



# OS TÁXONS BIOLÓGICOS TÊM ESSÊNCIAS?

Jerzy A. Brzozowski

Doutor em Filosofia pela Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC)  
Professor do Departamento de Filosofia da UFSC  
[jerzyab@gmail.com](mailto:jerzyab@gmail.com)

## Resumo

Segundo uma concepção bastante popularizada na filosofia a partir do trabalho de Saul Kripke, *propriedades essenciais* seriam aquelas que um indivíduo ou grupo manifesta em todos mundos possíveis nos quais existe. Neste artigo, tento responder à questão de se as *definições filogenéticas* – um novo modelo para a taxonomia que toma corpo com o Código Internacional de Nomenclatura Filogenética (PhyloCode) – expressam propriedades essenciais dos táxons biológicos. Para tanto, analisarei a proposta de Joseph LaPorte, que argumenta em favor da leitura essencialista das definições tipológicas. Defenderei uma resposta negativa à pergunta do título, a partir de argumentos de uma reconstrução do argumento essencialista realizada por Helen Steward.

**Palavras-chave:** essencialismo, táxons biológicos, nomenclatura filogenética.

## Abstract

According to a widespread conception in philosophy stemming from the work of Saul Kripke, one may define *essential properties* to be those which an individual or set possesses in all possible worlds in which it exists. In this article, I attempt to answer whether *phylogenetic definitions* – a new paradigm for taxonomy embodied in the International Code of Phylogenetic Nomenclature (PhyloCode) – express essential properties of biological taxa. In order to do so, I analyse Joseph LaPorte's essentialist reading. Based on a reconstruction of the essentialist argument by Helen Steward, I will defend a negative answer to the question above.

**Keywords:** essentialism, biological taxa, phylogenetic nomenclature.

## 1 Introdução

A recente publicação da primeira versão impressa do PhyloCode (CANTINO & DE QUEIROZ, 2020), um código de nomenclatura biológica embasado na sistemática filogenética, juntamente com o volume *Phylonyms* (DE QUEIROZ *et al.*, 2020), no qual um vasto repertório de nomes de táxons

biológicos é definido de acordo com esse código, reacende um conjunto de debates filosóficos acerca da natureza da relação entre os nomes dos táxons biológicos e os táxons em si. Dentre esses debates, está a questão de se os táxons têm *essências* — conjuntos de propriedades necessárias e suficientes para a inclusão no grupo. Neste artigo, examinarei a ideia, proposta por Joseph LaPorte (2004; 2010; 2018), de que as chamadas *definições filogenéticas* previstas pelo PhyloCode podem servir como caracterizações das essências dos táxons biológicos. Argumentarei que a resposta a essa pergunta é negativa, pelo fato de que tais “definições” na verdade realizam *delimitações identitárias* de entidades individuais (CAPONI, 2018), cujas condições de identidade não são claramente extrapoláveis para contextos modais (STEWART, 1990).

Este artigo está estruturado da seguinte maneira. A seção 2, contém duas partes: a primeira realiza um panorama acerca de como os táxons biológicos passaram a ser concebidos a partir de Darwin e como essa concepção serviu de base para o desenvolvimento da disciplina conhecida como *sistemática filogenética*. A segunda parte apresenta o PhyloCode, um código de nomenclatura biológica que pretende incorporar de forma radical a perspectiva filogenética. Nessa seção, focarei em um exemplo: a definição filogenética para o clado *Mammalia*. Na seção 3, apresentarei o argumento essencialista acerca das definições filogenéticas a partir de LaPorte, falando como algumas declarações do próprio Kevin de Queiroz, um dos proponentes do PhyloCode, parecem sustentar a leitura essencialista. Por fim, na seção 4, discutirei brevemente as razões pelas quais tal leitura essencialista falha. Os táxons têm *condições de*

*identidade*, mas não essências.

## 2 O PhyloCode e as “definições” filogenéticas

### 2.1 A individualidade dos táxons e a sistemática filogenética

Embora as espécies e outros táxons biológicos sejam comumente tratados em grande parte da literatura filosófica anglo-saxã como exemplos de “classes naturais” [*natural kinds*] (HACKING, 1991) — conjuntos de organismos agrupados sob critérios que poderíamos chamar de *tipológicos* (CAPONI, 2011) —, na filosofia da biologia é bastante conhecida a *tese da individualidade das espécies*. Trata-se da tese, famosamente defendida por Michael Ghiselin (1974) e David Hull (1976), mas já enunciada por Willi Hennig (1966), de que as espécies biológicas, e com efeito os táxons em geral, são concebidas no contexto teórico da biologia evolutiva como *entidades individuais*, ou seja, entidades espacotemporalmente delimitadas.

Essa visão invalida a ideia que características de natureza tipológica — morfofisiológicas, ecológicas, etológicas, e até mesmo a composição genética — possam servir como critérios necessários e suficientes para inclusão de organismos em táxons. Afinal, alguém poderia pensar que é possível listar as propriedades necessárias e suficientes para que um organismo seja classificado, digamos, como pertencendo à espécie *Turdus migratorius* (o tordo-americano)

(ROSENBERG & MCSHEA, 2008, p. 42). Uma tal lista permitiria que associássemos o nome da espécie a esse conjunto de características, e assim o nome seria algo como uma abreviação dessa descrição (SOBER, 2000, p. 149).

Porém, não é assim que as espécies e os outros táxons são concebidos na biologia pós-darwiniana. A partir de Darwin, “toda verdadeira classificação é genealógica” (DARWIN, 1859, p. 420), ou seja, se encontrássemos um organismo que é idêntico em todas as características tipológicas aos membros de *Turdus migratorius* que conhecemos, mas conseguíssemos descobrir que ele não compartilha um ancestral comum com esses organismos conhecidos, teríamos de dizer que o novo espécime pertence a uma nova espécie. Conversamente, um espécime de tordo-americano que fosse altamente atípico, por exemplo, que não tivesse asas, mas que fosse um descendente do ancestral comum dos outros membros de *Turdus migratorius*, ainda assim seria um membro dessa espécie.

Esse nexos genealógico que orienta a taxonomia pós-darwiniana está no cerne da proposta metodológica concebida pelo entomólogo Willi Hennig, a *sistemática filogenética* (HENNIG, 1966). Hennig transforma a hipótese darwiniana de que as semelhanças entre os organismos se explicam por filiação comum em uma diretriz metodológica: através da identificação de redes de semelhanças entre grupos de organismos, os biólogos são capazes de inferir as prováveis relações genealógicas entre esses grupos<sup>1</sup>.

---

1 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. Uma apresentação detalhada da sistemática filogenética foge aos propósitos do presente artigo. De qualquer modo, uma boa introdução é feita por Amorim

Então, sob a perspectiva genealógica, um agrupamento legítimo de organismos é aquele formado por um ancestral comum (que idealmente é toda uma população ou espécie) e o conjunto de todos seus descendentes. Isso é o que Hennig chama de *grupo monofilético*, fornecendo duas definições equivalentes:

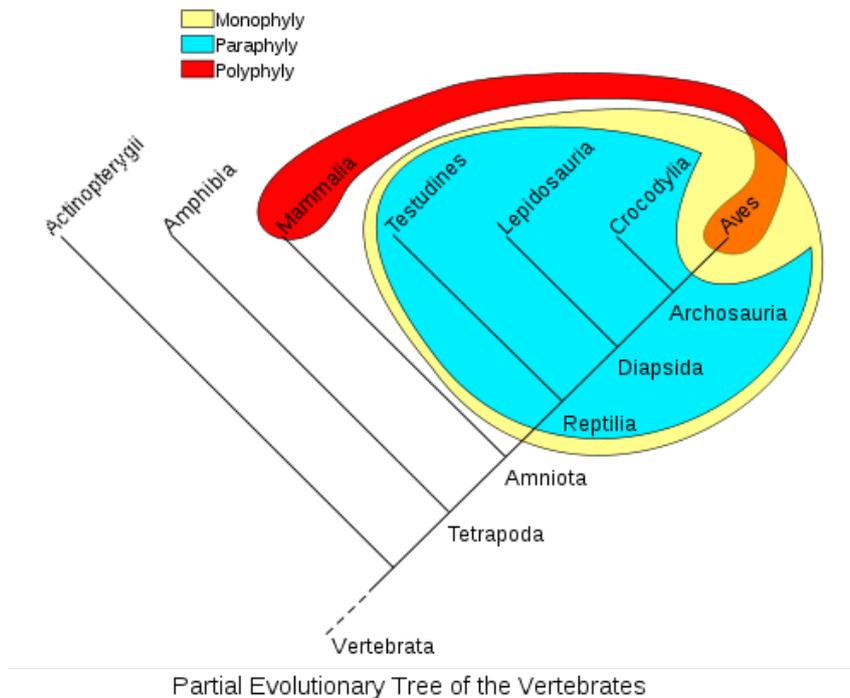
[Um grupo é monofilético se] for possível mostrar que não somente todas as espécies (ou indivíduos) incluídos nele de fato descendem de uma única espécie-tronco [*stem species*], mas também que nenhuma espécie derivada dessa espécie-tronco é alocada fora do grupo em questão (HENNIG, 1966, p. 73).

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, bem como os conceitos de grupo *parafilético* e *polifilético*, consideremos o *cladograma* da Figura 1. 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).

---

(2002).



**Figura 1.** 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 “Reptalia” 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 “Reptalia” 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 teleósteos com nadadeiras suportadas por lepidotríquias. **Fonte:** <https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Phylogenetic-Groups.svg> (domínio público).

Por exemplo, o táxon Reptalia, tal como hoje concebido, incluindo crocodilos (Crocodylia), cobras e lagartos (Lepidosauria), tartarugas (Testudines), e aves (Aves), 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. Do ponto de vista desse resultado filogenético, podemos dizer que “aves são répteis”, ou pelo menos que “aves são dinossauros” (SANTOS, 2008).

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. 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 (parafilia) ou só contar a história de alguns de seus membros (polifilia) significa não contar a história da família inteira (BRZOZOWSKI, 2014).

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 erro de não contar a história completa do grupo. Assim, o grupo conhecido no vernáculo como “répteis” (um grupo parafilético) 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 (BRZOZOWSKI, 2014).

## 2.2. A proposta do PhyloCode

A taxonomia biológica não acompanhou de imediato a proposta da sistemática filogenética; com efeito, os principais códigos de nomenclatura vigentes<sup>2</sup> ainda adotam, em maior ou menor grau, elementos da hierarquia lineana (espécie, gênero, família, ordem, etc.). Tal hierarquia, vale lembrar, é pré-darwiniana — e, por ter sido concebida sob a égide do pensamento tipológico sobre os táxons, apresenta vários problemas de compatibilidade com a perspectiva genealógica (ERESHEFSKY, 2001). Sob a ótica filogenética, fica

---

2 Atualmente, os principais códigos que regulamentam oficialmente a nomenclatura de táxons biológicos são: o *International Code of Zoological Nomenclature* (ICZN), para nomes de animais, o *International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants* (ICN), para nomes de plantas, o *International Code of Nomenclature of Prokaryotes* (ICNP), para nomes de Bacteria e Archea, e o *The International Code of Virus Classification and Nomenclature* (ICVCN), para nomes de vírus.

evidente que os graus da hierarquia não têm correspondente na realidade biológica, pois não faz mais sentido dizer que os táxons são agrupamentos de organismos com maior ou menor grau de importância, mas sim que são entidades individuais com graus relativos de inclusividade (por exemplo, Reptilia é mais inclusivo que Aves).

Uma compatibilização provisória entre a hierarquia lineana e a filogenética foi proposta por Wiley (1979), o chamado *sistema lineano anotado*. A proposta de Wiley é que cada táxon acima do grau de espécie deve corresponder, idealmente, a um grupo monofilético. 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 lineana<sup>3</sup>. Pensemos novamente no cladograma da Figura 1: Amphibia, Mammalia, Reptilia e Aves são táxons que estão no grau de *classe* da hierarquia lineana. Para comunicar a relativa recência com que cada um desses grupos divergiu do ancestral comum, Wiley sugere que se adote a convenção de Nelson (1972), chamada de *sequenciação*<sup>4</sup>, de acordo com a qual os grupos devem listados por ordem de descendência do ancestral comum, por exemplo:

Superclasse Tetrapoda

Classe Amphibia

Classe Mammalia

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

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

Classe Reptilia

Classe Aves

Diante desse exemplo, é difícil pensar em critérios filogeneticamente significativos para dizer que todos esses quatro grupos devem ser classificados sob o grau hierárquico de classes, até porque a filogenia sugere que Aves *está incluído em* Reptilia. Isso ilustra pelo menos em parte aquilo que Ereshefsky (2001) chama de “pobreza da hierarquia lineana”.

Pensando em superar essas e outras limitações, na 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 (DE QUEIROZ & GAUTHIER, 1992; 1990; DE QUEIROZ, 1988). 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 publicada em 2000. A versão mais recente, a sexta (CANTINO & DE QUEIROZ, 2020), é a primeira a ser publicada também em versão impressa<sup>5</sup>, e marca a oficialização desse código de nomenclatura.

O PhyloCode abandona a hierarquia lineana, na medida em que propõe a existência de apenas dois tipos básicos de entidades: espécies e clados (grupos monofiléticos). O código se mantém agnóstico acerca da definição do conceito de espécie (embora sugira a ideia de um “segmento de uma linhagem populacional”), e define “clado” como “um ancestral (um organismo,

---

<sup>5</sup> O código pode ser acessado *on-line* em <http://phylonames.org/code/>. As referências aos artigos do PhyloCode que farei aqui podem ser consultadas nesse *site*.

população ou espécie) e todos seus descendentes” (PhyloCode, Glossário). 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. Qualquer linhagem mais inclusiva que uma espécie, não importando o tamanho, é um clado.

A principal característica do PhyloCode é que o estabelecimento de um nome de clado requer uma *definição filogenética* (Art. 9.3), e o volume *Phylonoms* (DE QUEIROZ *et al.*, 2020) não apenas estabelece um número bastante significativo de definições desse tipo para os principais clados conhecidos, além de servir como um marco a partir do qual futuras definições poderão ser publicadas (Art. 7.1).

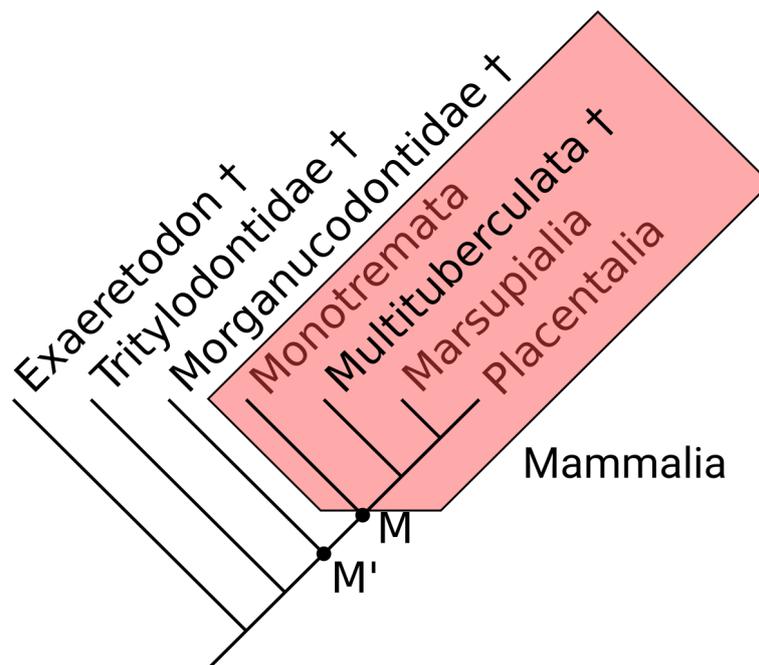
Como um exemplo, vejamos a definição filogenética para *Mammalia*<sup>6</sup>:

O menor clado apical [*crown clade*] contendo *Homo sapiens* Linnaeus 1758 (*Placentalia*), *Didelphis marsupialis* Linnaeus 1758 (*Marsupialia*), e *Tachyglossus aculeatus* (Shaw 1792) (*Monotremata*) (DE QUEIROZ *et al.*, 2020, p. 859).

A expressão “clado apical” indica que o intuito da delimitação é incluir apenas grupos *extantes* (isto é, não extintos). As três espécies mencionadas na definição — humanos, gambás (*D. marsupialis*), e equidnas (*T. aculeatus*) — são representantes dos três principais grupos de mamíferos existentes, respectivamente: *Placentalia*, *Marsupialia* e *Monotremata*. Essa “definição

6 No PhyloCode, os nomes dos clados supraespecíficos, ao contrário do que ocorre nos códigos de nomenclatura zoológica lineano (ICZN), devem ser grafados em itálico (PhyloCode, Recomendação 6.1A).

filogenética”, que na verdade poderíamos caracterizar como a *delimitação* (CAPONI, 2018) de certa entidade individual, indiretamente aponta para o ancestral comum desses três grupos (chamado *M* na Figura 2) e estabelece que todos os descendentes *daquele* ancestral comum são parte de *Mammalia*.



**Figura 2.** Cladograma adaptado de Rowe (1988) que serve como filogenia de referência para a “definição filogenética” de *Mammalia* fornecida por Queiroz, Cantino e Gauthier (2020, p. 859). Os nomes grafados em vermelho são os grupos extantes mencionados na definição, que têm *M* como ancestral comum hipotético. Desse modo, *M* e todos seus descendentes formam o táxon *Mammalia* (no destaque com a caixa rosada). Por sua vez, *M'* é o ancestral comum usado na definição de *Mammaliaformes* (DE QUEIROZ *et al.*, 2020, p. 851). O símbolo † indica um táxon extinto. **Fonte:** adaptado de Rowe (1988).

Deve-se notar que, se a filogenia da Figura 2 estiver correta, bastaria mencionar uma espécie de *Placentalia* e uma de *Monotremata* para delimitar o mesmo clado *Mammalia*. De fato, em um artigo anterior, o próprio de Queiroz (1994) fazia exatamente isso. Porém, pelo fato de que todo cladograma é uma hipótese, poderia ocorrer que *Marsupialia*, e não *Monotremata*, fosse o grupo mais

externo. Ainda que essa situação seja altamente improvável, dado que há várias evidências que suportam a filogenia da Figura 2, uma definição com representantes apenas de *Placentalia* e *Monotremata* correria o risco de deixar de fora um dos grupos extantes.

Para entender por que talvez seria mais interessante falar em “delimitação filogenética” do que em definição, vejamos a definição de *Mammaliaformes*:

O menor clado contendo *Homo sapiens* Linnaeus 1758  
(*Placentalia*) e *Morganucodon oehleri* Rigney 1963  
(*Morganucodontidae*) (DE QUEIROZ *et al.*, 2020, p. 851).

Esta “definição” aponta para o ancestral que indicamos na Figura 2 como *M'*. Ou seja, se a filogenia estiver correta, *Mammaliaformes* é um clado mais inclusivo que *Mammalia*. Enquanto o termo “mamífero” pode ser de difícil definição — não fica claro, por exemplo, se devemos excluir as espécies extintas, mas que ainda assim têm claras semelhanças com os mamíferos extantes, como é o caso de *Morganucodon* —, podemos ver como as delimitações dessas diferentes entidades individuais que são os clados tornam mais preciso o debate científico. Conforme Queiroz, Cantino & Gauthier (2020, p. 853):

Conceitualizar *Mammalia* como estando aninhando dentro dos clados mais inclusivos *Mammaliaformes* [etc.] traz um foco mais nítido para o contexto filogenético, sequência, e temporalidade da aquisição das características dos mamíferos.

A seguir, veremos o argumento em favor da interpretação essencialista das definições, ou delimitações, filogenéticas.

### 3 O argumento essencialista

Para entender o caminho até a interpretação essencialista das definições filogenéticas, é preciso retornar às palestras proferidas em 1970 e mais tarde reunidas sob o título de *O nomear e a necessidade* (2012), em que Saul Kripke apresenta de modo informal algumas das consequências semânticas e metafísicas de seu trabalho sobre as lógicas modais. Lógicas modais são aquelas que operam com os conceitos de *necessidade* e *possibilidade*. Kripke, juntamente com Ruth Barcan-Marcus (1946), esteve à frente do estabelecimento de uma semântica para as lógicas modais, inclusive as de primeira ordem. Para os propósitos deste artigo, basta dizer que, para Kripke, uma afirmação necessariamente verdadeira é aquela que é verdadeira em todos mundos possíveis<sup>7</sup>, e uma possivelmente verdadeira é aquela verdadeira em pelo menos um mundo possível.

Em *O nomear e a necessidade*, Kripke estabelece a *tese da designação rígida*. Segundo essa tese, um nome próprio, como “Aristóteles” tem um comportamento muito diferente de uma *descrição definida* como “o professor de Alexandre Magno”. Com essa tese, Kripke pretendia desafiar a noção proposta por Bertrand Russell de que o comportamento dessas classes de expressões

---

7 Kripke enfatiza que “mundos possíveis” não devem ser compreendidos como universos distantes do nosso, que talvez possam ser observados através de telescópios, mas sim situações contrafatuais estipuladas. Um dos mundos possíveis é o mundo *atual*: este mundo no qual habitamos, que existe *em ato*. Na definição de necessidade que resumimos acima, está faltando uma relação de acessibilidade: uma proposição é necessária se e somente se é verdadeira em todos os mundos possíveis acessíveis a partir do mundo no qual está sendo avaliada. Porém, esse detalhe não será relevante nesta abordagem introdutória.

(nomes próprios e descrições definidas) era equivalente. Poderíamos pensar uma situação (um mundo possível) no qual Aristóteles não foi professor de Alexandre Magno; por isso a expressão “o professor de Alexandre Magno” não designa o indivíduo Aristóteles em todos mundos possíveis. A forma como usamos o nome próprio “Aristóteles”, por sua vez, faz com que ele designe o mesmo indivíduo em todos mundos possíveis nos quais esse indivíduo existe — o nome próprio, diz Kripke, é um *designador rígido*. Uma das consequências da tese da designação rígida é a *necessidade da identidade* (NI)<sup>8</sup>:

**(NI)** Para quaisquer designadores rígidos “*x*” e “*y*”: Se  $x = y$ , então necessariamente  $x = y$ .

Isso ocorre pois, se um mesmo objeto é referido por dois nomes diferentes (digamos, “Héspero” e “Fósforo”), e cada um deles é um designador rígido, uma afirmação de identidade que utilize esses nomes (“Héspero = Fósforo”), se verdadeira, será verdadeira em todos mundos possíveis e, portanto, *necessariamente verdadeira* (KRIPKE, 2012, p. 161ss). Esse resultado torna possível que Kripke defenda a quebra do vínculo kantiano entre necessidade e aprioricidade, mostrando que identidades desse tipo são ao mesmo tempo necessárias, mas cognoscíveis apenas a posteriori.

Kripke mostra então, na terceira palestra, como o estabelecimento de identidades necessárias a posteriori podem servir de modelo para descobertas científicas — ele propõe a expressão “identidades teóricas”, mais tarde

<sup>8</sup> Estou usando uma formulação adaptada de Helen Steward (1990), que será útil mais adiante.

popularizada por Joseph LaPorte (2004; 2010). Talvez o exemplo mais famoso de identidade teórica se deva a Hilary Putnam (1975); trata-se da célebre afirmação de que “água = H<sub>2</sub>O” é uma identidade necessária a posteriori<sup>9</sup>.

De acordo com o essencialismo kripkeano, se definirmos uma propriedade essencial como uma propriedade que um indivíduo ou classe tem em todos mundos possíveis nos quais existe, então as identidades teóricas revelam propriedades essenciais. A água teria a propriedade essencial de ter suas moléculas compostas por duas moléculas de hidrogênio e uma de oxigênio (em certa disposição característica), o ouro teria a propriedade essencial de ter os átomos com número atômico 79, e assim por diante.

Nessa concepção, quais seriam as identidades teóricas que revelariam as essências dos táxons biológicos? Diferente de Michael Devitt (2008), LaPorte afirma (2010, p. 104) que elas são fáceis de encontrar: as definições filogenéticas do PhyloCode são exemplos. Recordemos o ancestral comum de todos as espécies extantes de mamíferos, que chamamos de *M* na Figura 2. Segundo LaPorte (2004; 2010), a definição filogenética “*Mammalia* = o clado que tem como ancestral comum *M*” é uma afirmação de identidade teórica, que, portanto, revela a *essência* de *Mammalia*. Em outras palavras, o nome “*Mammalia*” se refere, em todos mundos possíveis nos quais existe, a *M* e o conjunto de seus

---

9 É preciso afirmar que as teorias de Kripke e Putnam são distintas em muitos aspectos, mas uma explicação desses detalhes nos levaria para muito longe do ponto deste artigo. Sobre as diferenças, ver Hacking (2007). Também devo registrar que LaPorte (2010) insiste que *não se descobre* que uma afirmação de identidade teórica é verdadeira; pelo contrário, há alto grau de estipulação na decisão acerca de qual será a identidade teórica verdadeira em cada caso. LaPorte argumenta ainda que os exemplos clássicos “água = H<sub>2</sub>O” e “ouro = o elemento de número atômico 79” talvez nem sequer sejam verdadeiros (2004, cap. 4).

descendentes. Porém, fica claro que “ser descendente de  $M$ ” é uma propriedade *relacional* (pois relaciona pelo menos dois indivíduos ou conjuntos entre si), não *intrínseca* a um único indivíduo ou conjunto. A essência de um táxon, como afirma Okasha (2002), seria, portanto, relacional.

Há na literatura várias críticas ao essencialismo sobre táxons biológicos. Ereshefsky (2010) questiona em que medida esse essencialismo realiza algum trabalho explicativo; Pedroso (2012, 2014) mostra que outro argumento que pode ser mobilizado a partir do arcabouço teórico kripkeano, em favor do *essencialismo de origem*, não encontra analogias adequadas no caso dos táxons; Caponi (2018) aponta que Kripke está equivocado ao falar de *essências individuais*, e argumenta em favor da distinção entre identidade e essência. Na seção 4, seguirei o espírito da crítica de Caponi, agregando elementos de Helen Steward (1990).

Mas antes de passar à crítica, cabe ressaltar que o próprio de Queiroz parece, em um debate com Ghiselin na década de 1990, fornecer munção para a leitura essencialista das definições filogenéticas propugnada por LaPorte. De acordo com de Queiroz, ser um descendente do ancestral comum de humanos, gambás e equídeos é uma propriedade *necessária e suficiente* para que um organismo qualquer seja membro de *Mammalia* (DE QUEIROZ, 1992b, 1995). É precisamente esse o ponto do qual Ghiselin discorda, pelo fato de que assim estaríamos estabelecendo uma *propriedade definitiva*, postulando uma *essência* para o clado, algo que ele considera inadmissível:

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).

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): a “propriedade definitória” em questão não é intrínseca, mas relacional. E de Queiroz enuncia isso claramente:

A entidade ou entidades apontadas [no caso, táxons como equídnas, gambás e humanos] 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 (DE QUEIROZ, 1992a, p. 305).

O pomo da discórdia da discussão entre Ghiselin e De Queiroz é a questão de que as definições filogenéticas resultariam em verdades necessárias, pois aí mora a ameaça essencialista. De Queiroz faz afirmações que talvez soem demasiado fortes para Ghiselin, como a seguinte<sup>10</sup>:

---

10 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*.

É logicamente necessário que um organismo seja parte do clado que tem origem no ancestral comum mais recente de cavalos e equídnas [ou, na formulação mais recente: equídnas, gambás e humanos] 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 (DE QUEIROZ, 1995, p. 224).

O que de Queiroz está chamando de “logicamente necessário” aqui parece poder ser lido como “metafisicamente necessário”, ou seja, em qualquer mundo (biologicamente) possível, para que algo seja parte de *Mammalia*, tem de descender daquele ancestral. Talvez essa seja a interpretação que LaPorte tenha em mente ao defender seu essencialismo. Uma evidência em favor dessa leitura é que o próprio de Queiroz chega a usar o jargão dos mundos possíveis:

Ser uma parte de um clado particular que contingentemente acabou dando origem a cavalos e equídnas 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 equídnas 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 equídnas no mundo atual para que ele fosse um mamífero (DE QUEIROZ, 1995, p. 225).

Ou seja, “o último ancestral comum de cavalos e equídnas” deve ser entendida como uma descrição definida rigidificada<sup>11</sup>, significando “o último ancestral comum *no mundo atual* de cavalos e equídnas”. Para todos os efeitos,

---

<sup>11</sup> Leitores com familiaridade em filosofia da linguagem poderão também apontar que ela deve ser lida, nos termos de Donnellan (1966), como *atributiva*. Nomes desse tipo configuram a classe que Gareth Evans (1985) chamou de *nomes descritivos*.

ela tem de se comportar como um designador rígido — por isso propusemos, anteriormente, o nome próprio *M*.

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 “LUCA” (o último ancestral comum universal), “Eva Mitocondrial” (o ancestral comum mais recente de todas as mitocôndrias da espécie humana) e “Adão do cromossomo Y” (o ancestral comum mais recente de todos os cromossomos Y da espécie humana). No lugar de *M*, poderíamos usar o nome próprio “Concestral 15”, proposto por Dawkins (2004).

Retornando à definição de *Mammalia*, podemos então afirmar que, na leitura essencialista, ser descendente de *M* é tão necessário para um organismo ser parte de *Mammalia* quanto ter a estrutura química H<sub>2</sub>O 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. Há mun dos possíveis nos quais humanos, gambás e equidnas 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 seja ela própria necessária num sentido absoluto, o que equivaleria a dizer que *Mammalia* existe em todos mundos possíveis e

seria altamente implausível (afinal, é possível conceber um mundo no qual não existem mamíferos). De todo modo, o ponto é que, naqueles mundos em que *M* não existe, tampouco existe *Mammalia*.

#### 4 Um argumento contra o essencialismo sobre definições filogenéticas

O argumento essencialista para dizer que “água = H<sub>2</sub>O” é uma verdade necessária é formalizado por Helen Steward (1990) como uma espécie de *modus ponens*, da seguinte maneira:

1. (NI) Para quaisquer designadores rígidos “*x*” e “*y*”: Se  $x = y$ , então necessariamente  $x = y$ .
2. Água = H<sub>2</sub>O
3. “Água” e “H<sub>2</sub>O” são designadores rígidos.
4. Portanto, necessariamente água = H<sub>2</sub>O.

A título de justificação das premissas, (NI) é uma verdade da lógica modal, a premissa 2 parece ser uma descoberta empírica, e a premissa 3, se verdadeira, é uma verdade acerca da semântica dos termos em questão. Putnam (1975) parece ter argumentado de forma convincente que “água” é um designador rígido, mas o que dizer de “H<sub>2</sub>O”? Para Steward, justamente esse é o calcanhar de Aquiles do argumento:

“H<sub>2</sub>O” funciona como um termo descritivo; ele seleciona, em cada mundo possível, aquela substância que é quimicamente composta de uma parte de oxigênio e duas partes de hidrogênio, arranjadas na forma característica da molécula de água. Ele não funciona como um nome [...] (STEWART, 1990, p. 393).

Embora Steward não fale especificamente de táxons biológicos, um argumento análogo que ela cria para explicar por que “H<sub>2</sub>O” não é um designador rígido nos fornecerá um bom ponto de partida. Imaginemos que há uma árvore *A* que cresceu em um lugar *L* a partir de uma semente *S* (STEWART, 1990, p. 393). Suponhamos que alguém diga que crescer no lugar *L* a partir da semente *S* é uma condição suficiente para que uma árvore seja idêntica à árvore *A*. Nesse caso, Steward apresenta o seguinte argumento análogo:

1. **(NI)** Para quaisquer designadores rígidos “*x*” e “*y*”: Se  $x = y$ , então necessariamente  $x = y$ .
2. *A* = a árvore que cresceu de *S* na posição *L*
3. “*A*” e “a árvore que cresceu de *S* na posição *L*” são designadores rígidos.
4. Portanto, necessariamente *A* = a árvore que cresceu de *S* na posição *L*.

Aqui, fica claro que “a árvore que cresceu de *S* na posição *L*” não é um designador rígido; trata-se claramente de uma descrição definida. Se essa descrição consegue selecionar o mesmo indivíduo em todos mundos possíveis, é apenas por causa da forma como o mundo é, e não devido a qualquer propriedade lógica dessa expressão referencial. Em outras palavras, se há

rigidez, ela é apenas *de facto*. Portanto, aceitar a premissa 3 já requer a aceitação da conclusão do argumento: “especificamente, requer que estejamos preparados a asserir que ‘H<sub>2</sub>O’ seleciona a mesma substância em todos os mundos fisicamente possíveis em que H<sub>2</sub>O existe” (STEWART, 1990, p. 395).

Podemos facilmente transpor esse argumento para o caso de *Mammalia*:

1. (NI) Para quaisquer designadores rígidos “x” e “y”: Se  $x = y$ , então necessariamente  $x = y$ .
2. *Mammalia* = o clado formado por *M* e todos seus descendentes
3. “*Mammalia*” e “o clado formado por *M* e todos seus descendentes” são designadores rígidos.
4. Portanto, necessariamente *Mammalia* = o clado formado por *M* e todos seus descendentes.

Mais uma vez, a expressão “o clado formado por *M* e todos seus descendentes”, se for rígida, o é apenas *de facto*, e não *de jure*. Por isso, a crítica de Stewart se aplica aqui também; nossas taxonomias nos dizem como as coisas são, não como elas *devem ser* (STEWART, 1990, p. 398).

Agora, estamos diante de um problema: como poderíamos esquadrear essa conclusão anti-essencialista com as afirmações do próprio de Queiroz no sentido de que as definições filogenéticas estabelecem algum tipo de verdade necessária? Concordo com a sugestão de Caponi (2018) de que as definições filogenéticas devam ser lidas como estabelecendo as *identidades*, mas não as *essências*, dos táxons. Quer dizer, o que uma “definição” (insisto: delimitação)

filogenética faz é fornecer condições para que alguém encontre, dada uma filogenia diferente da usada como referência, o táxon em questão. De Queiroz estava certo em dizer que uma definição filogenética estabelece uma verdade *lógica*, pois inaugura uma regra semântica que rege o uso de um determinado termo, estabelecendo performativamente uma relação de sinonímia (BRZOZOWSKI, 2020). Ou seja, a partir de sua publicação, uma afirmação como “*Mammalia* é menor clado apical contendo *Homo sapiens* Linnaeus 1758 (*Placentalia*), *Didelphis marsupialis* Linnaeus 1758 (*Marsupialia*), e *Tachyglossus aculeatus* (Shaw 1792) (*Monotremata*)” se torna uma verdade *analítica*. Mas isso não quer dizer, a despeito das intuições metafísicas que o próprio de Queiroz manifesta nos trechos citados na seção anterior, que essa definição revele algo como “a essência” de *Mammalia*. Dito de outra maneira: definições filogenéticas estipulam condições para a identidade de táxons *no mundo atual*; não temos como dizer se tais condições se cumpririam em diferentes mundos possíveis, tal como requerido pelo essencialismo.

## 5 Considerações finais

Não era meu intuito, neste artigo, repetir as detalhadas críticas ao essencialismo biológico já publicadas por Ereshefsky (2010) e Pedroso (2012, 2014). Penso que, à luz da recente publicação do PhyloCode, faz-se necessário revisitar a discussão entre de Queiroz e Ghiselin na década de 1990 e dar-lhe a

devida atenção; afinal, esses trabalhos mostram um rico material para a reflexão filosófica acerca da natureza das “definições” filogenéticas e sua relação com os táxons nomeados. Nesses termos, espero ter conseguido mostrar que, a despeito do que o próprio de Queiroz sugere, uma leitura essencialista das definições filogenéticas é incompatível com a própria forma de conceituar os táxons vigente na biologia evolutiva hoje.

### Referências

AMORIM, D. S. *Fundamentos de Sistemática Filogenética*. Ribeirão Preto: Holos, 2002.

AVISE, J. C. *Evolutionary Pathways in Nature: A Phylogenetic Approach*. New York: Cambridge University Press, 2006.

BARCAN, R. C. A Functional Calculus of First Order Based on Strict Implication. *The Journal of Symbolic Logic*, v. 11, n. 1, p. 1–16, 1946.

BRZOZOWSKI, J. A. Biological Taxon Names Are Descriptive Names. *History and Philosophy of the Life Sciences*, v. 42, n. 3, p. 29, 2020.

BRZOZOWSKI, J. A. É possível colocar espécies biológicas em cladogramas? *Acta Scientiae, Canoas*, v. 16, n. 2, p. 264-283. maio/ago. 2014.

CANTINO, P. D. & DE QUEIROZ, K. *International Code of Phylogenetic Nomenclature (PhyloCode)*. Boca Raton: CRC Press, 2020.

CAPONI, G. Los Taxones Como Tipos: Buffon, Cuvier y Lamarck. *História, Ciências, Saúde – Manguinhos* 18, p. 15–31, 2011.

CAPONI, G. Esencia e Identidad en Filosofía de la Taxonomía. *Culturas*

*Cientificas*, v. 1, n. 2, p. 1–15, 2018.

DARWIN, C. *On the Origin of the Species*. London: Murray; Sons, 1859.

DAWKINS, R. *The Ancestor's Tale*. New York: Mariner, 2004.

DE QUEIROZ, K. Systematics and the Darwinian Revolution. *Philosophy of Science*, v. 55, n. 2, p. 238–59, 1988.

DE QUEIROZ, K. Phylogenetic Definitions and Taxonomic Philosophy. *Biology and Philosophy*, v. 7, p. 295–313, 1992a.

DE QUEIROZ, K. Phylogenetic Taxonomy. *Annual Review of Ecology and Systematics*, v. 23, p. 449–80, 1992b.

DE QUEIROZ, K. Replacement of an Essentialistic Perspective on Taxonomic Definitions as Exemplified by the Definition of 'Mammalia'. *Systematic Biology*, v. 43, n. 4, p. 497–510, 1994.

DE QUEIROZ, K. The Definitions of Species and Clade Names: A Reply to Ghiselin. *Biology and Philosophy*, v. 10, p. 223–28, 1995.

DE QUEIROZ, K.; CANTINO, P. D.; GAUTHIER, J. (Eds.) *Phylonoms*. Boca Raton: CRC Press, 2020.

DE QUEIROZ, K. & GAUTHIER, J. Phylogeny as a Central Principle in Taxonomy: Phylogenetic Definitions of Taxon Names. *Systematic Zoology*, v. 39, n. 4, p. 207–322, 1990.

DEVITT, M. Resurrecting Biological Essentialism. *Philosophy of Science*, v. 75, p. 344–82, 2008.

DONNELLAN, K. S. Reference and Definite Descriptions. *Philosophical Review*, v. 75, n. 3, p. 281–304, 1966.

ERESHEFSKY, M. *The Poverty of the Linnaean Hierarchy: A Philosophical Study of Biological Taxonomy*. Cambridge, UK: Cambridge University Press, 2001.

ERESHEFSKY, M. What's Wrong with the New Biological Essentialism? *Philosophy of Science*, v. 77, n. 5, p. 674–85, 2010.

EVANS, G. Reference and Contingency. In: EVANS, G. *Collected Papers*. Oxford: Clarendon Press, 1985, p. 178–213.

GHISELIN, M. A Radical Solution to the Species Problem. *Systematic Zoology*, v. 23, p. 536–44, 1974.

GHISELIN, M. 1995. Ostensive Definitions of the Names of Species and Clades. *Biology and Philosophy*, v. 10, p. 219–22, 1995.

HACKING, I. A Tradition of Natural Kinds. *Philosophical Studies*, v. 61, p. 109–26, 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.

HENNIG, W. *Phylogenetic Systematics*. Chicago, IL: University of Illinois Press, 1966.

HULL, D. Are Species Really Individuals? *Systematic Zoology*, v. 25, n. 2, p. 174–91, 1976.

KRIPKE, S. *O nomear e a necessidade*. Tradução de Ricardo Santos e Teresa Filipe. Lisboa: Gradiva, 2012.

LAPORTE, J. *Natural Kinds and Conceptual Change*. Cambridge, UK: Cambridge University Press, 2004.

LAPORTE, J. Theoretical Identity Statements, Their Truth, and Their Discovery. In: BEEBEE, H.; SABBARTON-LEARY, N. (Eds.). *The Semantics and Metaphysics*

of *Natural Kinds*. New York: Routledge, 2010, p. 104–24.

LAPORTE, J. Modern Essentialism for Species and Its Animadversions. In: JOYCE, R. (Ed.). *The Routledge Handbook of Evolution and Philosophy*. Abingdon-on-Thames: Routledge, 2018, p. 182–93.

NELSON, G. J. Phylogenetic Relationship and Classification. *Systematic Zoology*, v. 21, p. 227–31, 1972.

OKASHA, S. Darwinian Metaphysics: Species and the Question of Essentialism. *Synthese*, v. 131, p. 191–213, 2002.

PEDROSO, M. Essentialism, History, and Biological Taxa. *Studies in the History and Philosophy of Biology and Biomedical Sciences*, v. 43, p. 182–90, 2012.

PEDROSO, M. Origin Essentialism in Biology. *The Philosophical Quarterly*, v. 64, n. 254, p. 60–81, 2014.

PUTNAM, H. The Meaning of ‘Meaning’. In: PUTNAM, H. (Ed.). *Mind, Language and Reality: Philosophical Papers*, 2. Cambridge, UK: Cambridge University Press, 1975, p. 215–71.

ROSENBERG, A. & D. W. MCSHEA. *Philosophy of Biology: A Contemporary Introduction*. Abingdon-on-Thames: Routledge, 2008.

ROWE, T. Definition, Diagnosis, and Origin of Mammalia. *Journal of Vertebrate Paleontology*, v. 8, n. 3, p. 241–64, 1988.

SANTOS, C. M. D. Os dinossauros de Hennig: sobre a importância do monofiletismo para a sistemática biológica. *Scientiae Studia*, v. 6, n. 2, p. 179–200, 2008.

SIMPSON, G. G. *Principles of Animal Taxonomy*. New York: Columbia University Press, 1961.

SOBER, E. *Philosophy of Biology*. Boulder: Westview Press, 2000.

STEWART, H. Identity Statements and the Necessary a Posteriori. *Journal of Philosophy*, v. 87, n. 8, p. 385–98, 1990.

WILEY, E. O. An Annotated Linnaean Hierarchy, with Comments on Natural Taxa and Competing Systems. *Systematic Zoology*, v. 28, n. 3, p. 308–37, 1979.

WILEY, E. O. & LIEBERMAN, B. S. *Phylogenetics: The Theory and Practice of Phylogenetic Systematics*. 2<sup>nd</sup> edition. Hoboken: Wiley-Blackwell, 2011.



Esta obra está licenciada sob a licença [Creative Commons Atribuição – Não Comercial 4.0 Internacional](https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/).