



GUSTAVO CAPONI

LINAJE

(pp. 340-345)

ENTRADA DE

MAXIMILIANO MARTÍNEZ & JORGE GALINDO
(COORDINADORES)

*DICCIONARIO DE BIOLOGÍA EVOLUTIVA
PARA LAS CIENCIAS SOCIALES Y LAS HUMANIDADES*

MÉXICO

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA METROPOLITANA

2022



ISBN 978-607-28-2619-9

LINAJE

Gustavo Caponi⁶⁶

Antes de desempeñar el papel fundamental que ahora tiene en la biología evolutiva, la noción de *linaje* ya era el articulador fundamental de la genealogía: un saber que a partir de la Edad Media había comenzado a desprenderse de esa connivencia con el mito en la cual había permanecido desde la más remota antigüedad. Ahí, en el marco de la genealogía, un linaje era entendido como una serie de relaciones de filiación que unían a un individuo, a una familia, o a un grupo mayor, como una tribu o una etnia, con sus ancestros y sus descendientes, y, dada la arraigada presunción de que la dignidad de las personas y de los grupos puede depender de su putativa pertenencia a una estirpe, las tentativas por establecer genealogías pueden encontrarse en culturas muy diferentes, algunas de ellas muy antiguas. Hay registros de reconstrucciones genealógicas en la China antigua y en el antiguo Egipto, y también nos encontramos con ellas en la *Torá*, en la *Ilíada* y en la *Eneida*. Pero en su mayor parte esas genealogías

no pretendían apartarse del discurso mítico y en general su función era establecer la prosapia divina de un individuo o un grupo. Pretensión que, en el medioevo europeo, comienza a quedar en segundo plano: allí las filiaciones sirven, sobre todo, para establecer derechos, formales o informales, como los que se derivan de los títulos nobiliarios.

Con ello la genealogía comienza a secularizarse, apartándose de la esfera del relato mítico y aproximándose al registro de los discursos jurídicos. De ese modo, sobre todo desde el Renacimiento en adelante, fue evolucionando y estandarizando procedimientos para reconstrucción y validación de filiaciones. De forma que ya en el siglo xix, cuando los estudios históricos comienzan a profesionalizarse y articularse en una disciplina académica específica, la genealogía, sin perder del todo sus funciones en el plano jurídico, pudo transformarse, como pasó con la numismática, o con la heráldica, en una de las ciencias auxiliares de la historia. Con todo, antes de que eso ocurriese, en el siglo xviii su noción articuladora, la idea de "linaje", ya había comenzado a despuntar en el discurso de las ciencias de la vida. En su *Historia natural general y particular*, Buffon comienza a pensar

⁶⁶ Departamento de Filosofía, Universidade Federal de Santa Catarina.

las variedades y las razas como si fuesen sublinajes de una especie, y, por la mediación de la teoría de la degeneración, eso se extiende hasta el caso de muchas especies que pasan a ser consideradas como sublinajes de un género. Comienza a insinuarse, de ese modo, una aproximación entre la clasificación de los seres vivos y su genealogía.

Una aproximación cuya expresión más rotunda, y definitiva, estará en Charles Darwin. Según éste, el único método natural para clasificar a los seres vivos era el genealógico. Variedades, especies, géneros, familias, órdenes y reinos sólo podían ser establecidos y distinguidos en virtud de relaciones de filiación, lo cual equivalía a decir que cada taxón, del nivel que fuere, debía ser entendido como un linaje posible de ser considerado como sublinaje de otro linaje, otro taxón, más abarcador. Sin embargo, para que la expresión "linaje", o *Phylum*, comience a ser usada sistemáticamente como equivalente de "taxón" era necesario esperar unos pocos años, hasta la publicación de las obras de Ernst Haeckel. Este célebre darwinista alemán fue el responsable de que las clasificaciones genealógicas de los diferentes grupos de seres vivos fuesen llamadas "filogenias". Pero para

que la propia idea de *linaje* cobrase contornos bien definidos fue preciso que los estudios filogenéticos alcanzasen el rigor que sólo pudieron alcanzar a partir de la segunda mitad del siglo xx. Y es considerando esos desarrollos que, si se toma este concepto del modo en que opera dentro de la biología evolutiva, puede decirse que la forma más simple de linaje que cabe distinguir es una serie de poblaciones que se suceden en el tiempo, conectadas por relaciones de ancestralidad y descendencia.

Las especies por lo general están compuestas de más de una de esas series de poblaciones; se trata, por eso, de linajes que contienen más de un linaje. Pero es necesario que esas series de poblaciones no formen líneas independientes: es preciso que estén microevolutivamente conectadas. Es decir: es indispensable que los procesos de selección natural, selección sexual, deriva genética, migración y mutación genética que ocurran en una de esas series puedan llegar a repercutir significativamente en las demás. Si eso no ocurre estaremos ante especies diferentes. Especies que, siendo linajes, o taxones, también conforman linajes, o taxones, de rango superior. Taxones o linajes, estos últimos que, a diferencia de las especies, ya no se de-

limitan por su conexión microevolutiva. Ahí lo que importa es una conexión estrictamente genealógica: la monofilia. Cada uno de ellos, sea cual sea su rango (género, familia, orden, etcétera), se individúa por el hecho de derivar de un ancestro común privativo: una especie de la cual emanan todos los linajes de ese taxón y de la cual no deriva ningún linaje descendiente que no esté incluido en ese grupo.

Pero para entender cabalmente la especificidad de la noción de *linaje* que opera en la biología evolutiva es menester volver a lo que hemos dicho sobre la forma básica de linaje. Es necesario recordar que el tipo de linaje más simple del cual se componen todos los linajes, o taxones, de orden superior, siempre es una serie de poblaciones. Y en lo que atañe a eso también es importante subrayar que estamos hablando de poblaciones en sentido evolutivo, no en sentido meramente ecológico. Estamos hablando de lo que en la literatura actual suele llamarse “deme”: la población considerada como secuencia de generaciones en las que pueden producirse y verificarse procesos microevolutivos como selección natural, selección sexual, deriva genética, migración y mutación genética. Procesos, todos éstos,

que suponen unidades capaces de tener algún grado de éxito reproductivo independiente y que, por eso, puedan ser consideradas como semaforontes de algún taxón, es decir, como individuos que, en alguna fase de su ontogenia, pueden exhibir los estados de caracteres que consideramos propios del linaje al cual los adscribimos.

Esto último puede resultar una exigencia gratuita; pero es necesario introducirla para poder distinguir el concepto evolutivo de *linaje* del concepto de *linaje* con el que suele operarse en la biología del desarrollo. Allí, en ese otro capítulo de las ciencias de la vida, que estudia la ontogenia y no la filogenia, la idea de *linaje* también tiene un lugar plenamente legítimo. Puesto que todas las células de un organismo pluricelular derivan de una única primera célula, el proceso de desarrollo de un ser vivo individual puede ser representado como un árbol cuyas ramas se van bifurcando, conforme se diferencian y se especializan los diferentes tipos de células que están llamados a formar los distintos tipos de tejidos y órganos de ese individuo. Así, de la misma forma en que se habla de un árbol filogenético en el cual todas las especies, extantes y extintas, son representadas como divergencias

a partir de un único ancestro común, también podríamos hablar de un árbol ontogenético en el cual los diferentes tipos de células de cualquier organismo son representadas como divergencias a partir de ese ancestro común a todas ellas al que se denomina “cigoto”.

Es más, esas divergencias entre linajes de células pueden discutirse de manera análoga a cómo se representan las divergencias filogenéticas. Del mismo modo en que puede discutirse si, filogenéticamente hablando, los cocodrilos son más próximos a las aves o a los lagartos, también puede discutirse si, ontogenéticamente hablando, las células adiposas son más próximas a las células epiteliales o a las nerviosas. Y en ambos casos las hipótesis alternativas que se formulen podrán ser representadas como “cladogramas”: como árboles, o grafos, de divergencias sucesivas en los cuales cada punto de bifurcación es considerado como el ancestro común de los linajes de ahí derivados. Pero, sin menoscabar esas analogías, también es menester apuntar una diferencia radical entre ambos tipos de linajes: nadie reconocería a los linajes de células que se van diversificando en la ontogenia de un organismo multicelular, como si fuesen taxones

merecedores de un lugar propio en el *árbol de la vida*.

La relación que Bucéfalo guarda con sus células epiteliales no tiene nada que ver con la relación que él guarda con su especie; ni tampoco con la relación que esa especie guarda con el género al que la adscribimos. Las células de un caballo no son sublinajes suyos. Esto es así porque los linajes de células de los organismos pluricelulares no son demesni, menos todavía, gavillas de demes: las células que los componen no pueden tener más éxito reproductivo que los organismos que integran ellas. Algunas de las células epiteliales de un caballo podrán ser más prolíficas que otras de sus semejantes, pero eso no les brindará mayor descendencia en la próxima generación de caballos. Cuando hablamos de organismos multicelulares, los individuos darwinianos más simples por ser considerados son esos mismos organismos y no sus células; por eso ellas no pueden ser consideradas como ejemplares o semaforontes de taxones. Como sí pueden ser así considerados, por supuesto, los individuos de especies unicelulares.

Pero además de esos diferentes usos biológicos, el filogenético y el ontogenético, la noción de “linaje” no ha dejado

de tener usos en las ciencias humanas y sociales. Ya en 1853, seis años antes de la publicación de *Sobre el origen de las especies*, el lingüista alemán August Schleicher había propuesto una clasificación genealógica de las lenguas indoeuropeas: una clasificación en la que se distinguían diferentes linajes y sublinajes lingüísticos cuyo ancestro primitivo común era, justamente, el indoeuropeo, y en su libro, Darwin supo subrayar la analogía que podía existir entre esa clasificación lingüística y la clasificación genealógica que él proponía para las especies biológicas. Una analogía que el propio Schleicher tampoco se privó de reivindicar y que también fue refrendada e invocada por naturalistas como Charles Lyell, Ernst Haeckel y Florentino Ameghino.

Por otra parte, en la historia de los artefactos y de los diseños técnicos también suele hablarse de linajes. Son muy conocidos, en este sentido, los linajes de yelmos y de espadas; pero también pueden trazarse linajes de artefactos menos afines a la temática de la heráldica: los diseños de monedas y de diferentes herramientas, como hachas y martillos, suelen ser ordenados y clasificados como linajes que, en virtud de exigencias de naturaleza muy variada, van

cambiando y divergiendo a partir de diseños más básicos y primitivos. Como ocurre, por otra parte, con la evolución de los ornamentos y de los estilos de muebles. Estos procesos tampoco parecen refractarios a una representación genealógica y sería muy arduo discutir hasta qué punto esas representaciones genealógicas aluden, con precisión, a un proceso real, o si sólo son artificios expositivos, cuya adopción nos obliga a forzar los hechos para que ellos quepan en un esquema forjado en otro contexto demasiado diferente.

Pero aun así se puede decir algo sobre la principal condición que debe cumplirse para poder usar legítimamente la noción de *linaje* en general, tanto en biología evolutiva y en biología del desarrollo, como en las ciencias sociales y humanas. Cabe decir, en este sentido, que para que un conjunto de entidades configure un linaje es necesario que las series de descendencia que ahí sean delineadas sean establecidas en virtud de caracteres cuya presencia en las formas derivadas pueda explicarse por la propia dinámica, deriva, operación o desarrollo efectivo de las formas primitivas. Esto se cumple, ciertamente, en el caso de esos linajes de los que hablan la biología evolutiva y la biología del desarro-

llo. Pero creo que esa condición también se cumple en el caso de la evolución de las lenguas, de mitos, de instituciones y de artefactos. Que en estos últimos casos puedan ocurrir confluencias e hibridaciones no presenta demasiados problemas. Al fin y al cabo estos fenómenos

son la regla entre los sublinajes integrados en el interior de una misma especie, y también suelen ocurrir entre linajes de diferentes especies. Se sabe, incluso, que hay especiación por hibridación.

* herencia, especie, especiación, raza

Referencias bibliográficas

- Caponi, Gustavo (2016). Lineages and Systems: A Conceptual Discontinuity in Biological Hierarchies. En: Niles Eldredge, Telmo Pievani, Emanuele Serrelli y Ilya Tëmkin (eds.). *Evolutionary Theory: A Hierarchical Perspective* (pp. 47-62). Chicago: Chicago University Press.
- (2020), El concepto evolucionario de linaje. *Revista Colombiana de Filosofía de la Ciencia* 20 (41): 11-39.
- Wiley, Edward, y Lieberman, Bruce (2011) *Phylogenetics: Theory and Practice of Phylogenetics Systematics*. Hoboken: Wiley-Blackwell.