema: a extensão de um táxon desde sua origem até o tempo t (em que ainda há organismos vivos pertencentes a esse táxon) não é *toda* a extensão desse táxon. A extensão inteira só é determinada quando o táxon é extinto.

Ao nosso ver, o problema mais sério é que o critério extensional parece supor como dado justamente aquilo que um critério de identidade deveria nos fornecer: um meio de determinar se algo cai ou não sob a extensão de um termo. Ainda assim, a extensão dos táxons supraespecíficos é levada em conta como um critério de aplicação no sistema lineano (AMORIM, 2002, p. 111).

Uma última objeção contra o critério extensional é a seguinte: a concepção de linhagem que desenvolvemos no capítulo 1 tem a consequência de que a existência de qualquer uma de suas partes (não importa qual) é necessária e suficiente para garantir a existência da linhagem. Se só restar um organismo em uma linhagem, enquanto esse organismo existir, a linhagem existe; da mesma forma, enquanto um gênero só tiver uma espécie, esse gênero persiste. Esse é mais um aspecto no qual linhagens diferem de sistemas: a existência de uma parte de um motor, ou de um único órgão de um organismo, não é capaz de sustentar a existência de todo o sistema em questão (CAPONI, 2011a; KITTS; KITTS, 1979).

Consideremos então o segundo candidato, o intensional tipológico. O critério intensional tipológico é pressuposto pelos biólogos vinculados à concepção dos táxons como classes naturais (Buffon, Cuvier, Lamarck), mas também por Kripke (1980), Putnam (em (1975), mas provavelmente não em (1990)), e, recentemente, por Devitt (2008). De acordo com o critério tipológico, cada táxon está associado a um conjunto de características ou propriedades cuja posse é separadamente necessária e conjuntamente suficiente para que um organismo pertença a ele. Já esboçamos argumentos contra esse critério quando comentamos a tese de Ghiselin de que é impossível fornecer definições intensionais para indivíduos (seção 1.5.1), e na seção 3.1, acima, mencionamos que ele é considerado incompatível com a evolução. Porém, cumpre examiná-lo mais detalhadamente e mostrar porque ele é inaceitável.

É importante perceber que as características propostas no critério são, na terminologia de Okasha (2002), *intrínsecas*, ou seja, poderiam ser observadas nos próprios organismos sem que seja necessário levar em conta as *relações* entre eles. A diferença entre o critério tipológico e o genealógico é que este último se refere a propriedades *relacionais*, não intrínsecas.

O argumento contra o critério tipológico depende, como qualquer argumento a favor ou contra um critério de identidade para táxons, de uma constatação sobre a prática dos biólogos: simplesmente não é o caso que eles agrupam os organismos com base em características intrínsecas. Há três tipos de características intrínsecas que poderiam dar corpo ao critério tipológico: morfológicas, fisiológicas e genéticas. Já mencionamos que as característi-

cas morfológicas e fisiológicas não são nem necessárias, nem suficientes para inclusão em um táxon. Para retomar rapidamente um exemplo, ser carnívoro não é necessário para ser parte de Carnivora (pensemos no urso panda); e tampouco é suficiente — houve dinossauros carnívoros, mas eles não são parte de Carnivora, pois esse táxon é uma ordem de Mammalia.

Por outro lado, Putnam (1975, p. 240) explicitamente escreve que o código genético é o que perfaz a “estrutura escondida” dos táxons, do mesmo modo que a composição química o faz no caso das substâncias. Mas a semelhança de código genético tampouco serve como critério necessário e suficiente para o pertencimento a um táxon. O alto grau de variabilidade genética presente no interior de uma espécie, e a possibilidade de ocorrerem mutações, fazem com que a posse de determinado genoma por um organismo não seja necessária para a inclusão em um táxon. Por outro lado, há um grau notável de semelhança quando os genomas de organismos pertencentes a diferentes espécies são comparados. Não é possível garantir, portanto, que o genoma será suficiente em todos os casos para diferenciar dois táxons.

Contudo, não devemos rejeitar o relato de Putnam a respeito de como se dá o estabelecimento dos critérios de identidade apenas pelo fato de que ele apresenta um critério errado para os táxons. Se ele estiver certo, e os critérios de identidade tiverem de ser derivados da própria prática dos cientistas, então devemos encarar *cum grano salis* os critérios que ele mesmo propõe. Aliás, os critérios de identidade são “eternos enquanto durarem”, isto é, seu caráter de necessidade (aplicabilidade em todos mundos possíveis circunscritos por uma teoria) perdura enquanto durar a teoria que os postula. A própria transição de critérios de identidade tipológicos para genealógicos, observada na história da biologia, atesta esse fato.

O consenso antiessencialista em filosofia da biologia foi bem-sucedido ao mostrar por que o critério tipológico não é adequado, mas não refuta o que estamos aqui chamando de critério genealógico. Esse critério é uma forma de critério essencialista de origem (seção 2.4.2) aplicado a táxons. No caso, a origem de um táxon é um ancestral comum; portanto, o critério genealógico afirma que *ser determinado táxon* equivale a *descender de determinado ancestral*. O significado do termo “ancestral” varia com o nível hierárquico¹⁵: pode se referir a um organismo, população, ou linhagem. Se entendermos que as espécies são linhagens de populações, então o ancestral comum a todos os membros de determinada espécie é uma população fundadora, que se isola reprodutivamente de outra população.

Uma espécie é um processo causal cuja origem é um evento de isola-

¹⁵Estamos aqui nos referindo ao nível hierárquico das linhagens no sentido amplo, não no lineano. Essa hierarquia *lato sensu* tem três níveis: organismos, populações, linhagens de populações.

mento reprodutivo. Ser membro de determinada espécie significa necessariamente participar *daquele* processo causal em particular que teve *aquela* origem em particular. Kitts & Kitts escrevem algo nesse sentido: “[a] origem de uma espécie é a origem do isolamento reprodutivo que é, por sua vez, a origem daquilo que identificamos como a relação necessária e exclusiva entre um organismo e sua espécie” (1979, p. 616). O critério genealógico também vale para táxons de grau mais alto na hierarquia. Ser membro de Agamidae significa descender do ancestral comum de *Agama* e de todos os outros gêneros dessa família.

Dissemos, no capítulo 1, que o que faz dos táxons entidades individuais é o fato de eles serem concebidos como linhagens. Além disso, definimos “linhagem” como um grupo formado por um ancestral e todos seus descendentes. O critério genealógico nada mais é do que uma aplicação desse conceito de linhagem. Enquanto no critério extensional, a existência de todos os membros da linhagem era necessário para que a linhagem existisse, no critério genealógico basta que o ancestral exista para que a linhagem exista. Em um mundo possível no qual esse ancestral não tem nenhum descendente, ele é o único membro da linhagem.

Aliás, é conveniente agora enunciarmos o critério genealógico em um contexto modal completo para que possamos derivar critérios de identidade particulares para todos os táxons. Enquanto na versão que enunciamos acima, utilizamos as variáveis t_1 e t_2 para os táxons, aqui estamos interessados em saber se um táxon qualquer t é o mesmo que determinado táxon do mundo atual, t^* . Da mesma maneira, o mundo atual será representado por w^* . Eis o critério genealógico em sua versão modal:

- (IG) Para qualquer mundo w , para qualquer t em w : t é o mesmo táxon que t^* se e somente se o último ancestral comum de todos os membros de t for exatamente o mesmo que o último ancestral comum (no mundo atual w^*) de todos os membros de t^* .

A observação entre parênteses tem por objetivo indicar que “o último ancestral comum de todos os membros de t^* ” tem de ser uma descrição definida rigidificada. Quer dizer, ela tem de denotar, em todos mundos possíveis, o ancestral comum *atual* de todos os membros de t^* . Podemos agora substituir t^* por um nome de táxon e obter critérios de identidade particulares. Por exemplo, para Agamidae:

- (12) Para qualquer mundo w , para qualquer t em w : t é o mesmo táxon que Agamidae se e somente se o último ancestral comum de todos os membros de t for exatamente o mesmo que o último ancestral comum (no mundo atual w^*) de todos os membros de Agamidae.

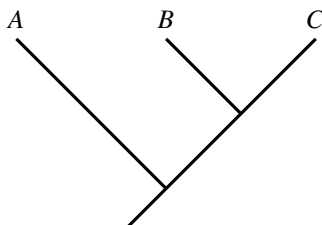


Figura 3.1: Contando táxons. Supondo que todos os táxons terminais são monofiléticos, cinco táxons estão representados nesse cladograma.

Note-se que não há qualquer referência a *Agama* como tipo nomenclatural. Isso se deve ao fato de que, como mencionamos, o aspecto ostensional é provisório, e serve para sustentar a referência até o estabelecimento de um critério de identidade particular. Do mesmo modo, não há qualquer referência a “o líquido neste copo” no critério de identidade particular “água é necessariamente H_2O ”. A existência da amostra de líquido no copo, assim como a existência de *Agama*, é contingente; porém, se não existisse H_2O , não existiria água, e se não existisse o ancestral comum dos membros de *Agamidae*, não existiria *Agamidae*. Porém, cabe enfatizar que é uma propriedade relacional — descender de um ancestral comum —, não intrínseca, que cumpre o papel de estrutura escondida no caso dos táxons.

Um último argumento em favor do critério genealógico é o seguinte: é esse o critério que os sistematas filogenéticos utilizam para *contar* táxons. Consideremos a figura 3.1. Se perguntado “quantos táxons estão representados neste cladograma?”, um sistemata filogenético responderia “se todos os táxons terminais forem monofiléticos, cinco”. Em adição aos três táxons terminais (que supostamente também são grupos formados por um ancestral e todos seus descendentes), cada grupo formado por um ancestral comum e seus descendentes é contado como um táxon.

Dado que, conforme mencionamos no início deste trabalho (seção 1.1), o que um conceito de espécie faz é precisamente isso — determinar sob que condições aquilo que pensávamos ser duas espécies é, na verdade, uma única — é inevitável que perguntemos: qual a diferença entre conceito de espécie e critério de identidade sortal para espécies? Uma resposta é a seguinte: o critério genealógico se aplica a táxons em qualquer grau hierárquico (não somente espécies), na medida em que eles sejam concebidos como grupos monofiléticos (ou linhagens). Porém, alguns autores (p. ex., QUEIROZ, 1999) supõem que há um hiato ontológico entre as espécies e os táxons supraespecíficos. Particularmente, pensamos que as espécies devam idealmente ser grupos monofiléticos também, e portanto “apenas mais um táxon” (MISHLER, 1999),

mas o critério de identidade aqui proposto é agnóstico em relação a essa disputa. Se as espécies forem grupos monofiléticos (de populações), o critério de identidade genealógico se aplica também a elas.

Uma outra resposta, baseada na ideia de divisão de trabalho conceitual proposta por Richards (2010, p. 13) é a de que haveria uma distância entre o que estamos chamando de critério de identidade (que Richards chama de *conceito teórico*) e os conceitos de espécie. Enquanto um critério de identidade é uma peça da teoria, os conceitos de espécie são tentativas de tornar esse critério empiricamente operacional. De acordo com outra interpretação (ERESHEFSKY, 2011; REYDON, 2003, 2011), o termo “espécie” é cooptado por diversos contextos teóricos diferentes (ecologia, microbiologia, taxonomia) e tem um significado particular e irreduzível em cada um deles. Segundo essa interpretação, é impossível chegar a um único conceito de espécie (e tampouco um único critério de identidade) porque não há um único tipo de entidade teoricamente relevante chamado de “espécie”. Mais uma vez, subscrevemo-nos à primeira interpretação, mas não havendo espaço para argumentar em favor dela aqui, ficamos novamente com a resposta agnóstica: o critério de identidade genealógico diz respeito ao contexto teórico da sistemática filogenética. Se esse contexto é universalizável para o restante da biologia, isso já é outra discussão.

3.4.2 Resolvendo o problema *qua*

O que dissemos até aqui já nos permite abordar o enigma levantado por Levine (2001), no sentido de que dizer, com Ghiseli e Hull, que a referência do nome próprio de uma espécie seja determinada pelo simples contato ostensional com um espécime-tipo é uma drástica subdescrição. Um defensor de Ghiselin e Hull poderia responder dizendo que as convenções de nomenclatura envolvem sortais, e que esses sortais fornecem o critério de identidade que talvez seja o “algo a mais” pelo qual Levine clama. Afinal, os próprios códigos de nomenclatura estabelecem sufixos para os nomes que funcionam como sortais, isto é, determinam qual o grau da hierarquia no qual se situa o objeto nomeado (v. tabela 3.1).

Porém, conforme aponta Ereshefsky (2001, p. 258–9), dizer que uma especificação do grau hierárquico está envolvido na definição não resolve o problema. Em primeiro lugar, essa resposta pressuporia que há critérios de identidade claros (Ereshefsky fala em “uma concepção prévia”) relacionados ao nível hierárquico superior envolvido na definição. Definir “Agamidae” como “a família que contém o gênero *Agama*” pressupõe que saibamos o que é uma família, qual o critério de identidade para famílias, e como esse nível da hierarquia difere de outros. Assim, os atuais códigos de nomenclatura taxonômica retêm a noção de que a hierarquia lineana é teoricamente signi-

GRAU	BOTÂNICA	ZOOLOGICA
Classe	-opsida (plantas superiores) -phycaceae (algas) -mycetes (fungos)	nenhum
Ordem	-ales	nenhum
Superfamília	nenhum	-oidea
Família	-aceae	-idae
Subfamília	-oideae	-inae
Tribo	-eae	-ini

Tabela 3.1: Sufixos que determinam o grau hierárquico de um táxon, de acordo com os códigos de nomenclatura botânica e zoológica. (Adaptada de Ereshefsky (2001, p. 222).)

ficativa; porém, essa noção é altamente questionável (ERESHEFSKY, 2001, capítulo 6).

Outro problema é que essas definições não são informativas a respeito de qual a relação entre a entidade apontada (o tipo) e o táxon nomeado (QUEIROZ; GAUTHIER, 1990, 1992, 1994). Diante da atual compreensão filogenética, presume-se que se trate sempre de uma relação de inclusão de uma linhagem em outra, mas “seria útil enunciar a definição de cada nome de táxon em termos de uma relação especificada com um tipo” (QUEIROZ; GAUTHIER, 1992, p. 460). Segundo De Queiroz, um último problema filosófico em relação às definições ostensionais é que elas não são capazes de fornecer condições necessárias e suficientes para legislar a aplicação de um nome (QUEIROZ, 1992). Ou seja, as definições ostensionais não nos informam quando, e somente quando, um nome de táxon pode ser aplicado (Cf. ERESHEFSKY, 2001, p. 26).

Essas considerações colocam em evidência o fato de que as chamadas “definições ostensionais” fornecem apenas critérios de aplicação, mas não critérios de identidade. Mas, para aplicar com sucesso o nome de um táxon, temos de conhecer os dois critérios. Acreditamos que uma descrição completa do que ocorre, de modo a resolver o problema *qua*, é a seguinte¹⁶. Primeiro, o autor do nome de um táxon fixa a referência do nome através de um tipo nomenclatural. Como subproduto dessa “definição ostensional”, pela mediação do código de nomenclatura relevante, é gerado um critério de aplicação, que garante que o nome se refira ao táxon que contenha o tipo nomenclatural. Desse modo, ao contrário do que afirmam Ereshefsky e De Queiroz nas citações acima, os critérios de aplicação *nos fornecem* critérios necessários

¹⁶Para um relato semelhante, porém, ao nosso ver, incompleto, ver LaPorte (2004)

e suficientes sobre quando aplicar um nome de táxon, o problema é que não nos dizem como identificar (ou reidentificar) seu referente.

É o contexto teórico que fornece então o critério de identidade sortal, que por sua vez traduz o que está do lado direito do bicondicional em um critério de aplicação. Esse critério de identidade permite que a comunidade reidentifique o referente por meio de um critério de identidade particular provisório do nome até reunir informações suficientes para postular um critério de identidade particular definitivo — até descobrir sua “estrutura escondida”.

Consideremos um exemplo. Já mencionamos que a espécie *Chamaeleo chamaeleon* Linnaeus, 1758 é a espécie-tipo do gênero *Chamaeleo*. Isso significa que o critério de aplicação do nome “*Chamaeleo*” é o seguinte (usamos colchetes para tornar a estrutura lógica mais legível):

- (13) Em qualquer mundo biologicamente possível w , para todo t em w : [o nome “*Chamaeleo*” pode ser aplicado a t] se e somente se [t mantém $mesmo_T$ com o táxon da categoria de gênero cujo tipo nomenclatural (em w^*) é a espécie-tipo *Chamaeleo chamaeleon* Linnaeus, 1758].

A expressão ao lado direito do bicondicional pode ser analisada, com a ajuda do critério de identidade sortal para táxons, de modo a gerar o seguinte critério de identidade particular provisório:

- (14) Em qualquer mundo biologicamente possível w , para todo t em w : [t mantém $mesmo_T$ com o táxon da categoria de gênero cujo tipo nomenclatural (em w^*) é a espécie-tipo *Chamaeleo chamaeleon* Linnaeus, 1758] se e somente se [t é o grupo formado pelo último ancestral comum atual de todos os táxons de *Chamaeleo* e todos seus descendentes].

A referência do nome do táxon é então determinada pelo seguinte enunciado:

- (15) Em qualquer mundo biologicamente possível w , para todo t em w : [o nome “*Chamaeleo*” pode ser aplicado a t] se e somente se [t é o grupo formado pelo último ancestral comum atual de todos os táxons de *Chamaeleo* e todos seus descendentes].

É um enunciado desse tipo que assegura a referência do nome de um táxon até que seu critério de identidade particular definitivo seja descoberto (se o for), ou seja, até que se determine com exatidão qual é o ancestral comum atual de todos os táxons de *Chamaeleo*. À primeira vista, esse enunciado pode parecer circular (“*Chamaeleo*” é mencionado à direita e à esquerda); porém, o critério de aplicação garante que o nome seja aplicado corretamente até que

a composição extensional (no mundo atual) de *Chamaeleo* seja descoberta. A partir daí, quem quer que seja o ancestral comum (atual) desses grupos será o ancestral comum de *Chameleo* em *qualquer* mundo possível (e sua composição extensional é contingente). Esse ponto fica claro na defesa que De Queiroz faz da metafísica do PhyloCode, que veremos a seguir. Porém, conforme veremos, o PhyloCode postula critérios de identidade particulares definitivos antes que a composição extensional dos grupos seja cohecida.

3.5 O idioma analítico de Kevin de Queiroz

No início da década de 1990, os sistematas Kevin de Queiroz e Jacques Gauthier propuseram que a taxonomia levasse a filogenia a sério, e que a incorporasse no sistema de nomenclatura (QUEIROZ, 1988; QUEIROZ; GAUTHIER, 1992, 1990). As ideias de De Queiroz e Gauthier culminaram no desenvolvimento do PhyloCode, um código de nomenclatura projetado para dar conta das relações de parentesco entre os táxons, cuja primeira versão foi publicada¹⁷ em 2000. O PhyloCode não foi a primeira proposta de taxonomia filogenética: a perspectiva filogenética já havia sido compatibilizada com a hierarquia lineana através da proposta amplamente aceita de Wiley (1979), o chamado *sistema lineano anotado*.

Antes de detalhar as propostas do PhyloCode, cumpre descrever brevemente o sistema anotado. Esse sistema desenvolve uma interpretação da hierarquia lineana desenvolvida por Hennig (1966), e nada mais é do que um conjunto de regras e convenções que buscam cooptá-la de modo que ela comunique a relativa recência de divergência entre duas linhagens quaisquer. Por exemplo, duas linhagens no nível de *filo* divergiram antes de duas linhagens no nível de *classe*.

Um dos problemas que o sistema lineano anotado tenta resolver é o fato de que há muito mais divergências de linhagens na filogenia do que há níveis na hierarquia lineana¹⁸. Por exemplo, Wiley incorpora em seu sistema uma convenção sugerida por Nelson (1972), chamada de *sequenciação*¹⁹ (ERESHEFSKY, 2001, p. 215). Segundo a convenção de sequenciação, diante de cladogramas assimétricos, contendo certo número de táxons monofiléticos, os táxons terminais podem ser todos classificados no mesmo nível hierárquico. Wiley (1979) cita o exemplo da família de insetos Miridae, cuja hipótese filogenética mais recente (baseada no estudo recente de Jung e Lee (2012)) é mostrada na figura 3.2.

¹⁷O PhyloCode é publicado online no endereço: <http://www.ohio.edu/phylocode/>

¹⁸Para uma apresentação mais detalhada do sistema lineano anotado, ver Wiley e Lieberman (2011, cap. 8) e Ereshefsky (2001, cap. 6).

¹⁹No original, *sequencing*. Estamos usando a tradução de Amorim (2002).

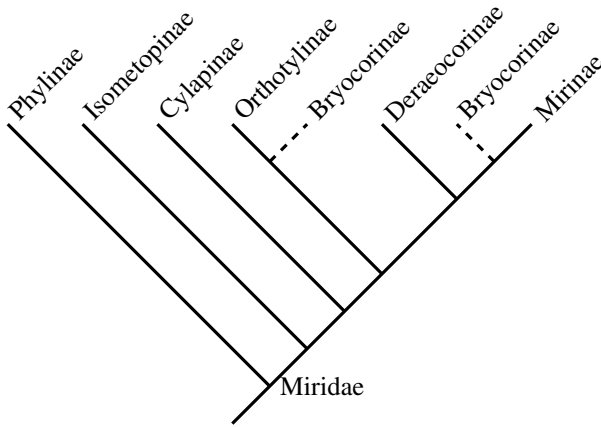


Figura 3.2: Cladograma para a família de insetos Miridae, baseado no estudo de filogenia molecular conduzido por Jung e Lee (2012). O estudo mostrou que há espécies classificadas na subfamília Bryocorinae que são irmãs de espécies de Mirinae e outras que são irmãs de espécies de Orthotylinae. Com isso, fica evidenciado o caráter polifilético da subfamília Bryocorinae.

Deixando de lado por ora o fato de que Bryocorinae parece ser um grupo polifilético (e, portanto, não um táxon natural), Wiley ressalta que, com a sequencição, todos os táxons que descendem do ancestral comum de Miridae podem receber o grau de subfamília, e devem ser listados por ordem de divergência do ancestral comum:

Família Miridae

- Subfamília Phylinae
- Subfamília Isometopinae
- Subfamília Cylapinae
- Subfamília Orthotylinae
- Subfamília Deraeocorinae
- Subfamília Bryocorinae
- Subfamília Mirinae

Assim, são necessários apenas dois graus da hierarquia (família e subfamília) e oito nomes de táxons. Se, por outro lado, cada divisão de linhagem implicasse a criação de um novo grau da hierarquia, seriam necessários oito graus hierárquicos e dezessete nomes de táxons.

Conforme ressaltamos acima, as recomendações e convenções que compõem o sistema lineano anotado são amplamente utilizadas, e se somam aos

códigos vigentes na regimentação da nomenclatura taxonômica. Entretanto, a hierarquia lineana não foi projetada para realizar classificações filogenéticas; por isso, sua aplicação encontra uma série de problemas. Já mencionamos o problema de que os graus lineanos não têm significado teórico, e foram cooptados para indicar, ainda que de modo aproximado, a história de divergência das linhagens.

Porém, Ereshefsky (2001, p. 218) cita um caso no qual a hierarquia lineana, mesmo no sistema anotado, impede que as relações genealógicas entre certos táxons seja comunicada de modo eficiente. Conforme vimos na seção 1.4.1, para a sistemática filogenética, o ancestral comum de todos os membros de qualquer táxon supraespecífico é sempre uma *espécie*. Para ilustrar o problema, suponhamos que temos uma família com a seguinte classificação:

Família A

Gênero B

Espécie D

Espécie E

Gênero C

Espécie F

Espécie G

Agora, se descobrirmos que a espécie D é o ancestral comum de todos os membros da família A, não temos como expressar essa relação utilizando o sistema lineano anotado.

Por fim, um último problema relacionado às tentativas de utilizar a hierarquia lineana em classificações filogenéticas foi particularmente importante em motivar De Queiroz e Gauthier a propor o abandono da hierarquia lineana. Em uma tentativa de trazer considerações filogenéticas para dentro da taxonomia clássica, autores como Wiley (WILEY, 1979, 1981; WILEY; LIEBERMAN, 2011) propõem que apenas grupos monofiléticos sejam considerados táxons válidos²⁰. Essa visão é praticamente unânime na biologia contemporânea. Como consequência, ao interagir com certas regras de sinonímia e precedência hoje vigentes, essa tendência tem gerado grande instabilidade nos nomes dos táxons. De acordo com os atuais códigos de nomenclatura, se um mesmo táxon for nomeado duas vezes, tem prioridade o nome mais antigo, e o mais novo passa a ser considerado um sinônimo dele.

Vejamos um exemplo de De Queiroz e Gauthier sobre por que a regra de prioridade causa problemas (QUEIROZ; GAUTHIER, 1992, 1994). Agamidae e Chamaeleonidae eram duas famílias de lagartos pertencentes à subordem Sauria. Entretanto, uma análise de Frost e Etheridge (1989) sugeriu que

²⁰ Isso significa que Bryocorinae, em nosso exemplo sobre Miridae, não é um táxon válido.

a família Agamidae é, na verdade, um grupo parafilético (v. fig. 3.3). Diante dessa constatação, há duas medidas que podem ser tomadas para que os grupos nomeados sejam monofiléticos²¹. A primeira solução seria *agrupar* Agamidae juntamente com Chamaeleonidae; porém, pela regra da precedência do nome mais antigo, o nome dessa família passaria a ser Chamaeleonidae, e Agamidae seria um sinônimo para ela. O nome do táxon previamente batizado de “Chamaeleonidae” deveria mudar para “Chamaeleoninae”, indicando que seu grau hierárquico mudou de família (sufixo “-idae”) para subfamília (“-inae”), ou então permanecer sem nome. Outra solução seria *separar* Agamidae de modo a obter dois grupos monofiléticos, Leiolepididae e Agamidae. Nesse caso haveria uma sobreposição com duas subfamílias já existentes, Leiolepidinae e Agaminae, que teriam de ser elevadas ao grau de famílias e renomeadas como “Leiolepididae” e “Agamidae”, respectivamente.

Por essas e outras razões²², De Queiroz vem liderando uma proposta de reforma para o sistema de taxonomia: o PhyloCode. De Queiroz argumenta que o principal problema é que a taxonomia abraçou apenas parcialmente as ideias evolucionistas (nesse sentido, a obra de Hennig (1966) foi de indiscutível importância), mas tentou implementá-las sem abandonar sua infraestrutura que ainda é, em grande medida, pautada pela hierarquia de Lineu (QUEIROZ, 1988). No centro da reforma proposta por De Queiroz está uma reformulação da maneira como a referência dos nomes dos táxons é fixada e transmitida.

Um aspecto do PhyloCode é imediatamente evidente se aceitarmos a tese de Ghiselin de que indivíduos não têm propriedades definitórias: a proposta de De Queiroz é que os nomes próprios dos táxons sejam *definidos* filogeneticamente. Nesse sentido, De Queiroz contrasta *definição* e *diagnóstico*:

Definições são enunciados que especificam o significado dos nomes dos táxons [...]. *Diagnósticos* são enunciados especificando como determinar se dada espécie ou organismo é representativo do táxon (clado) ao qual um nome em particular se refere [...]. (QUEIROZ; GAUTHIER, 1992, p. 461, grifos no original)

Dizer que um nome de táxon é *definido* já implica um procedimento diferente daquele adotado nos códigos de taxonomia vigentes. O procedimento de tipificação nomenclatural que vimos acima supõe que determinado táxon

²¹Na literatura, os taxonomistas que julgam mais adequadas as medidas agrupadoras são conhecidos como *lumpers* (algo como “agrupadores”), enquanto aqueles que consideram as medidas separadoras mais adequadas são chamados de *splitters* (“separadores”).

²²Argumentos em favor do abandono da hierarquia lineana podem ser encontradas no já citado Ereshefsky (2001), e em qualquer dos artigos de De Queiroz aqui citados. A versão mais resumida e acessível é, entretanto, De Queiroz e Gauthier (1994).

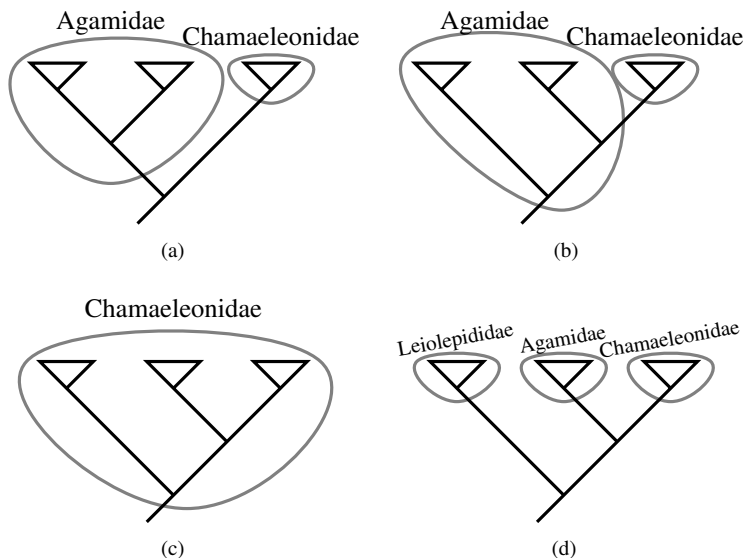


Figura 3.3: Exemplo de problema resultante da tentativa de compatibilizar a hierarquia lineana com a sistemática filogenética. (a) Hipótese antiga a respeito da relação entre duas famílias de lagartos, na qual tanto Agamidae quanto Chamaeleonidae são monofiléticos. (b) Nova hipótese, na qual Agamidae é parafilética. Diante dessa nova hipótese, há duas soluções possíveis. (c) A solução dos “agrupadores” (*lumpers*) é transformar “Chamaeleonidae” em um táxon mais inclusivo, e o nome do táxon previamente batizado com esse nome deve mudar para “Chamaeloninae” ou permanecer sem nome. (d) A outra solução possível, a tendência dos “separadores” (*splitters*) é promover duas subfamílias (Leiolepidinae e Agaminae) a famílias e, conseqüentemente, mudar seus nomes para “Leiolepididae” e “Agamidae”. (Figura adaptada de Queiroz e Gauthier (1994, p. 28).)

já existe, sua monofilia é relativamente bem aceita, e por isso merece ser batizado. Se o táxon se revelar parafilético ou polifilético (como no exemplo de Bryocorinae, acima), a nomenclatura deve ser revista. O PhyloCode, por outro lado, tem um sistema de *definições* que garante que os táxons nomeados sejam sempre monofiléticos²³; porém, uma de suas desvantagens é o fato de ele resulta em uma abundância de nomes desinteressantes.

Na proposta de De Queiroz, então, as definições devem fornecer critérios necessários e suficientes para identificar o referente de um nome. Cada definição filogenética do PhyloCode é um exemplo daquilo que chamamos de *critério de identidade particular*, acima, e se baseia completamente em relações filogenéticas. Nesse aspecto, um nome de táxon não é uma descrição abreviada de um conjunto de características morfológicas, mas sim uma descrição definida abreviada de uma certa posição na árvore da vida. Ora, do ponto de vista filogenético, a presença ou ausência de determinada característica não é “nem necessária nem suficiente para que um organismo possa ser considerado parte de um táxon” (QUEIROZ, 1992, p. 300), pois a semelhança de características não é a *causa* da relação de descendência. Evidentemente, na perspectiva darwiniana, o que ocorre é o contrário: a ancestralidade comum é, ela sim, a causa da semelhança de características, por isso, é a primeira que deve ser usada como nexa de um sistema de classificação dos seres vivos. O critério que é tanto necessário quanto suficiente para que um organismo faça parte de um táxon, então, é o fato de esse organismo ter descendido de um ancestral em particular (QUEIROZ, 1992, p. 300).

O PhyloCode propõe o abandono da hierarquia lineana, na medida em que haveria apenas dois tipos básicos de entidades: espécies e clados (grupos monofiléticos). Conforme mencionamos anteriormente, se essa divisão é ontologicamente significativa ou meramente convencional ainda é um ponto de debate na filosofia da biologia. Diferentemente do sistema lineano, no PhyloCode não há graus hierárquicos, ou seja, desaparece a noção de que um reino é “maior” que um filo, que por sua vez é “maior” que uma classe, etc.; há apenas linhagens mais ou menos inclusivas, e quanto mais inclusiva, mais antiga é a linhagem. Qualquer linhagem mais inclusiva que uma espécie, não importando o tamanho, é um clado²⁴.

Vejamos, então, como o PhyloCode propõe que sejam feitas as “definições” dos nomes dos táxons. Em sua última versão, o PhyloCode delega as definições dos nomes de espécie aos outros códigos (ICZN, ICBN, ICNB); porém, para nomes de clados, propõe três maneiras de dar definições: baseada

²³No PhyloCode, é possível também dar definições filogenéticas para táxons parafiléticos e polifiléticos, mas o sistema evita que isso seja feito “acidentalmente” (MOORE, 1998).

²⁴Poderíamos dizer que diferença entre espécies e clados reside apenas no fato em que a espécie é o mais alto grau de inclusão no qual os *relata* imediatos das relações de parentesco ainda são organismos individuais. Dali em diante, os *relata* são linhagens inteiras.

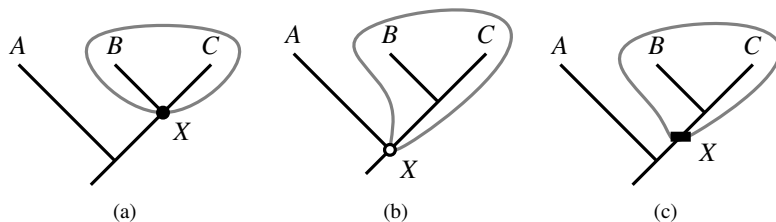


Figura 3.4: As três formas de definir o nome de um clado, segundo De Queiroz. (a) Definição baseada em nó. O nome “X” é definido como “o clado menos inclusivo contendo B e C”. (b) Definição baseada em ramo. O ancestral comum a todos os membros do clado é o descendente imediato do ancestral representado por um círculo vazio. O nome “X” é definido como “o clado mais inclusivo contendo B mas não A”. (c) Definição baseada em apomorfia. O retângulo cheio representa uma apomorfia compartilhada (uma *sinapomorfia*) por B, C, e pelo ancestral comum de B e C. O nome “X” é definido como “o clado mais inclusivo que exibe o estado de caráter M que seja sinapomórfico com aquele em B” (Figura adaptada de Queiroz e Gauthier (1990).)

em nó (*node-based*), baseada em ramo (*stem-based*), e baseada em apomorfia. A grande diferença do PhyloCode em relação ao sistema lineano é o fato de que a referência dos nomes de clados (não de espécies) não é fixada por tipos nomenclaturais, mas sim por *especificadores*, que podem ser nomes de espécimes, espécies, clados ou apomorfias. Um mínimo de dois especificadores é necessário para fixar a referência de um nome de táxon. Brevemente, os três tipos de definição podem ser descritos da seguinte maneira (v. Fig. 3.4; exemplos extraídos de Queiroz e Gauthier (1990, p. 310)):

1. Na **definição baseada em nó**, o nome de um táxon é definido como o grupo formado pelo último ancestral comum de dois ou mais outros táxons (que funcionam como especificadores), e todos seus descendentes²⁵. Por exemplo, o nome “Lepidosauria” (répteis com escamas) pode ser definido como “o último ancestral comum de *Sphenodon* e Squamata e todos seus descendentes”, ou então “o táxon menos inclusivo contendo *Sphenodon* e Squamata”. No caso, *Sphenodon* e Squamata são os especificadores.
2. Na **definição baseada em ramo**, o nome de um táxon é definido como o o grupo de entidades compartilhando um ancestral comum mais re-

²⁵ Alternativamente, a definição pode ter a forma “o táxon *menos* inclusivo contendo A, B...Z”, onde A, B...Z são nomes de táxons que servem como especificadores.

cente entre si que em relação a um grupo externo²⁶. Por exemplo, “Lepidosauromorpha” pode ser definido como “*Sphenodon* e Squamata e todos os Sauria que compartilham um ancestral mais comum entre si que com crocodilos e aves”, ou ainda como “o clado mais inclusivo contendo *Sphenodon* e Squamata”.

3. Um nome é definido a partir de **apomorfia** quando se refere ao primeiro ancestral a possuir determinada sinapomorfia, e o conjunto de seus descendentes. Por exemplo, “Tetrapoda” é geralmente definido como “o primeiro vertebrado a possuir dígitos (mãos e pés ao invés de nadadeiras) e todos seus descendentes”.

Assim, no PhyloCode, cada nome de táxon é explicitamente vinculado a um critério de identidade particular por uma dessas três formas. A ideia é que o PhyloCode seja um grande sistema de definições filogenéticas, um verdadeiro *idioma analítico* no qual cada nome aponta, por meio de uma “definição”, para um grupo monofilético na árvore da vida. Qualquer uma das três formas de definição garante que o táxon “definido” seja monofilético, o que resolve alguns problemas encontrados pela nomenclatura lineana, mas cria outros que veremos adiante. Na prática, conforme mostra Kojima (2003), as três formas de definição são equivalentes a apontar para um nó (ancestral comum) em um cladograma e incluir no grupo nomeado todos os ramos que partirem desse nó. Sendo assim, utilizaremos em nossa análise apenas exemplos de definições baseadas em nó.

Antes de avançarmos, vejamos como o PhyloCode supostamente resolve o problema sobre as famílias de lagartos (Agamidae, Chamaeleonidae, etc.) apresentado acima (QUEIROZ; GAUTHIER, 1994). O primeiro passo para definir um nome no PhyloCode é estipular os especificadores. Todos os táxons menos inclusivos (círculos abertos na figura 3.5(a)) poderiam ser os especificadores da definição de “Agamidae”, embora, dependendo do caso, é desejável utilizar menos táxons como especificadores. Do mesmo modo, poderíamos estipular que os táxons menos inclusivos que supostamente fazem parte de Chamaeleonidae são os especificadores (círculos fechados na figura 3.5(a)) para a definição de “Chamaeleonidae”. Em seguida, podemos definir “Agamidae” como “o ancestral comum mais recente dos especificadores e todos seus descendentes”. Assim, diante da nova hipótese filogenética (figura 3.5(b)), não há mudança na grafia do nome, e tampouco há a interferência de relações de sinonímia e hierarquia relativa. Porém, essa estabilidade nomenclatural vem às custas de uma instabilidade no conteúdo dos táxons (v. seção

²⁶Isto é, uma forma possível de enunciar essa definição é “o clado que consiste de *A* e todos os organismos ou espécies que compartilham um ancestral comum mais recente com *A* que com *Z*”. Essa forma é equivalente à definição mais breve “o clado mais inclusivo contendo *A* mas não *Z*”.

3.5.2): sob o nome “Agamidae”, na segunda hipótese, passam a ser incluídos as duas subfamílias e onze gêneros de Chamaeleonidae.

3.5.1 Definições filogenéticas como critérios de identidade particulares

A princípio, pode parecer que o PhyloCode resolve o problema *qua* de uma forma mais eficiente que o sistema lineano, pois, ao contrário do que afirmam Härlin (2003, 1998) e Wiley e Lieberman (2011, p. 253), um nome no sistema do PhyloCode designa sempre o mesmo ancestral, a despeito da hipótese filogenética de fundo. Porém, como veremos mais adiante, essa forma de resolver o problema *qua* transforma critérios de identidade em critérios de aplicação, o que gera alguns problemas. Para analisar esse ponto, voltemos a uma questão colocada no início deste capítulo (seção 3.2), e vejamos mais um exemplo a respeito de como poderíamos definir filogeneticamente o nome “Mammalia”.

Tradicionalmente, o nome era aplicado ao nó no qual a linhagem do *Morganucodon* divergia dos outros mamíferos (v. figura 3.6(c) e (d)). Segundo Benton (2005, p. 289) esse nó representa a aquisição de um caráter-chave dos mamíferos, a posse de uma única junção mandibular. De acordo com essa definição, “Mammalia” pode ser definido, digamos, como “o ancestral comum mais recente de Morganucodontidae e Marsupialia, e todos seus descendentes”. Em 1988, Rowe propôs uma definição alternativa (v. figura 3.6(a) e (b)), na qual reservava o nome “Mammalia” para “o táxon que se origina com o ancestral comum mais recente dos Monotremata e Theria existentes” (1988, p. 241). Recentemente, Kielan-Jaworowska, Cifelli e Luo (2004) retomaram a definição tradicional, argumentando que esse é o uso mais comum do nome, além de ser o mais estável em termos de seus táxons componentes, e é o que melhor expressa a significância das novidades evolutivas do grupo.

Entretanto, em uma discussão com Ghiselin, De Queiroz aceita a definição de Rowe (QUEIROZ, 1992; GHISELIN, 1995; QUEIROZ, 1995). Para acompanhar a discussão, é essa a definição que seguiremos aqui, mas a modificaremos seguindo a sugestão de De Queiroz, de usar cavalos (um membro de Placentalia) e equídnas (membro de Monotremata) como especificadores. Para todos os efeitos, ela é equivalente à da figura 3.6(a). Utilizando *Tachyglossus aculeatus* como a espécie de equídna, a definição completa fica²⁷:

²⁷ Alternativamente, poderíamos utilizar outras espécies para realizar essa definição, dizendo que Mammalia é o clado formado pelo último ancestral comum de *Ornithorhynchus anatinus* Blumenbach 1800 (o ornitorrinco) e *Homo sapiens* Linnaeus 1758, e todos seus descendentes.

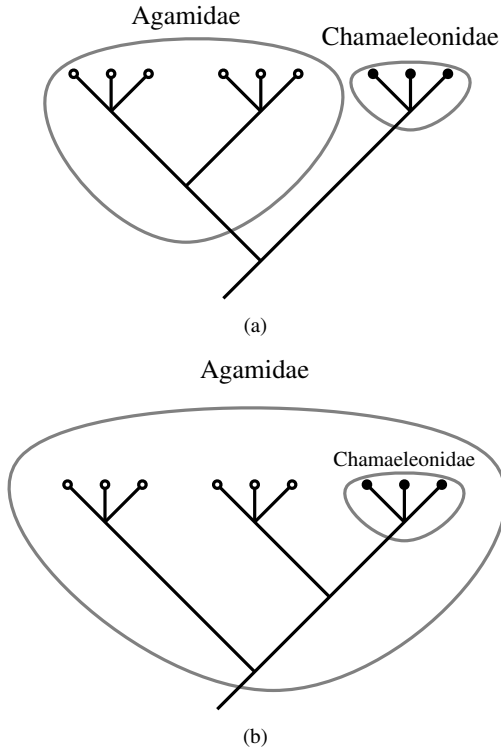


Figura 3.5: Estabilidade da grafia dos nomes, e instabilidade do conteúdo dos táxons, no PhyloCode. (a) Primeira hipótese filogenética. “Agamidae” é definido como “o ancestral dos especificadores denotados por círculos abertos e todos seus descendentes”. Por sua vez, “Chamaeleonidae” é definido como “o ancestral dos especificadores denotados por círculos fechados e todos seus descendentes”. (b) Após a mudança da hipótese, o nome continua se referindo ao grupo formado pelo mesmo ancestral comum e todos seus descendentes, porém, o conteúdo de Agamidae muda. O número de táxons mostrados nesse cladograma foi reduzido; se essa hipótese e a nomenclatura do PhyloCode fosse aceita, as duas subfamílias e onze gêneros de Chamaeleonidae seriam incluídas em Agamidae. (Figura adaptada de Queiroz e Gauthier (1994).)

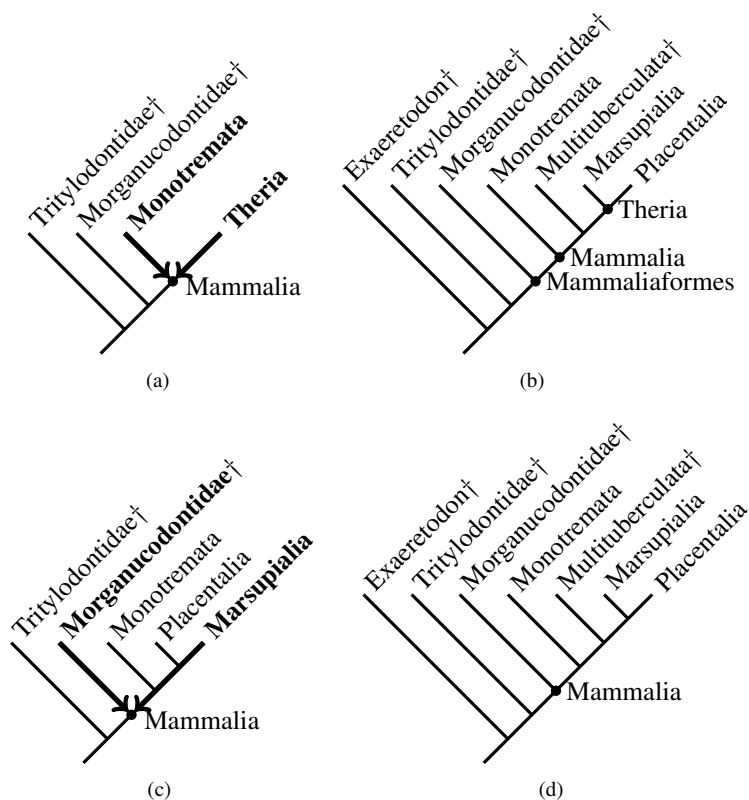


Figura 3.6: Definição filogenética de “Mammalia”, com adagas (†) indicando clados extintos. Esse exemplo não envolve uma mudança de hipótese sobre a relação filogenética entre os grupos envolvidos. (a) A definição de Rowe (1988), sendo que Theria é o clado composto por Marsupialia e Placentalia. (b) Cladograma apresentado por Rowe, e alguns dos clados nomeados por ele: Theria, Mammalia, Mammaliaformes. (c) A definição filogenética tradicional de “Mammalia”, aceita por Kielan-Jaworowska, Cifelli e Luo (2004), Benton (2005) e Luo (2007). (d) De acordo com a definição tradicional, a origem de Mammalia é um ancestral mais antigo do que aquele apontado por Rowe. (Cladograma baseado em Rowe (1988).)

(DM) Mammalia é o clado formado pelo último ancestral comum de *Tachyglossus aculeatus* Shaw 1792 e *Equus caballus* Linnaeus 1758, e todos seus descendentes.

O que os especificadores fazem, conforme assinala Ghiselin (1995), é servir como pontos de referência para apontarmos para um clado. De acordo com De Queiroz, porém, ser um descendente do ancestral comum de cavalos e equídeos é uma propriedade *necessária e suficiente* para que um organismo qualquer seja membro de Mammalia (QUEIROZ, 1992, 1995). É precisamente esse o ponto do qual Ghiselin discorda, pelo fato de que assim estamos estabelecendo uma propriedade definitória, postulando uma essência para o clado:

A definição de uma espécie por designação de um tipo envolve mostrar um componente, que é entendido como sendo um componente da espécie que é nomeada. Semelhantemente, quando definimos o nome de um organismo, podemos “apontar para” apenas uma parte dele, por exemplo, uma barba. Mas em nenhum caso encontramos uma propriedade de um organismo ou espécie individual que é logicamente necessária, no sentido de que as coisas não poderiam ser de outra maneira. (GHISELIN, 1995, p. 221)

Mais adiante, Ghiselin interpreta o sistema de De Queiroz como uma variação do sistema de tipificação nomenclatural:

[No sistema de De Queiroz,] [n]omeamos cada clado “apontando” para aquele clado particular, ao invés de qualquer outro clado. Embora o façamos indiretamente, apontando para duas de suas partes, ainda assim o galho inteiro da árvore é a coisa nomeada. [...] Diante de condicionais contrafatuais, deveria ser evidente que o clado nomeado é o mesmo que existe agora, antes de as partes enumeradas existirem, e seria o mesmo clado mesmo se a história tivesse sido em algum sentido diferente. (GHISELIN, 1995, p. 221)

O ponto é que Ghiselin comete uma petição de princípio a respeito de o que configuraria “ser o mesmo clado” diante de uma história contrafactual, ou mesmo na história atual (nesse caso, antes de os especificadores existirem). A resposta de De Queiroz, por outro lado, é satisfatória: “ser o mesmo clado” significa “descender do mesmo ancestral”. Dessa maneira, vemos que Ghiselin de certa maneira repete as teses de Kripke, mas não as leva às últimas consequências; enquanto Kripke, quando pressionado, cai em uma posição essencialista de origem, Ghiselin permanece com uma noção de identidade

irredutível, semelhante à noção medieval de *haecceitas*, ou “estidade” primitiva (ADAMS, 1979). A noção de identidade primitiva parece inaceitável para as definições dos *táxons*, pois parece não somente trazer de volta o problema *qua*, como também, em consequência, prejudicar a eficácia da comunicação científica²⁸.

Na perspectiva de De Queiroz, um clado deixaria de ser ele mesmo se o ancestral comum que lhe dá origem fosse outro. No que diz respeito à definição de “Mammalia”, De Queiroz afirma que não é necessário que cavalos e equídnas (os especificadores) tivessem existido. Entretanto, utilizamos esses dois táxons para *apontar* para um ancestral comum, e dizemos que *descender dele* é uma condição necessária e suficiente para pertencer ao clado nomeado. Dito de outra maneira, podemos afirmar que ser mamífero é ser um descendente daquele que foi o ancestral comum mais recente de cavalos e equídnas *no mundo atual*. Ou seja, em qualquer mundo possível, um organismo qualquer é um mamífero (é parte de Mammalia) se e somente se *descender desse* ancestral.

As definições filogenéticas estabelecem condições necessárias e suficientes para que algo seja *parte* de um indivíduo. Para traçar uma analogia com o caso dos organismos individuais, tais definições são semelhantes ao que ocorreria se apontássemos para um zigoto e disséssemos “todo e qualquer descendente desta célula será parte deste organismo”. Mais uma vez, nos termos de Okasha (2002): propriedade definitória em questão não é intrínseca, mas relacional. E De Queiroz percebe isso claramente:

A entidade ou entidades apontadas não são a entidade cujo nome está sendo definido, mas apenas partes dela. Portanto, apontar para essas partes não define o nome do todo; apenas especifica um ponto de referência [(um ancestral comum)]. Uma relação particular com o ponto de referência, não o ponto de referência em si, é a propriedade necessária e suficiente. (QUEIROZ, 1992, p. 305)

O pomo da discórdia da discussão entre Ghiselin e De Queiroz é a questão de que as definições filogenéticas resultariam em verdades *logicamente* necessárias. Afinal, De Queiroz faz afirmações que talvez soem demasiado fortes para Ghiselin, como a seguinte²⁹:

É logicamente necessário que um organismo seja parte do clado que tem origem no ancestral comum mais recente de cavalos e

²⁸ Ainda assim, como veremos adiante, é possível manter que, no contexto de uma definição filogenética particular, a identidade dos especificadores e do ancestral comum é primitiva.

²⁹ O uso de “cavalo” tem de ser entendido como se referindo apenas aos cavalos do mundo atual, ou nos mundos em que são, de fato, descendentes do ancestral comum de Mammalia.

equidnas para que ele seja um mamífero. Um descendente desse ancestral que não é um mamífero, por exemplo, um cavalo não-mamífero, é uma impossibilidade lógica, ou contradição em termos, da mesma ordem que um marido não-casado. (QUEIROZ, 1995, p. 224)

O que De Queiroz está chamando de “logicamente necessário”, aqui, parece ser algo no sentido de “metafisicamente necessário”, ou seja, em qualquer mundo (biologicamente) possível, para que algo seja parte de Mammalia, tem de descender daquele ancestral. Portanto, esse ancestral tem de ser designado rigidamente, de algum modo. Eis o que De Queiroz escreve nesse sentido:

Ser uma parte de um clado particular que contingentemente acabou dando origem a cavalos e equidnas no mundo atual é o que é logicamente necessário para ser um mamífero, e não ser parte de um clado que imediatamente e necessariamente deu origem a cavalos e equidnas em todos os mundos possíveis. [...] Mesmo em um mundo contrafactual em que cavalos não existissem, ainda assim seria logicamente necessário que um organismo descendesse do ancestral comum que deu origem a cavalos e equidnas no mundo atual para que ele fosse um mamífero. (QUEIROZ, 1995, p. 225)

Ou seja, “o último ancestral comum de cavalos e equidnas” deve ser entendido como uma descrição definida rigidificada, significando “o último ancestral comum *atual* de cavalos e equidnas”. Além disso, nos termos de Donnellan (v. seção 2.4.1), ela é usada *atributivamente*. Isso garante que ela se refira ao mesmo indivíduo em todos mundos possíveis.

Na prática, essa descrição equivale ao nome próprio de um ancestral comum, sendo ele explicitado ou não. Algumas das descrições definidas que se referem a ancestrais comuns são tão frequentes que acabam sendo convertidas em nomes próprios. É o caso de nomes como “Eva Mitocondrial” (ancestral comum mais recente de todas as mitocôndrias da espécie humana) e “Adão do cromossomo Y” (ancestral comum mais recente de todos os cromossomos Y da espécie humana). Para “o último ancestral comum de cavalos e equidnas *no mundo atual*” podemos usar o nome próprio “Concestral 15”, proposto por Dawkins (2004). Nomes próprios desse tipo, cuja referência é fixada por uma descrição, são chamados de *descritivos* por Evans (1985b), e de *atributivos* por Kripke (1980, p. 85n). Exemplos de nomes cuja referência é fixada por uma descrição (usada atributivamente) são: o nome “Garganta Profunda”, atribuído a quem quer que fosse o informante sobre o envolvimento do presidente norte-americano Richard Nixon no caso Watergate; “Jack o

Estripador”, nome dado ao *serial killer* que atuou no ano de 1888 em Londres; e “Vulcano”, nome de um planeta hipotético supostamente situado entre Mercúrio e o Sol (EVANS, 1985b, p. 181). Kripke cita ainda o exemplo de “Gödel”, usado atributivamente para designar “o homem que atualmente provou o teorema da incompletude da aritmética”, mesmo que esse homem tenha sido Schmidt.

Retornando à definição de Mammalia, podemos então afirmar que ser descendente de Concestral 15 é tão necessário para um organismo ser parte de Mammalia quanto ter a estrutura química H_2O é necessário para uma molécula ser de água. Por outro lado, a constituição extensional de Mammalia, isto é, o conjunto de táxons que cai sob a extensão de “parte de Mammalia” é contingente, ou seja, varia de um mundo possível para outro. Pode haver inclusive mundos possíveis nos quais cavalos e equídeos não existem, e mundos possíveis nos quais Mammalia é constituído por uma única espécie. Porém, em qualquer mundo possível, ser um mamífero é ser um descendente do ancestral comum a todos mamíferos no mundo atual. Isso não quer dizer que a *existência* desse ancestral é necessária, mas naqueles mundos em que ele não existe, tampouco existe Mammalia.

Aqui talvez caiba a distinção entre o que é necessidade *metafísica e epistemológica*. Poderíamos dizer que a existência dos especificadores, e sua presença em um cladograma, é epistemologicamente necessária para *identificarmos* Mammalia. Porém, o que confere *existência e identidade* a Mammalia é o ancestral comum mais recente dos especificadores, mesmo nos mundos possíveis em que eles não existam.

Há um ponto importante a ser levantado nesse sentido. Se aceitamos a definição filogenética de “Mammalia” que demos acima (DM), uma sentença como “*Equus caballus* Linnaeus 1758 é parte de Mammalia” é *contingente a priori*. Kripke (1980) argumentou que os conceitos de necessidade e aprioricidade, unidos por Kant, podem ser separados. Segundo Kripke, há uma frequente confusão entre aquilo que pode ser conhecido com certeza, e aquilo que é metafisicamente necessário (1980, p. 34). O exemplo de Kripke é o seguinte (1980, p. 54ss): chamemos de *S* a barra de metal que costumava servir como padrão de medida do metro, e suponhamos que t_0 é o momento no qual fixamos a referência do termo “um metro” através da descrição “o comprimento de *S*”. Agora, “a barra *S* tem um metro de comprimento em t_0 ” é uma sentença contingente a priori. Ela é contingente, pois *S* poderia não ter um metro de comprimento em t_0 (digamos, se tivesse sido aquecida). Por outro lado, certamente é conhecida a priori, já que usamos a descrição “o comprimento de *S*” para fixar a referência de “um metro”.

O mesmo ocorre com sentenças envolvendo os especificadores e os cladogramas dos quais fazem parte, como “*Equus caballus* Linnaeus 1758 é parte de Mammalia”. Ela é contingente, pois *E. caballus* poderia não ser um descen-

dente do ancestral comum de Mammalia. Esta última frase é tornada verdadeira tanto por mundos possíveis em que *E. caballus* existe mas não é um descendente do ancestral comum de Mammalia, quanto naqueles em que não existe (como é o caso do mundo atual antes do surgimento dessa linhagem). Por outro lado, “*E. caballus* é parte de Mammalia” é a priori, porque usamos uma descrição que envolvia um dos ancestrais de *E. caballus* e todos seus descendentes para fixar a referência de “Mammalia”. A geração de sentenças contingentes a priori não ocorre exclusivamente no PhyloCode; no sistema de tipificação nomenclatural lineano, ocorre o mesmo (LAPORTE, 2003). Um exemplo seria “Trinil 2 é parte de *Homo erectus*”.

Enfim, está claro que a discussão entre Ghiselin e De Queiroz diz respeito ao critério de identidade para táxons. Para Ghiselin, um indivíduo é algo que não apresenta propriedades necessárias, e os táxons, como entidades individuais, não são exceções. Sob essa perspectiva, não é possível fornecer critérios de identidade para táxons. Para De Queiroz, por outro lado, o fato de ter se originado de determinado ancestral é uma propriedade necessária de um táxon; sua constituição extensional é contingente. A identidade de origem é, para esse autor, o critério de identidade para táxons.

Conforme mencionamos anteriormente, a proposta de De Queiroz vem encontrando grande resistência entre a comunidade de sistematistas, e pode ser que, em última instância, o PhyloCode não seja adotado. Examinaremos a seguir essas objeções.

3.5.2 Objeções ao PhyloCode

Há inúmeras dificuldades de ordem prática relacionadas ao PhyloCode, dificuldades estas que provavelmente terminarão por inviabilizar sua adoção unânime pela comunidade de biólogos³⁰. Optamos por apresentar aqui dois problemas de ordem predominantemente teórica, pois eles são causados pelas propriedades dos nomes no PhyloCode que apresentamos acima. Ambos os problemas decorrem do fato de que, como afirma Gerry Moore,

Sob a abordagem da nomenclatura filogenética, vejo o processo de classificação sendo colocado em piloto automático. Os taxonomistas forneceriam as definições e filogenias explícitas, e o sistema nomenclatural cuidaria do resto. (MOORE, 2003, p. 16)

O “piloto automático” a que se refere Moore é justamente o fato de os nomes se reajustarem automaticamente diante de novas hipóteses filogenéti-

³⁰Basta pensar na quantidade de espécies e táxons superiores descritos, e na tarefa que seria revisar a filogenia de todos eles e criar definições filogenéticas para seus nomes (WILEY; LIEBERMAN, 2011).

cas. O primeiro problema que discutiremos é o fato de que os reajustes feitos dessa maneira *conflitam com as intenções dos taxônomos* ao usar um nome.

Um exemplo de Wiley e Lieberman (2011, p. 253) ilustra essa constatação. Na década de 1920, foi proposto o nome “Neopterygii” para designar o grupo que inclui peixes lepisosteiformes, amiídeos e teleósteos. Mais tarde, na década de 1970, o grupo composto apenas pelos amiídeos e teleósteos (sem lepisosteiformes) foi batizado de “Halecostomi”. Se supunha inicialmente que amiídeos e teleósteos eram parentes mais próximos entre si que qualquer um deles o era em relação aos lepisosteiformes (v. figura 3.7). Assim, poderíamos ter definido filogeneticamente, sob essa hipótese, o nome “Neopterygii” como “o ancestral comum mais recente de *Lepisosteus osseus* (um lepisosteiforme) e *Elops saurus* (um teleósteo) e todos seus descendentes”. Da mesma maneira, definiríamos “Halecostomi” como “o ancestral comum mais recente de *Amia calva* (um amiídeo) e *Elops saurus* (um teleósteo) e todos seus descendentes”.

Porém, uma análise filogenética recente (GRANDE, 2010 apud WILEY; LIEBERMAN, 2011, p. 253) revelou que os amiídeos são parentes mais próximos dos lepisosteiformes que dos teleósteos. Pelo fato de que as relações de precedência nomenclatural não valem no PhyloCode, os nomes anteriormente definidos continuam ambos válidos, e passam a denotar o mesmo clado (v. figura 3.7). Assim, o nome consagrado desde a década de 1920 (“Neopterygii”) para designar o grupo que *inclui* os lepisosteiformes agora pode ser substituído por um nome adotado na década de 1970 (“Haleocostomi”) com a intenção de designar um grupo que os *exclui*.

O ponto levantado por Wiley & Lieberman pode ser ilustrado por um outro exemplo, desta vez fictício. Suponhamos que alguém tenha definido filogeneticamente “Mammalia” conforme descrito na seção anterior, com a intenção de *incluir* o táxon Multituberculata em Mammalia (que de fato é a hipótese filogenética mais bem suportada, mostrada na figura 3.6(b)). Agora, se fosse aceita uma nova hipótese filogenética como aquela mostrada na figura 3.8, Multituberculata, com suas mais de cem espécies conhecidas, seria excluído de Mammalia.

Isso nos leva ao segundo problema que queríamos discutir aqui: conforme ressaltam diversos autores (HÄRLIN, 2003; KOJIMA, 2003; MOORE, 1998, 2003; NIXON; CARPENTER, 2000; WILEY; LIEBERMAN, 2011), a estabilidade nomenclatural do PhyloCode é conseguida às custas de uma *instabilidade de conteúdo* dos táxons nomeados por esse sistema. No exemplo de Agamidae e Chamaeleonidae, que envolvia táxons relativamente pequenos, houve pouco aumento no número de espécies do grupo Agamidae após uma mudança na hipótese filogenética. Mas Nixon & Carpenter (2000), dois dos mais ferrenhos opositores ao PhyloCode, computaram uma estimativa a respeito do que ocorre sob mudanças de hipóteses filogenéticas envolvendo

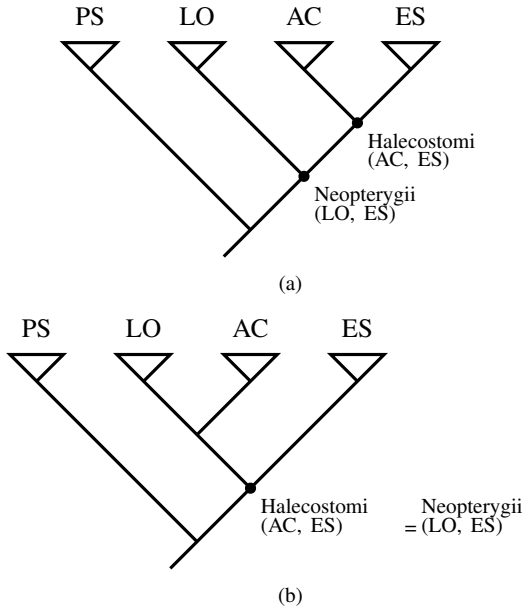


Figura 3.7: Instabilidade de conteúdo e conflito com intenções dos taxônomos são dois dos problemas decorrentes do sistema de nomenclatura PhyloCode. Aqui, são mostradas duas hipóteses filogenéticas para táxons de peixes actinoptérgios. (a) Definição filogenética dos nomes “Halecostomi” (a partir dos especificadores AC e ES) e “Neopterygii” (com os especificadores: LO e ES) em uma hipótese filogenética mais antiga. (b) Em uma nova hipótese filogenética, os dois nomes passam a designar o mesmo clado. Com isso, o conteúdo de Halecostomii muda, e seu nome passa a designar uma entidade diferente daquela cujos taxônomos tinham inicialmente a intenção de designar. (As siglas abreviam os seguintes nomes de espécies: PS, *Polyodon spatula*; LO, *Lepisosteus osseus*, um lepisosteiforme; AC, *Amia calva*, um amiídeo; ES, *Elops saurus*, um teleósteo. Figura adaptada de Wiley e Lieberman (2011, p. 252).)

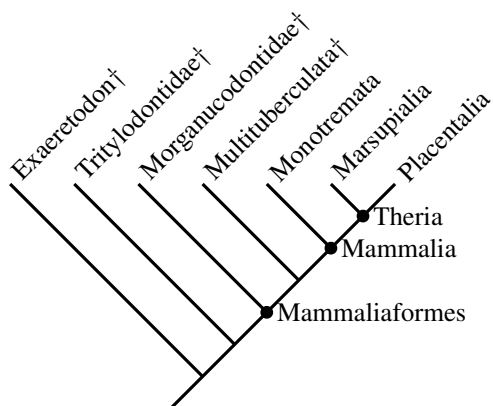


Figura 3.8: Cladograma imaginário, que resultaria em Multituberculata sendo excluído de Mammalia.

táxons maiores. Segundo Nixon & Carpenter, a estabilidade medida pelos proponentes do PhyloCode é apenas nomenclatural, ou seja, diz respeito à alteração ou não da *grafia* dos nomes diante de mudanças na hipótese filogenética subjacente. Então, a proposta de Nixon & Carpenter é medir a estabilidade *de conteúdo* dos táxons, ou seja, quantos táxons menores um táxon maior ganha ou perde diante de uma nova hipótese filogenética.

Nixon e Carpenter medem o efeito da introdução de um nome para um grupo de plantas (as “paleoervas”) que, provavelmente, não é monofilético, sobre os sistemas de nomenclatura lineano (ICBN) e PhyloCode. Para tanto, levam em consideração o número de espécies estimado para famílias e gêneros de angiospermas, e contam quantas espécies são efetivamente deslocadas de seus táxons de origem pela introdução desse nome. O número é algo em torno de 195 mil, no PhyloCode, e por volta de 66 mil no sistema lineano; ou seja, este último é significativamente mais estável no que diz respeito ao conteúdo dos táxons (NIXON; CARPENTER, 2000, p. 306–7).

O primeiro dos problemas relacionados ao PhyloCode, o do conflito com as intenções dos taxônomos, pode ser explicado com base na teoria da referência de Evans (seção 2.4.4). O sistema de nomenclatura “automático” viola a condição de que as intenções dos falantes de determinada comunidade linguística cumpram um papel na determinação da referência de um nome. Se a referência dos nomes foge ao controle da comunidade, eles deixam de ser interessantes e úteis.

O fato de um táxon ser monofilético, mesmo se a hipótese de monofilia for bem corroborada, não o torna suficientemente interessante para que

mereça ser nomeado. Em alguns casos, além de monofilético, ele tem de ser *exclusivo*, isto é, ser um táxon irmão, o que equivale a compartilhar apenas o ancestral comum com outro táxon. Quer dizer, pode ser que os taxônomos estejam interessados nas histórias evolutivas de dois grupos enquanto elas forem independentes; se a pesquisa revelar que, na verdade, se trata de uma única história, ela pode deixar de ser interessante (HÄRLIN, 1998, p. 384).

Acreditamos que tenha sido algo desse tipo o que ocorreu no caso de Agamidae (mostrado na figura 3.3). Os taxônomos pré-PhyloCode pareciam estar interessados em reservar o nome “Agamidae” para o táxon monofilético que incluísse o gênero *Agama* mas que excluísse Chamaeleonidae. Porém, a hipótese filogenética mais aceita mostra que não há um ancestral comum de *Agama* e Leilolepidinae mais recente que o ancestral comum entre *Agama* e os gêneros em Chamaeleonidae. O táxon que se queria inicialmente nomear simplesmente não existe, ou pelo menos não é um grupo monofilético. Assim, o nome original deixa de fazer sentido (NIXON; CARPENTER, 2000, p. 311), e por isso é necessário avaliar as alternativas disponíveis na hierarquia lineana.

Tanto o problema do conflito com as intenções dos taxônomos, quanto o da instabilidade do conteúdo dos táxons, decorrem do fato de que *o PhyloCode exige que nomes definidos dentro de cenários hipotéticos sejam extrapolados para fora desses cenários*. É essa exigência, e não a de que os critérios de identidade sejam definidos, que é questionável. Ou seja, não há problemas com as definições filogenéticas em si, o problema é extrapolá-las para além dos contextos onde elas se aplicam (HÄRLIN, 2003, 1998; MORE, 1998).

Há pelo menos três soluções possíveis a esse problema, mas todas elas fazem com que tenhamos de abrir mão da universalidade (no sentido de rigidez) das definições filogenéticas. Em primeiro lugar, uma definição filogenética pode ser restringida ao contexto da hipótese filogenética em que for originalmente proposta. Essa restrição pode ser tomada em um sentido estrito e em outro mais frouxo. No sentido estrito, o nome só vale *naquela única* hipótese em que foi proposto (HÄRLIN, 1998); no sentido frouxo, o nome é qualificado em relação a um *contexto filogenético designado* (BRYANT, 1997), e só poderá ser aplicado se as condições desse contexto filogenético forem satisfeitas. Um contexto filogenético designado, na proposta de Bryant, é uma afirmação que busca explicitar quais táxons o autor de um nome tinha a intenção de incluir e quais excluir do grupo nomeado. Se, por uma mudança de hipótese filogenética, um táxon inicialmente excluído passa a ser incluído, o nome deixa de se referir àquele grupo.

A segunda solução é restringir as definições filogenéticas a filogenias com alto grau de corroboração (SCHANDER; THOLLESSON, 1995). Por exemplo, considera-se que a filogenia dos mamíferos que apresentamos na

seção anterior é relativamente bem corroborada em suas linhas gerais (LUO, 2007); por isso, a referência de um nome como “Mammalia” seria estável³¹. Ainda assim, esta solução geraria um outro problema, o de estabelecer critérios para o que contaria como uma “filogenia suficientemente corroborada”. Por fim, a solução mais simples para o PhyloCode seria permitir que as definições filogenéticas fossem revistas, e que pudessem ser mudadas diante do consenso da comunidade envolvida. A desvantagem é que essa solução potencialmente faria retornar os problemas do sistema lineano: por exemplo, seria necessário indexar um nome a seu autor (ou pelo menos a uma data de consenso) e estabelecer um método de resolução de usos conflitantes na comunidade.

3.6 Discussão: referência e identidade

Estivemos defendendo a tese de que um critério de identidade parece ser a única forma possível de resolver o problema *qua*. Além disso, a discussão que desenvolvemos na seção 3.4.1 sugere que o critério genealógico é um candidato viável ao *critério de identidade sortal* para táxons — sua aceitação é ampla na biologia como um todo, e talvez unânime na sistemática filogenética. Também afirmamos que o relato de Putnam a respeito de como se dá a descoberta das essências para classes naturais é aplicável, com as devidas modificações, ao caso dos táxons. A ideia é que, a partir de uma *definição ostensional*, com a mediação do critério de *identidade sortal*, se determine um critério de *identidade particular*.

Por que, então, rejeitamos a proposta do PhyloCode de vincular explicitamente os critérios de identidade particulares aos nomes dos táxons? O PhyloCode, ao nosso ver, coloca a carroça metafísica na frente dos bois epistemológicos. Acreditamos que o problema não é o fato de esse código estipular critérios de identidade para os táxons, mas sim o de ele *transformar esses critérios em critérios de aplicação para os nomes*. Quando um taxônomo batiza um táxon, na maioria das vezes tem interesse em batizar um indivíduo em específico, e não *qualquer* indivíduo que satisfaça certa condição.

Da maneira como o PhyloCode está articulado, exigindo que os nomes designem o mesmo ancestral comum em qualquer hipótese, as essências individuais dos táxons seriam *estipuladas*, não *descobertas*. Para fazer uma analogia, é como se, a partir da formulação da hipótese de que a água é XYZ, exigíssemos que “água” passasse a se referir rigidamente a XYZ, mesmo se depois descobríssemos que XYZ é a fórmula química de uma outra substân-

³¹ A estabilidade da filogenia permite que os biólogos passem a discutir *qual* dos ancestrais comuns será designado como o originador de Mammalia (BENTON, 2005): aquele compartilhado por Monotremata e Theria, ou por *Morganucodon* e Theria?

cia que não tínhamos a intenção de nomear. Assim, o termo “água” deixaria de ser útil para descobrirmos a essência daquela substância que de fato foi o objeto de nossa ostensão inicial.

Portanto, o uso de descrições filogenéticas — descrições da forma “o ancestral comum mais recente de X e Y ” — deve ser entendido, dependendo do contexto, como *referencial*, não *atributivo*. Em grande parte dos casos, a comunidade taxonômica pode achar interessante que o nome “ N ” se aplique apenas a *determinado táxon em particular*, não a *qualquer táxon* que satisfaça a condição de ser composto pelo ancestral comum mais recente de X e Y e todos seus descendentes. Do mesmo modo que o homem na festa, no exemplo de Donnellan (1966), escolheu um ponto de referência inadequado para sua ostensão (o copo de martini, que se revelou ser de água), os especificadores X e Y utilizados pelos taxônomos podem ter sido incorretamente identificados para se referir ao táxon que eles tinham intenção de designar (HÄRLIN, 1998, p. 383).

Nesse sentido, o sistema lineano, por não vincular explicitamente os critérios de identidade aos critérios de aplicação dos nomes, apresenta uma vantagem em relação à nomenclatura filogenética. Conforme argumenta Moore (1998, p. 573), o sistema lineano foi capaz de sobreviver a diversas mudanças teóricas de fundo justamente por não vincular explicitamente certos compromissos teóricos (tais como critérios de identidade) aos nomes dos táxons. No relato sobre a descoberta das essências individuais que viemos desenvolvendo, o sistema lineano cumpre um papel decisivo por prescrever apenas critérios de aplicação, e não postular critérios de identidade particulares antes de que isso possa ser feito com relativa segurança.

O resultado dessas considerações é que a aplicação do critério de identidade particular para determinado táxon, e conseqüentemente de seu nome próprio, está condicionado à comprovação de determinada hipótese. Isso quer dizer que, para salvar o PhyloCode, é preciso separar critérios de aplicação de critérios de identidade. Mais precisamente, os critérios de aplicação têm de ter prioridade sobre os de identidade. O sistema deve criar meios de garantir que os nomes só sejam aplicados se determinadas condições forem cumpridas; essas condições, é claro, dependem do contexto. Para exemplificar, digamos que um taxônomo chegue, por meio de uma análise filogenética, à hipótese de que os táxons não-extintos de mamíferos formem um grupo monofilético (como na figura 3.8). Imaginando que esse táxon é suficientemente interessante para ser nomeado, ele define “Neomammalia” como “o ancestral comum mais recente de Theria e Monotremata e todos seus descendentes”.

Agora, do ponto de vista do PhyloCode, o critério de aplicação desse nome é algo do tipo:

(16) Para todo w , para todo t em w : O nome “Neomammalia” pode ser apli-

cado ao táxon t se e somente se t satisfizer a descrição definida (atributiva) “o clado formado pelo último ancestral comum atual (isto é, em w^*) de Theria e Monotremata e todos seus descendentes”.

Digamos que uma análise filogenética subsequente revele que *não existe* um ancestral comum compartilhado por Theria e Monotremata mais recente que aquele compartilhado por esses dois grupos e Multituberculata, um grupo extinto (que de fato é a hipótese filogenética atualmente aceita — v. figura 3.6(b)). Se o nome tivesse sido dado no PhyloCode, a comunidade de taxônomos estaria agora de posse de um nome de táxon inútil. Se estivermos certos, o taxônomo tem de fato a intenção de que “Neomammalia” se refira, em todos mundos possíveis, ao ancestral comum atual de Monotremata e Theria não compartilhado com Multituberculata. Porém, ele tem interesse de que o nome se aplique *se e somente se* esse ancestral existir. Assim, o que chamamos anteriormente de “intenções da comunidade”, fazendo referência a Evans, se manifesta não somente no estabelecimento de critérios de identidade para os portadores, mas também nos critérios de aplicação de seus nomes.

Nesse caso, o critério de aplicação deveria incluir alguma cláusula do tipo (os colchetes indicam o escopo do quantificador existencial):

- (17) Para o mundo atual w^* : O nome “Neomammalia” pode ser aplicado a algum táxon t em w^* se e somente se [existir um ancestral comum compartilhado por Theria e Monotremata mais recente que aquele compartilhado por esses dois grupos e Multituberculata].

A referência do nome seria então determinada pela conjunção do critério de aplicação com o critério de identidade :

- (18) Para todo w , para todo t em w : O nome “Neomammalia” pode ser aplicado ao táxon t se e somente se [[existir (em w^*) um ancestral comum compartilhado por Theria e Monotremata mais recente que aquele compartilhado por esses dois grupos e Multituberculata] e [t satisfizer a descrição definida “o clado formado pelo o ancestral comum (em w^*) mais recente de Theria e Monotremata e todos seus descendentes”]].

O aspecto mais importante do critério de aplicação é que ele estabelece uma condição para que o objeto de interesse *exista* (KROON, 1985). O que estamos aqui chamando de critérios de aplicação circunscrevem as hipóteses nas quais um nome pode ser aplicado, e são semelhantes à ideia de *contexto filogenético designado* de Bryant. Nomes de táxons são como nomes de personagens históricos, do tipo “Aristóteles”: se for descoberto que as descrições

supostamente satisfeitas por Aristóteles forem na verdade satisfeitas por diferentes pessoas, alguém pode então concluir que o nome “Aristóteles” não se aplica a ninguém, e que “Aristóteles não existe” (esse é um ponto levantado por Searle, v. seção 2.3.4). Da mesma maneira, os taxônomos associam aos sentidos dos nomes de táxons certo conjunto de fenômenos de interesse — características morfológicas, certa composição extensional, certa posição na árvore da vida — que hipoteticamente são satisfeitas por seus portadores. Na maioria das vezes, os taxônomos têm a intenção de que o nome seja aplicado somente se existir um único nexos causal que explique os fenômenos superficiais — na sistemática filogenética, isso equivale a dizer que a aplicação está condicionada à monofilia. Dependendo do grau de vinculação do nome aos fenômenos de interesse, se ocorrer que esses fenômenos não são explicados por um, mas sim por vários nexos causais, os membros da comunidade linguística podem decidir por fim, que o nome não deve mais ser aplicado, pois o referente pretendido não existe.

Os proponentes do PhyloCode talvez tenham suposto que é possível converter critérios de identidade em critérios de aplicação porque, dados dois táxons quaisquer, ou um é ancestral do outro, ou há um terceiro que é ancestral de ambos. Desse modo, a hipótese da árvore da vida trivialmente garante que o uso atributivo de descrições do tipo “o ancestral comum de X e Y ” sempre encontre um referente — seja ele o referente pretendido pelo autor do nome ou não. Só é possível respeitar as intenções do autor do nome se os critérios de aplicação do nome forem enunciados explicitamente, e em independência dos critérios de identidade de seu portador.

Convém repetir que não acreditamos que as objeções levantadas ao PhyloCode não constituem objeções à ideia de que é possível — e inclusive desejável, pelo menos a longo prazo — fornecer um critério de identidade para táxons. Estamos, então, em uma posição para considerar objeções de cunho mais geral a essa ideia. Consideraremos a seguir duas objeções: a de que não haveria uma única árvore da vida (isto é, uma única filogenia correta), e a de que linhagens são inerentemente vagas, logo, não haveria como estabelecer critérios de identidade para elas.

3.6.1 Objeções e respostas

Esta objeção é levantada por LaPorte (2005): dado que diferentes conceitos de espécie determinam diferentes filogenias, e não há como decidir objetivamente qual o conceito de espécie correto, não há como decidir qual a filogenia correta. Em resposta, concordamos com Velasco (2008) de que as premissas de LaPorte podem ser verdadeiras, mas a conclusão não é.

Há *uma única* filogenia, no sentido de Hennig — uma única história das relações ontogenéticas, tocogenéticas e filogenéticas. E, como afirma Ve-

lasco,

Não criamos a *Árvore da Vida*; tentamos descobri-la. O fato de que dois conceitos diferentes de espécie levam a duas árvores diferentes simplesmente mostra que pelo menos uma dessas árvores está errada e que, portanto, pelo menos um desses conceitos de espécie está errado (ou pelo menos é inadequado para a filogenética). (VELASCO, 2008, p. 413)

Como não temos acesso direto à história de relações toco genéticas e, conseqüentemente, à de relações filogenéticas, temos de nos valer de rastros deixados pelos mecanismos de transmissão hereditária — os caracteres. Porém, há caracteres de diversas naturezas (morfológicos, genéticos, comportamentais) que geram diferentes graus de fidelidade na reconstrução da filogenia, e qual o tipo de caráter mais fiel dependerá do caso analisado. Em alguns casos, em estudos envolvendo os mesmos táxons, identifica-se árvores filogenéticas diferentes para cada conjunto diferente de genes analisado. Por sua vez, até mesmo a árvore filogenética consensual no nível genético pode não concordar com a árvore dos caracteres morfológicos. Pode ser que, para determinado grupo de organismos que escolhemos para uma análise, independentemente dos caracteres e métodos utilizados, não encontremos nenhuma árvore consensual. Mas isso não significa que há várias filogenias verdadeiras, e sim que não encontramos a correta; por alguma razão, no decorrer do fluxo causal de transmissão hereditária, o sinal filogenético se perdeu em meio ao ruído.

Neste estudo, defendemos algo como um critério de identidade monista para os táxons; uma outra objeção semelhante pode vir de autores que defendem uma concepção pluralista sobre as espécies (REYDON, 2003; ERESHEFSKY, 2001): não há, na biologia, um único contexto teórico, portanto, não é possível estabelecer um único critério de identidade para táxons. A resposta que daríamos a essa objeção é a mesma que adotamos no início deste capítulo: nossa proposta é agnóstica a respeito de se o critério que estamos propondo é o único relevante ou não. Podemos apenas dizer que ele se aplica na medida em que táxons forem concebidos como linhagens.

Consideremos agora a outra objeção, que talvez seja a mais séria. Eis a forma como ela é enunciada por Ereshefsky:

Se quisermos dar definições completas dos nomes de táxons, precisamos que os termos nessas definições sejam completos. Ou seja, os termos dentro dessas definições devem eles próprios ser definidos por condições necessárias e suficientes. Mas raramente, se é que em alguma ocasião, é possível fazer isso para qualquer definição de uma população. [...] De modo semelhante,

as fronteiras entre as espécies durante a especiação são frequentemente vagas, ao ponto de que nenhuma resposta determinada pode ser dada sobre se um organismo é membro de uma população ou outra. [...] A questão aqui não é epistemológica, e sim diz respeito à natureza ontológica das fronteiras entre as populações — elas são naturalmente vagas. (ERESHEFSKY, 2001, p. 264–5)

Vejamos inicialmente uma resposta que aborda o ponto específico da biologia presente na objeção de Ereshefsky, e depois outra relacionada a concepções de filosofia da ciência aí pressupostas.

Do ponto de vista biológico, a objeção é que, durante um evento de especiação, não há como determinar com certeza se um organismo faz parte de uma população ou outra, porque as fronteiras entre as linhagens se borram. Para entendermos a objeção, consideremos a figura 3.9, que ilustra a relação de escala entre a filogenia e a rede de relações tocogenéticas. O que Ereshefsky está afirmando é que, se observarmos o momento de separação entre duas linhagens na escala da rede de relações tocogenéticas (entre os organismos), não veremos nenhuma separação nítida que nos permita agrupar esses organismos nos três grupos que supostamente participam desse processo (espécie ancestral e espécies-filhas). Em analogia com um fenômeno biológico de outra escala, poderíamos dizer que a separação de linhagens é, nesse aspecto, semelhante à divisão celular: no momento da divisão, não é possível estabelecer com clareza as fronteiras (espaciais e temporais) da célula-mãe e das filhas.

Não obstante, isso não nos impede de dizer que, durante certo intervalo de tempo, houve uma única linhagem e que essa mesma linhagem, após um processo de divisão no qual as fronteiras entre as linhagens são difusas, deu origem a duas outras linhagens. Mas só é possível dizer que se trata de duas linhagens em retrospecto; a sistemática filogenética se ocupa de eventos de divisão de linhagens *ex post facto*, isto é, *depois* que eles aconteceram. Enquanto um evento de especiação está ocorrendo, não temos como dizer “se um organismo é membro de uma população ou outra” ou, melhor dizendo, se é membro de uma linhagem ou outra, pois isso depende do que ocorre *depois*. Em um contexto diferente, Sober fornece uma resposta que poderia muito bem ser usada aqui:

Os fundadores [da espécie] foram os fundadores de uma nova espécie precisamente por causa do que ocorreu mais tarde, e não em virtude de algo especial neles. Do mesmo modo, um filho pode ser tão diferente de seus pais quanto você quiser. Se ele cai em uma nova espécie depende do que acontece mais tarde. (SOBER, 1984, p. 339)

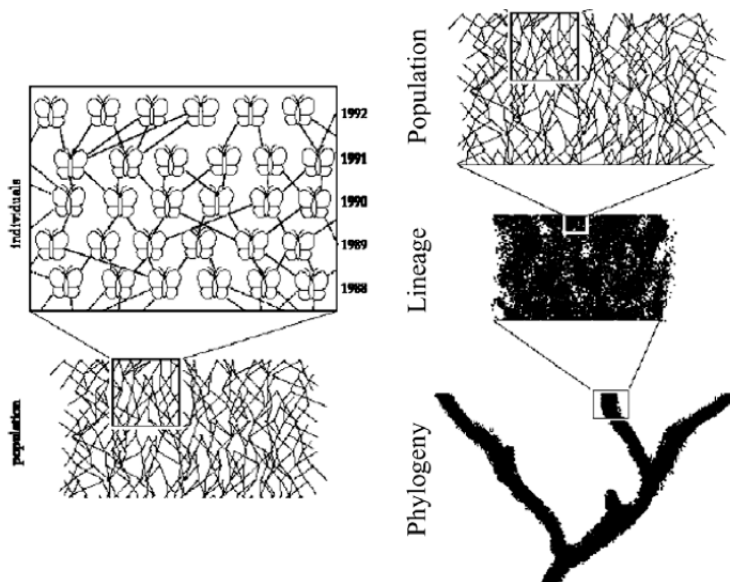


Figura 3.9: A filogenia como um padrão de larga escala da rede de relações toco-genéticas. (Figura reproduzida de Velasco (2008).)

Nessa linha de raciocínio, Sober reconta uma esquete de um programa humorístico, na qual um personagem lê uma manchete que diz “Começa a Primeira Guerra Mundial!”.

O motivo pelo qual não é possível dizer se um organismo pertence a uma ou outra linhagem no momento de um processo de divisão de linhagens é uma questão de escala (espaçotemporal). Praticamente quaisquer fronteiras entre objetos, se olhadas em determinadas escalas, serão difusas (quais os limites do monte Everest?; e de um afluente do rio Amazonas?). Por isso, é importante não perdermos de vista que a filogenia é uma representação em larga escala da história das linhagens, e é apenas olhando nessa escala que condições de identidade necessárias e suficientes podem ser estabelecidas. Populações e ancestrais comuns são, nessa escala, os átomos, isto é, as entidades primitivas para as quais critérios de identidade não podem ser fornecidos.

Isso nos leva à segunda resposta, que lê a objeção como situada no registro da filosofia da ciência, e não mais no da filosofia da biologia. Nessa nova interpretação, a objeção é a seguinte: para que os critérios de identidade sortais e particulares propostos em determinado domínio estipulem condições de fato necessárias e suficientes, os termos que ocorrem nesses critérios, por

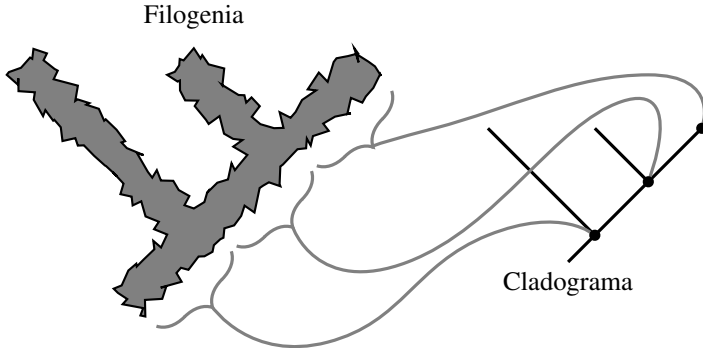


Figura 3.10: Cladogramas como modelos. No tipo de cladograma que utilizamos neste trabalho (baseado em nó), cada nó representa uma linhagem, e as arestas representam relações de descendência entre as linhagens.

sua vez, têm de poder ser definidos por condições necessárias e suficientes também. Em outras palavras, para que as definições sejam verdadeiramente necessárias e suficientes, elas têm de ir “até o fundo”. O pressuposto por trás da objeção de Ereshefsky é o de que não há identidades primitivas; os critérios de identidade de todas as entidades envolvidas — do nível mais alto (táxon, linhagem) ao mais fundamental (ancestral comum, população, organismo) — devem poder ser expressos, sob pena de que as definições de alto nível não serem “completas”.

Essa exigência nos parece demasiado estrita, pois perde de vista que os cladogramas são *modelos*, isto é, representações simplificadas e hipotéticas de alguns aspectos do mundo que são relevantes sob o ponto de vista de determinada teoria (figura 3.10). Como toda teoria científica, a sistemática filogenética assume certos tipos de entidade como primitivas, e nenhum critério de identidade é fornecido para eles. Apesar da ontologia de Hennig supostamente descer ao nível das partes temporais dos organismos (os semaforontes, como vimos na seção 1.4.1), não encontramos nessa teoria critérios de identidade para caracteres, organismos e populações. Temos de assumir, então, que essas entidades são primitivas na teoria. O mesmo não ocorre com as entidades chamadas “grupos monofiléticos”, que, aí sim, são definidos com base em condições necessárias e suficientes (v. seção 1.4.1, e também Hennig (1966, p. 73)).

Para usar uma linguagem do empirismo lógico, em uma formalização da teoria, podemos assumir termos como “população” e “ancestral comum” como termos teóricos primitivos. O encargo de determinar em que condições

estamos diante de populações e ancestrais comuns seria então transferido para algo como as *regras de correspondência* (CARNAP, 1966) entre termos teóricos e termos observacionais. Porém, para Carnap, as regras de correspondência permitiriam determinar precisamente a extensão observacional dos termos teóricos (DUTRA, 2008, p. 138). No cenário que estamos descrevendo aqui, por outro lado, essa correspondência seria muito mais frouxa, dado que seria mediada pelas intenções da comunidade de investigadores, e sujeita a revisões. Desse modo, os critérios de identidade precisos para as entidades são dados *no modelo*; a correlação do modelo com os aspectos observáveis do mundo, e a avaliação de sua adequação, são feitas pela comunidade de cientistas. Em suma, o fato de aspectos da realidade serem vagos não impede que os cientistas modelem esses aspectos; um plano inclinado real é uma entidade vaga, mas isso não impede os físicos de criarem um modelo matemático de plano inclinado.

3.6.2 Coda

A história geralmente contada a respeito da taxonomia em relação às teorias da referência é a de que o sistema lineano, por ser puramente causal-histórico, sobreviveu a mudanças teóricas, enquanto o PhyloCode, por ser descritivista, está fadado ao insucesso (MOORE, 1998; WILEY; LIEBERMAN, 2011). Aqui, desenvolvemos uma teoria da referência híbrida, na qual os nomes próprios, ao mesmo tempo, são designadores rígidos e têm sentidos fregeanos. De acordo com nossa teoria, a determinação da referência se dá por meio da conjunção de dois componentes dos sentidos dos nomes: os critérios de aplicação dos nomes e os critérios de identidade dos objetos nomeados. Enquanto os critérios de aplicação têm carga teórica relativamente baixa, e por isso operam *transteoricamente*, os critérios de identidade são constructos teóricos.

Diante desse quadro, podemos fornecer uma explicação alternativa para o sucesso do sistema lineano e fracasso do PhyloCode: os graus hierárquicos que figuram nos critérios de aplicação do sistema lineano são sortais para os quais a teoria outrora fornecia critérios de identidade. O sistema lineano funciona não por ser livre de teoria, mas por conter teoria fóssil, cujo valor heurístico é contemporaneamente o de impedir que mudanças nas hipóteses filogenéticas gerem efeitos-cascata na nomenclatura. O PhyloCode fracassa, por outro lado, ao converter o que idealmente seriam critérios de identidade, descobertos a posteriori, em critérios de aplicação a priori. Para sanar esse problema, sugerimos que o critério de aplicação seja uma cláusula que indique sob que condições o táxon que se pretende nomear existe.

Considerações finais

Estamos agora em uma posição que nos permite retomar a trajetória que desenvolvemos neste trabalho para responder a pergunta inicial: como é possível que os biólogos utilizem os nomes de linhagens de modo significativo?

No capítulo 1, começamos analisando o conceito de linhagem biológica, argumentando que ele deve ser primordialmente entendido no sentido monofilético, isto é, o de que uma linhagem é um grupo formado por um ancestral comum e todos seus descendentes. Apresentamos então a ideia de que os táxons são, contemporaneamente, concebidos como linhagens e, portanto, seu estatuto ontológico não é o de classes naturais, mas sim o de indivíduos. Essa tese foi famosamente defendida por Ghiselin e Hull, mas o mais importante para os propósitos deste trabalho é o lugar central que ela ocupa na teoria da sistemática filogenética proposta por Willi Hennig. Comentamos alguns dos aspectos da ontologia que embasa a teoria de Hennig, e, no final do capítulo, levantamos algumas consequências da tese da individualidade.

Uma dessas consequências, a ideia de que os nomes dos táxons são próprios, é apresentada por Ghiselin e Hull em associação com a teoria causal da referência, na tentativa de argumentar que os táxons não têm propriedades definitórias (essências). Para poder, no capítulo final, abordar esse argumento, examinamos no capítulo 2 as duas principais teorias da referência para nomes próprios — descritivista e causal-histórica — e o modo como elas são defendidas por diferentes autores. Em particular, defendemos que, em alguns casos, se não houver a mediação de um critério de identidade para o objeto nomeado, o referente do nome não pode ser adequadamente identificado. Julgamos que esse problema, o chamado problema *qua*, seja particularmente relevante no caso dos táxons biológicos.

Portanto, longe de ter uma solução fácil como aquela que proclamavam Ghiselin e Hull, o problema da referência dos nomes próprios dos táxons biológicos apresenta características que desafiam a aplicação imediata de qualquer das duas teorias da referência que examinamos aqui. Diferentemente dos nomes próprios das línguas naturais, os nomes próprios dos táxons estão embebidos em um contexto teórico relativamente bem definido, e é somente

nesse contexto que fazem sentido e se articulam uns com os outros. Qualquer teoria filosófica sobre eles deve acomodar essa carga teórica, e acreditamos que isso só possa ser feito mediante uma teoria da referência que tenha pelo menos um componente representacional. Essa dimensão teórica é tão importante que julgamos que os nomes próprios dos táxons formem parte de uma classe de *nomes próprios teóricos* cuja referência é determinada de modo semelhante aos termos teóricos consagrados pela literatura de filosofia da ciência (KROON, 1985).

Talvez a característica basilar de um nome próprio teórico seja o fato de que nenhum membro da comunidade científica relevante jamais — ou, pelo menos, raramente — tem contato perceptivo direto com seu referente. Essa *distância epistêmica*, ausente no caso dos nomes próprios ordinários, faz com que a aplicação adequada de um nome próprio teórico esteja ineliminavelmente condicionada à existência de seu portador. Geralmente, um táxon é batizado na esperança de que haja um único processo causal subjacente que permita explicar as características superficiais observadas em suas partes. Porém, a interpretação sobre o que constitui o processo causal relevante também é relegada a um contexto teórico; no contexto teórico da sistemática filogenética, o tipo de processo causal privilegiado é a monofilia.

A teoria da referência que desenvolvemos aqui, no intuito de resolver o problema inicialmente colocado, é híbrida. Da teoria causal-histórica, ela incorpora a distinção entre fixação e transmissão da referência e a tese de que os nomes são designadores rígidos; da teoria descritivista, incorpora a ideia de que os nomes próprios têm *sentidos* e que um critério de identidade para o portador é um componente importante deles. Além disso, embora não tenhamos detalhado muito esse ponto, estamos dando razão a Evans em sua afirmação de que as interações causais importantes na determinação da referência são aquelas que se situam entre a história do objeto e o *corpus* de informação que os falantes têm a respeito dessa história. Na teoria que estamos propondo, então, a fixação da referência do nome próprio de um táxon vincula apenas um critério de aplicação ao sentido daquele nome. Diante disso, a teoria circundante contribui com um critério de identidade sortal para a entidade nomeada. A investigação pode então prosseguir, tentando determinar se a entidade cumpre com a condição de existência e, caso cumpra, qual o processo causal particular que a sustenta (ou seja, qual seu critério de identidade particular).

Pelo fato de que, de acordo com a hipótese darwiniana da árvore da vida, todos os seres vivos da Terra são aparentados, dado um número qualquer de organismos ou linhagens, qualquer grupo formado pelo ancestral comum deles e todos seus descendentes será monofilético. Conforme vimos, o Phylo-Code faz um uso indevido dessa hipótese ao inverter a ordem da estratégia de descoberta dos critérios de identidade particulares, transformando-os em cri-

térios de aplicação dos nomes. Isso faz com que a condição de existência, que é um componente importante do processo, seja contornada; em consequência, os critérios de identidade particulares são estipulados, e não descobertos como deveriam ser.

Vislumbramos alguns desenvolvimentos possíveis para a teoria da referência aqui esboçada. Em particular, os critérios de aplicação no sistema lineano devem ser melhor articulados de modo a explicitar que há um critério de existência envolvido neles. Também seria interessante estudar o caso da sinonímia dos nomes de táxons, já que constituem exemplos paradigmáticos de identidades informativas fregeanas. Outro ponto que foi insuficientemente explorado aqui é a diferença entre considerar mundos possíveis como cenários *contrafatuais* e considerá-los como hipóteses a respeito de como é o mundo *atual*. Há certa confusão sobre isso na literatura (Cf. HÄRLIN; SUNDBERG, 1998), e pensamos que o arcabouço teórico da semântica bidimensional (CHALMERS, 2006) pode ajudar a traçar distinções importantes nesse sentido.

Dissemos no início deste trabalho que adotamos uma forma de realismo perspectivista; porém, como o trabalho se debruçou sobre uma única perspectiva teórica em particular, a sistemática filogenética, nesse âmbito mantivemos uma forma de realismo convergente. Acreditamos que o avanço das técnicas e métodos relacionados à sistemática filogenética traz os biólogos cada vez mais perto de conhecer tão bem quanto jamais se poderá conhecer a árvore da vida. E conhecer a posição relativa dos táxons na árvore da vida é conhecer suas essências individuais, é conhecer os nexos causais que explicam grande parte das características compartilhadas entre eles. Conforme tentamos argumentar, essa forma de essencialismo de origem é compatível com a visão de que os táxons são entidades individuais.

Referências Bibliográficas

ABBOTT, B. *Reference*. Oxford: Oxford University Press, 2010.

ADAMS, R. M. Primitive thisness and primitive identity. *The Journal of Philosophy*, v. 76, n. 1, p. 5–26, 1979.

ALBERTS, B. et al. *Molecular Biology of the Cell*. 4. ed. New York: Garland Science, 2002.

AMORIM, D. d. S. *Fundamentos de Sistemática Filogenética*. Ribeirão Preto: Holos, 2002.

ARENHART, J. *Discussões sobre a não-individualidade quântica*. Tese (Doutorado) — Universidade Federal de Santa Catarina, 2011.

AVISE, J. C. *Evolutionary Pathways in Nature: A Phylogenetic Approach*. New York: Cambridge University Press, 2006.

AVISE, J. C.; WOLLENBERG, K. Phylogenetics and the origin of species. *PNAS*, v. 94, p. 7748–7755, 1997.

BEHAR, D. M. et al. Multiple origins of Ashkenazi Levites: Y chromosome evidence for both Near Eastern and European ancestries. *American Journal of Human Genetics*, v. 73, p. 768–779, 2003.

BENTON, M. J. *Vertebrate Palaeontology*. Oxford: Blackwell, 2005. – p.

BIRD, A.; TOBIN, E. *Natural Kinds (Stanford Encyclopedia of Philosophy)*. 2008. Disponível em: <<http://plato.stanford.edu/entries/natural-kinds/>>.

BLANC, J. *Loxodonta africana*. 2011. Disponível em: <www.iucnredlist.org>.

BRAIDA, C. Resenha do livro de Adriano Naves de Brito, *Nomes próprios: semântica e ontologia* (2003). *Philosophos*, v. 9, n. 2, p. 211–322, 2004.

- BRANDOM, R. B. *Making It Explicit: Reasoning, Representing, and Discursive Commitment*. Cambridge, MA: Harvard University Press, 1994.
- BRANDOM, R. B. *Articulating Reasons: An Introduction to Inferentialism*. Cambridge, MA: Harvard University Press, 2000.
- BRANDON, R. N.; MISHLER, B. Individuality, pluralism, and the phylogenetic species concept. In: *Concepts and Methods in Evolutionary Biology*. New York: Cambridge University Press, 1996. p. 106–124.
- BRITO, A. N. d. *Nomes próprios: semântica e ontologia*. [S.l.]: Editora da UnB, 2003.
- BRYANT, H. N. Cladistic information in phylogenetic definitions and designated phylogenetic contexts for the use of taxon names. *Biological Journal of the Linnean Society*, v. 62, p. 495–503, 1997.
- CAPONI, G. *Georges Cuvier: Un Fisiólogo de Museo*. México, DF: Limusa, 2008.
- CAPONI, G. La miseria de la degeneración: el materialismo de Buffon y las ‘limitaciones’ de su transformismo. *História, Ciências, Saúde – Manguinhos*, v. 16, n. 3, p. 683–703, 2009.
- CAPONI, G. A marcha da natureza e seus descaminhos. *Ciência Hoje*, v. 44, n. julho, p. 71–3, 2009.
- CAPONI, G. *Breve Introducción al Pensamiento de Buffon*. México, DF: Universidad Autónoma Metropolitana, 2010.
- CAPONI, G. Las masas lamarckianas como clases naturales. *Filosofia e História da Biologia*, v. 5, n. 2, p. 295–307, 2010.
- CAPONI, G. La distinción entre linajes y sistemas: una contribución al entendimiento de la individualidad de los taxones biológicos. *Filosofia e História da Biologia*, v. 6, n. 1, p. 37–47, 2011.
- CAPONI, G. Los taxones como tipos: Buffon, Cuvier y Lamarck. *História, Ciências, Saúde – Manguinhos*, v. 18, n. 1, p. 15–31, 2011.
- CAPONI, G. Os táxons como indivíduos. In: STEFANO, W.; PECHLIYE, M. M. (Ed.). *Filosofia e História da Biologia*. São Paulo: Mack Pesquisa, 2011. p. 71–112.
- CARNAP, R. *Philosophical Foundations of Physics: An Introduction to the Philosophy of Science*. [S.l.]: Basic Books, 1966.

CHALMERS, D. J. The foundations of two-dimensional semantics. In: GARCÍA-CARPINTERO, M.; MACIÀ, J. (Ed.). *Two-Dimensional Semantics*. Oxford: Clarendon Press, 2006. p. 55–140.

CHIERCHIA, G. *Semântica*. Campinas: Unicamp, 2003.

COLEMAN, K. A.; WILEY, E. O. On species individualism: A new defense of the species-as-individuals hypothesis. *Philosophy of Science*, v. 68, p. 498–517, 2001.

CRACRAFT, J. Species concepts and speciation analysis. In: ERESHEFSKY, M. (Ed.). *The Units of Evolution: Essays on the Nature of Species*. Cambridge, MA: MIT Press, 1992. p. 93–120.

CRANE, J. K. On the Metaphysics of Species. *Philosophy of Science*, v. 71, n. 2, p. 156–173, 2004.

DARWIN, C. *On the Origin of the Species*. London: Murray and Sons, 1859.

DAWKINS, R. *The Ancestor's Tale*. New York: Mariner, 2004.

DEVITT, M. *Designation*. New York: Columbia University Press, 1981.

DEVITT, M. Resurrecting biological essentialism. *Philosophy of Science*, v. 75, p. 344–382, 2008.

DEVITT, M.; STERELNY, K. *Language and Reality: An Introduction to the Philosophy of Language*. 2nd. ed. Oxford: Blackwell, 1999.

DEVRIES, W. A. *Wilfrid Sellars*. Chesham: Acumen, 2005.

DONNELLAN, K. S. Reference and definite descriptions. *Philosophical Review*, v. 75, n. 3, p. 281–304, 1966.

DONNELLAN, K. S. Proper names and identifying descriptions. *Synthese*, v. 21, n. 3/4, p. 335–358, 1970.

DUMMETT, M. *Frege: Philosophy of Language*. New York: Harper & Row, 1973.

DUTRA, L. H. d. A. *Pragmática da Investigação Científica*. São Paulo: Loyola, 2008.

ERESHEFSKY, M. Species, higher taxa, and the units of evolution. In: *The Units of Evolution: Essays on the Nature of Species*. Cambridge, MA: MIT Press, 1992. p. 381–98.

ERESHEFSKY, M. (Ed.). *The Units of Evolution: Essays on the Nature of Species*. Cambridge, MA: MIT Press, 1992.

ERESHEFSKY, M. *The Poverty of the Linnaean Hierarchy: A Philosophical Study of Biological Taxonomy*. Cambridge, UK: Cambridge University Press, 2001.

ERESHEFSKY, M. Darwin's solution to the species problem. *Synthese*, v. 175, p. 405–425, 2010.

ERESHEFSKY, M. What's wrong with the new biological essentialism? *Philosophy of Science*, v. 77, n. 5, p. 674–85, 2010.

ERESHEFSKY, M. Mystery of mysteries: Darwin and the species problem. *Cladistics*, v. 27, p. 67–79, 2011.

EVANS, G. The causal theory of names. In: *Collected Papers*. Oxford: Clarendon Press, 1985. p. 178–213.

EVANS, G. Reference and contingency. In: *Collected Papers*. Oxford: Clarendon Press, 1985. p. 178–213.

FREGE, G. The thought: A logical inquiry. *Mind (New Series)*, v. 65, n. 259, p. 289–311, 1956/1918.

FREGE, G. *The Foundations of Arithmetic*. 2nd. ed. New York: Harper & Brothers, 1960.

FREGE, G. Sobre o sentido e a referência. In: ALCOFORADO, P. (Ed.). *Lógica e Filosofia da Linguagem*. São Paulo: Edusp, 2009/1892. p. 129–158.

FROST, D. R.; ETHERIDGE, R. A phylogenetic analysis and taxonomy of iguanian lizards (Reptilia: Squamata). *Miscellaneous Publications of the University of Kansas Museum of Natural History*, v. 13, p. 1–65, 1989.

G1. *Na Bahia, pesquisadores capturam peixe desconhecido pela ciência*. 2009. Disponível em: <<http://tinyurl.com/peixeG1>>.

GEACH, P. T. *Mental Acts*. London: Routledge & Kegan Paul, 1957.

GHISELIN, M. A radical solution to the species problem. *Systematic Zoology*, v. 23, p. 536–544, 1974.

GHISELIN, M. Ostensive definitions of the names of species and clades. *Biology and Philosophy*, v. 10, p. 219–222, 1995.

- GHISELIN, M. *Metaphysics and the Origin of Species*. New York: SUNY, 1997.
- GOULD, S. J. *Vida Maravilhosa*. São Paulo: Companhia das Letras, 1990.
- GRUSH, R. *Notes on Evans' 'The Causal Theory of Names'*. 2000. Disponível em: <http://mind.ucsd.edu/syllabi/00-01/phil_lang/readings/grush-02%28evans%29.html>.
- HACKING, I. A tradition of natural kinds. *Philosophical Studies*, v. 61, p. 109–126, 1991.
- HACKING, I. Putnam's theory of natural kinds and their names is not the same as Kripke's. *Principia*, v. 11, n. 1, p. 1–24, 2007.
- HAMILTON, A. From types to individuals: Hennig's ontology and the development of phylogenetic systematics. *Cladistics*, v. 28, p. 130–140, 2012.
- HAMMER, M. et al. Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish priesthood. *Human Genetics*, v. 126, p. 707–717, 2009.
- HÄRLIN, M. Taxonomic names and phylogenetic trees. *Zoologica Scripta*, v. 27, n. 4, p. 381–390, 1998.
- HÄRLIN, M. On the relationship between content, ancestor, and ancestry in phylogenetic nomenclature. *Cladistics*, v. 19, p. 144–147, 2003.
- HÄRLIN, M.; SUNDBERG, P. Taxonomy and philosophy of names. *Biology and Philosophy*, v. 13, p. 233–244, 1998.
- HAWTHORN, G. *Mundos plausibles, mundos alternativos*. New York: Cambridge University Press, 1995.
- HENNIG, W. *Phylogenetic Systematics*. Chicago, IL: University of Illinois Press, 1966.
- HEY, J. The mind of the species problem. *Trends in Ecology and Evolution*, v. 16, p. 326–329, 2001.
- HEY, J.; FITCH, W. M.; AYALA, F. J. (Ed.). *Systematics and the Origin of Species: on Ernst Mayr's 100th Anniversary*. Washington: The National Academies Press, 2005.
- HORWICH, P. *Meaning*. Oxford: Clarendon Press, 1998.

- HORWICH, P. *Reflections on Meaning*. Oxford: Clarendon Press, 2005.
- HULL, D. The metaphysics of evolution. *The British Journal for the History of Science*, v. 3, n. 12, p. 309–337, 1967.
- HULL, D. Are species really individuals? *Systematic Zoology*, v. 25, n. 2, p. 174–191, 1976.
- HULL, D. Units of evolution: A metaphysical essay. In: BRANDON, R. N.; BURIAN, R. M. (Ed.). *Genes, Organisms, Populations: Controversies over the Units of Selection*. Cambridge, MA: MIT Press, 1981. p. 142–160.
- HULL, D. *The Metaphysics of Evolution*. Albany, NY: SUNY, 1989.
- HULL, D. The ontological status of species as evolutionary units. In: RUSE, M. (Ed.). *Philosophy of Biology*. New York: Macmillan, 1989. p. 146–155.
- HULL, D. A matter of individuality. In: SOBER, E. (Ed.). *Conceptual Issues in Evolutionary Theory*. Cambridge: MIT Press, 1994. p. 193–217.
- ICBN. *International Code of Botanical Nomenclature*. 2006. Disponível em: <<http://ibot.sav.sk/icbn/main.htm>>.
- ICNB. *International Code of Nomenclature of Bacteria*. 1992. Disponível em: <<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK8817/>>.
- ICZN. *International Code of Zoological Nomenclature*. 1999. Disponível em: <<http://www.nhm.ac.uk/hosted-sites/iczn/code/>>.
- JACKSON, F. *Language, Names, and Information*. West Sussex: Wiley-Blackwell, 2010.
- JUNG, S.; LEE, S. Molecular phylogeny of the plant bugs (Heteroptera: Miridae) and the evolution of feeding habits. *Cladistics*, v. 28, p. 50–79, 2012.
- KAPLAN, D. Demonstratives: An essay on the semantics, logic, metaphysics, and epistemology of demonstratives and other indexicals. In: ALMOG, J.; PERRY, J.; WETTSTEIN, H. (Ed.). *Themes from Kaplan*. New York: Oxford University Press, 1989. p. 481–563.
- KELLER, R. A.; BOYD, R. N.; WHEELER, Q. D. The illogical basis of phylogenetic nomenclature. *The Botanical Review*, v. 69, n. 1, p. 93–110, 2003.
- KIELAN-JAWOROWSKA, Z.; CIFELLI, R. L.; LUO, Z.-X. *Mammals from the Age of Dinosaurs*. New York: Columbia University Press, 2004.

- KITCHING, I. J. et al. *Cladistics*. Oxford: Oxford University Press, 1998.
- KITTS, D. B. Can baptism alone save a species? *Systematic Zoology*, v. 32, n. 1, p. 27–33, 1983.
- KITTS, D. B.; KITTS, D. J. Biological Species as Natural Kinds. *Philosophy of Science*, v. 46, p. 613–22, 1979.
- KOJIMA, J.-I. Apomorphy-based definition also pinpoints a node, and PhyloCode names prevent effective communication. *The Botanical Review*, v. 69, n. 1, p. 44–58, 2003.
- KRETZSCHMAR, K.; WATT, F. M. Lineage tracing. *Cell*, n. 148, p. 33–45, 2012.
- KRIPKE, S. A. *Naming and Necessity*. Cambridge, MA: Harvard University Press, 1980.
- KROON, F. W. Theoretical terms and the causal view of reference. *Australasian Journal of Philosophy*, v. 63, n. 2, p. 143–166, 1985.
- LAMARCK, J. B. P. *Philosophie Zoologique*. Paris: J. B. Baillière, 1830.
- LANGENDONCK, W. V. *Theory and Typology of Proper Names*. Berlin: Mouton de Gruyter, 2007.
- LAPORTE, J. Does a type specimen necessarily or contingently belong to its species? *Biology and Philosophy*, v. 18, p. 583–588, 2003.
- LAPORTE, J. *Natural Kinds and Conceptual Change*. Cambridge, UK: Cambridge University Press, 2004.
- LAPORTE, J. Is there a single objective, evolutionary tree of life? *The Journal of Philosophy*, v. 102, n. 7, p. 357–74, 2005.
- LEVINE, A. Individualism, type specimens, and the scrutability of species membership. *Biology and Philosophy*, v. 16, p. 325–338, 2001.
- LEWIS, D. K. *On the Plurality of Worlds*. Oxford: Blackwell, 1986.
- LOWE, E. J. What is a criterion of identity? *The Philosophical Quarterly*, v. 39, n. 154, p. 1–21, 1989.
- LOWE, E. J. Objects and criteria of identity. In: HALE, B.; WRIGHT, C. (Ed.). *A Companion to the Philosophy of Language*. Oxford: Blackwell, 1997. p. 613–633.

LUO, Z.-X. Transformation and diversification in early mammal evolution. *Nature*, v. 450, p. 1011–19, 2007.

LYCAN, W. G. *Philosophy of Language: A contemporary introduction*. London: Routledge, 2008.

MATURANA, H.; VARELA, F. *De Máquinas e Seres Vivos*. Porto Alegre: Artmed, 1997.

MAYDEN, R. L. A hierarchy of species concepts: The denouement in the saga of the species problem. In: CLARIDGE, M. F.; DAWAH, H. A.; WILSON, M. R. (Ed.). *Species: The Units of Biodiversity*. London: Chapman and Hall, 1997. p. 381–424.

MAYR, E. *The Growth of Biological Thought*. Cambridge, MA: Belnap Press of Harvard University Press, 1982.

MAYR, E. Species concepts and their application. In: RUSE, M. (Ed.). *Philosophy of Biology*. New York: Macmillan, 1989. p. 136–145.

MAYR, E. Typological versus populational thinking. In: SOBER, E. (Ed.). *Conceptual Issues in Evolutionary Biology*. Cambridge, MA: MIT Press, 2006. p. 325–328.

MILL, J. S. *A System of Logic Ratiocinative and Inductive*. London: Routledge & Kegan Paul, 1974/1843.

MISHLER, B. Getting Rid of Species? In: WILSON, R. A. (Ed.). *Species*. Cambridge, MA: Bradford Books, 1999. p. 307–15.

MOORE, G. A Comparison of Traditional and Phylogenetic Nomenclature. *Taxon*, v. 47, n. 3, p. 561–579, 1998.

MOORE, G. Should taxon names be explicitly defined? *Botanical Review*, v. 69, n. 1, p. 2–21, 2003.

NELSON, G. J. Phylogenetic relationship and classification. *Systematic Zoology*, v. 21, p. 227–31, 1972.

NIXON, K. C.; CARPENTER, J. M. On the other “Phylogenetic Systematics”. *Cladistics*, v. 16, p. 298–318, 2000.

NOONAN, H. Relative identity. In: HALE, B.; WRIGHT, C. (Ed.). *A Companion to the Philosophy of Language*. Oxford: Blackwell, 1997. p. 634–652.

O'BRIEN, M. J.; LYMAN, R. L. *Applying Evolutionary Archaeology*. New York: Kluwer, 2000.

OKASHA, S. Darwinian metaphysics: Species and the question of essentialism. *Synthese*, v. 131, p. 191–213, 2002.

PUTNAM, H. The meaning of “meaning”. In: *Mind, Language and Reality: Philosophical Papers*. Cambridge, UK: Cambridge University Press, 1975. v. 2, p. 215–271.

PUTNAM, H. Is Water Necessarily H₂O? In: CONANT, J. (Ed.). *Realism with a Human Face*. Cambridge, MA: Harvard University Press, 1990. p. 54–79.

QUEIROZ, K. de. Systematics and the darwinian revolution. *Philosophy of Science*, v. 55, p. 238–259, 1988.

QUEIROZ, K. de. Phylogenetic definitions and taxonomic philosophy. *Biology and Philosophy*, v. 7, p. 295–313, 1992.

QUEIROZ, K. de. The definitions of species and clade names: A reply to ghiselin. *Biology and Philosophy*, v. 10, p. 223–228, 1995.

QUEIROZ, K. de. The General Lineage Concept of Species and the Defining Properties of the Species Category. In: WILSON, R. A. (Ed.). *Species: New Interdisciplinary Essays*. Cambridge, MA: Bradford Books, 1999. p. 49–89.

QUEIROZ, K. de. Branches in the lines of descent: Charles Darwin and the evolution of the species concept. *Biological Journal of the Linnean Society*, v. 103, p. 19–35, 2011.

QUEIROZ, K. de; GAUTHIER, J. Phylogeny as a central principle in taxonomy: Phylogenetic definitions of taxon names. *Systematic Zoology*, v. 39, n. 4, p. 207–322, 1990.

QUEIROZ, K. de; GAUTHIER, J. Phylogenetic taxonomy. *Annual Review of Ecology and Systematics*, v. 23, p. 449–480, 1992.

QUEIROZ, K. de; GAUTHIER, J. Toward a phylogenetic system of biological nomenclature. *Trends in Ecology and Evolution*, v. 9, n. 1, p. 27–31, 1994.

QUINE, W. v. O. Identity, ostension, and hypostasis. In: *From a Logical Point of View*. Cambridge, MA: Harvard University Press, 1980. p. 65–79.

REYDON, T. A. C. Discussion: Species are individuals — or are they? *Philosophy of Science*, v. 70, p. 49–56, 2003.

- REYDON, T. A. C. Review of *The Species Problem*, by Richard Richards. *Science and Education*, Online First, 2011.
- RICHARDS, R. A. *The Species Problem: A Philosophical Analysis*. Cambridge, UK: Cambridge University Press, 2010.
- RIDLEY, M. *Evolution*. 3 rd. ed. Oxford: Blackwell, 2004.
- ROHLAND, N. et al. Genomic DNA sequences from mastodon and woolly mammoth reveal deep speciation of forest and savanna elephants. *PLoS Biology*, v. 8, n. 12, p. 1–10, 2010.
- ROWE, T. Definition, diagnosis, and origin of mammalia. *Journal of Vertebrate Paleontology*, v. 8, n. 3, p. 241–264, 1988.
- RUSSELL, B. On denoting. v. 14, n. 56, p. 479–493, 1905.
- RUSSELL, B. *The Philosophy of Logical Atomism*. Chicago: Open Court, 1985/1918.
- RUSSELL, B. *Os Problemas da Filosofia*. Lisboa: Edições 70, 2008/1912.
- SALMON, N. U. *Reference and Essence*. New York: Prometheus Books, 2005.
- SALMON, W. An “at-at” theory of causal influence. In: *Causality and Explanation*. New York: Oxford University Press, 1998. p. 193–99.
- SANTOS, C. M. D. d. Os dinossauros de Hennig: sobre a importância do monofiletismo para a sistemática biológica. v. 6, n. 2, p. 179–200, 2008.
- SCHANDER, C.; THOLLESSON. Phylogenetic taxonomy — some comments. *Zoologica Scripta*, v. 24, p. 263–268, 1995.
- SEARLE, J. R. Proper names. *Mind (New Series)*, v. 67, n. 266, p. 166–73, 1958.
- SIDER, T. Four-dimensionalism. *Philosophical Review*, v. 106, p. 197—231, 1997.
- SIMPSON, G. G. *Principles of Animal Taxonomy*. New York: Columbia University Press, 1961.
- SIMPSON, G. G. Historical Science. In: JR., C. C. A. (Ed.). *The Fabric of Geology*. Reading, MA: Addison-Wesley, 1963. p. 24–48.
- SKORECKI, K. et al. Y chromosomes of Jewish priests. *Nature*, v. 385, p. 32, 1997.

SOAMES, S. *Beyond Rigidity: The Unfinished Semantic Agenda of Meaning and Necessity*. Oxford: Oxford University Press, 2002.

SOAMES, S. *Philosophy of Language*. Princeton: Princeton University Press, 2010.

SOAMES, S. *What Is Meaning?* Princeton: Princeton University Press, 2010.

SOAVI, M. Realism and artifact kinds. In: KROHS, U.; KROES, P. (Ed.). *Functions in Biological and Artificial Worlds: Comparative Philosophical Perspectives*. Cambridge, MA: MIT Press, 2009.

SOBER, E. Evolution, population thinking, and essentialism. *Philosophy of Science*, v. 47, n. 3, p. 350–383, 1980.

SOBER, E. Sets, species and evolution: Comments on Philip Kitcher's "Species". *Philosophy of Science*, v. 51, n. 2, p. 334–41, 1984.

SOBER, E. *Philosophy of Biology*. Boulder: Westview Press, 2000.

STAMOS, D. N. *Darwin and the Nature of Species*. Albany, NY: SUNY, 2007.

SULSTON, J. E.; HORVITZ, H. R. Post-embryonic Cell Lineage of the Nematode, *Caenorhabditis elegans*. *Developmental Biology*, v. 56, p. 110–156, 1977.

SULSTON, J. E. et al. The Embryonic Cell Lineage of the Nematode *Caenorhabditis elegans*. *Developmental Biology*, v. 100, p. 64–119, 1983.

THAN, K. *Bizarre Gelatinous Fish Found in Brazil*. 2009. Disponível em: <<http://tinyurl.com/peixeNG>>.

THOMAS, M. G. et al. Origins of Old Testament priests. *Nature*, v. 394, p. 138–140, 1998.

THOMASSON, A. L. *Ordinary Objects*. New York: Oxford University Press, 2007.

VELASCO, J. Species concept should not conflict with evolutionary history, but often do. *Studies in the History and Philosophy of Biology and Biomedical Sciences*, v. 39, p. 407–14, 2008.

VELASCO, J. Review of *The Species Problem*, by Richard Richards. *The Philosophical Review*, v. 120, p. 598–602, 2011.

VODICKA, M. A.; GERHART, J. C. Blastomere derivation and domains of gene expression in the Spemann Organizer of *Xenopus laevis*. *Development*, v. 121, p. 3505–3518, 1995.

WAGNER, G. P. (Ed.). *The Character Concept in Evolutionary Biology*. San Diego: Academic Press, 2001.

WHEELER, Q. D.; MEIER, R. (Ed.). *Species concepts and phylogenetic theory: a debate*. New York: Columbia University Press, 2000.

WILEY, E. O. An Annotated Linnaean Hierarchy, with Comments on Natural Taxa and Competing Systems. *Systematic Zoology*, v. 28, n. 3, p. 308–337, 1979.

WILEY, E. O. Is the evolutionary species fiction? — a consideration of classes, individuals and historical entities. *Systematic Zoology*, v. 29, n. 1, p. 76–80, 1980.

WILEY, E. O. *Phylogenetics: The Theory and Practice of Phylogenetic Systematics*. New York: John Wiley & Sons, 1981.

WILEY, E. O.; LIEBERMAN, B. S. *Phylogenetics: The Theory and Practice of Phylogenetic Systematics*. 2 nd. ed. Hoboken: Wiley-Blackwell, 2011.

WILKINS, J. S. Philosophically speaking, how many species concepts are there? *Zootaxa*, n. 2765, p. 58–60, 2011.

WILSON, B. E. A (not-so-radical) solution to the species problem. *Biology and Philosophy*, v. 10, p. 339–356, 1995.

WILSON, R. A. (Ed.). *Species: New Interdisciplinary Essays*. Cambridge, MA: MIT Press, 1999.

WOESE, C. R. The universal ancestor. *PNAS*, v. 95, p. 6854–59, 1998.

WOODWARD, J. *Making Things Happen: A Theory of Causal Explanation*. Oxford: Oxford University Press, 2003.

ZINK, S. The meaning of proper names. *Mind (New Series)*, v. 72, n. 288, p. 481–499, 1963.