

Ivan LÖBL*

La sovrastima dei metodi molecolari e dei modelli matematici rispetto a quelli tradizionali può condurre a problemi reali nella conoscenza della biodiversità mondiale

Riassunto: Fin dal 1992, con la Convenzione sulla Diversità Biologica di Rio de Janeiro, la biodiversità della terra è una materia di costante interesse pubblico, ma la comunità scientifica, impegnata nel descrivere e identificare le specie animali includendole in grandi raggruppamenti diversificati, deve affrontare difficoltà in continua crescita. I problemi derivano dalla scarsa comprensione della specificità della tassonomia e dall'assegnare eccessivo valore ai metodi quantitativi e alle moderne tecnologie. Dato che la maggior parte delle specie animali deve essere ancora scoperta e studiata, è necessario affrontare la situazione con metodi più equilibrati.

Abstract: *Overestimation of molecular and modelling methods and underestimation of traditional taxonomy leads to real problems in assessing and handling of the world's biodiversity.*

Since the 1992 Rio Convention on Biological Diversity, the Earth's biodiversity is a matter of constant public interest, but the community of scientists who describe and delimit species in mega-diverse groups, *i.e.* the bulk of global biodiversity, faces ever-increasing impediments. The problems are rooted in poor understanding of specificity of taxonomy, and overestimation of quantitative approaches and modern technology. A high proportion of the animal species still remains to be discovered and studied, so a more balanced approach to the situation is needed.

Key words: Biodiversity, taxonomy, trends, impediments, perspectives.

Arrampicandosi su un ripido sentiero sopra Morgins, nelle Alpi svizzere, il dodicenne Thomas notò una strana creatura in bilico su un ramo. L'animale, lungo circa 2 cm, era nero con numerose macchie sul dorso ed un prolungamento del capo (Fig. 1) che ricordava quello di un elefante. Sfortunatamente, né i suoi genitori, né più tardi il suo insegnante furono capaci di soddisfare l'appassionata curiosità di Thomas di scoprire che tipo di animale aveva incontrato. Non molto tempo fa, qualsiasi insegnante avrebbe saputo che si trattava di un coleottero e, se avesse avuto un minimo interesse per la natura, probabilmente avrebbe riconosciuto un curculionide. Oggi questo tipo di conoscenza sta scomparendo perfino tra i biologi, la cui abilità nel riconoscere le forme di vita può essere paragonata, in molti casi, a quella di Thomas. Si tratta di un paradosso, dato che ci sono numerose organizzazioni e società ambientaliste attive in tutto il mondo. Questo avviene in un momento in cui gli effetti antropici sull'ambiente stanno raggiungendo un punto di svolta e, quindi, noi abbiamo bisogno più che mai di informazioni affidabili sulla biodiversità terrestre.

Questo problema mi si è ripresentato nuovamente durante il lavoro svolto per la redazione del "Catalogue of Palaearctic Coleoptera" (Löbl & Smetana, 2003, 2004, 2006, 2007, 2008, 2010, 2011, 2013). Lo scopo di quel lavoro era di fornire una visione d'insieme sulla fauna paleartica dei coleotteri, in particolare perché questi insetti sono l'ordine più ricco di specie fra tutti gli organismi che abitano il nostro pianeta (Slipinski *et al.*, 2011), comprendendo circa un quarto di tutte le specie di Metazoi conosciute. L'area geografica presa in considerazione è anche la regione biogeografica più estesa: copre l'Europa, l'Africa a nord del deserto del Sahara, la penisola Arabica e l'Asia, eccetto le aree tropicali a sud della catena Himalayana e della Cina. Il lavoro, iniziato nel 1999 e completato con la collaborazione di 202 esperti nel maggio 2013, fornisce informazioni di base sulla tassonomia e sulla distribuzione di 18,468 generi, sottogeneri e loro sinonimi e su 170,778 specie, sottospecie e loro sinonimi. Questo lavoro sottolineava anche i problemi che i tassonomi incontrano e la necessità di discutere le tendenze che attualmente ostacolano gli sforzi di inquadrare in

*Ivan Löbl, Muséum d'Histoire Naturelle, Rue de Malagnou 1, CH-1208 Geneva, Switzerland.
E-mail: ivan.lobl@bluewin.ch

grandi e diversificati gruppi animali la ricchezza delle specie.

Ben prima che l'opera fondamentale di Linneo fosse pubblicata (Linnaeus, 1758), i naturalisti hanno continuamente tentato di documentare la diversità delle forme viventi. Il compito è diventato ancor più urgente in tempi recenti a causa delle estinzioni causate dall'implacabile pressione umana sull'ambiente (Collins *et al.*, 1991). Tutti gli animali sono sottoposti a questa pressione, ma quelli di più piccole dimensioni sono assai più ricchi di specie, sono i meno conosciuti, e hanno un maggiore impatto sul funzionamento degli ecosistemi (Kim, 1993). L'informazione sulla diversità delle specie è raccolta in cataloghi che rappresentano uno strumento fondamentale per stabilire una nomenclatura univoca da utilizzare sia in biologia sia nella conservazione, con importanti prospettive sotto il profilo storico. Può sembrare strano che, nonostante tutti gli sforzi fatti a partire dalla metà del 18 secolo, ci sia ancora una carenza di cataloghi adeguati per grandi gruppi di animali. Molti degli scienziati che hanno contribuito al catalogo dei coleotteri paleartici hanno affrontato le molte incertezze insite in questo ambito della ricerca scientifica. Queste sono parzialmente legate al concetto di specie: diversamente dagli individui, le specie sono ipotesi o entità basate sui caratteri osservati, ponderati in base alle conoscenze attuali. Quali che siano i caratteri scelti, e comunque siano usati, essi rappresentano solo una piccola frazione di quelli totali, e la loro scelta dipende dalla tecnologia, dai metodi e dalle tradizioni nel campo della ricerca attualmente disponibili. Di conseguenza, lo studio della biodiversità non è una successione lineare



Fig 1. Il Curculionide rinvenuto.

di specie nuove per la scienza, scoperte e denominate, come talvolta si è ritenuto, ma una serie di concetti, rivalutazioni e correzioni che evolvono continuamente. I tassonomi che definiscono e classificano le specie trascorrono più tempo a trattare dati di letteratura che a pubblicare nuove scoperte. Essi devono conoscere a fondo il vasto patrimonio di informazioni rilevanti pubblicato in varie lingue e in decine di migliaia di documenti, molti dei quali non sono facilmente e immediatamente disponibili. Inoltre, il loro lavoro è ostacolato dagli imprevisti effetti collaterali derivanti dalla attuale politica e gestione della ricerca scientifica.

La stima della diversità in gruppi tassonomici ricchi di specie richiede studi di lungo termine come le revisioni tassonomiche, le liste faunistiche e i cataloghi. Questo lavoro spesso si concretizza in corposi contributi, come il nuovo catalogo dei coleotteri paleartici, contributi che generalmente vengono pubblicati con modalità che li escludono dagli attuali strumenti di valutazione scientifica bibliometrica. Questo problema è già stato evidenziato molte volte (*e.g.* Shubert, 2002, Lawrence, 2007, Calver, 2013) e in alcuni settori scientifici si può configurare una situazione comparabile a quella della genetica nella ex Unione Sovietica, soppressa negli anni '50 perché considerata incompatibile con l'ideologia dominante. Attualmente, molti specialisti devono far fronte ad una tendenza verso la soluzione di problemi che si possono risolvere in un breve periodo per realizzare punteggi più alti nella valutazione della loro attività scientifica (Shubert, 2002). Così, lavori di ampio respiro, per quanto siano preziosi se confrontati con i progetti di breve termine che portano a rapidi risultati, possono essere svantaggiosi per la carriera professionale a causa dell'impegno di lungo termine che comportano per ottenere risultati significativi. Dedicare una parte della vita professionale ad acquisire una competenza tassonomica e a studiare grandi collezioni di animali scarsamente conosciuti può diventare controproducente per la carriera, particolarmente in molte Università che quasi escludono simili obiettivi dai loro programmi di ricerca (Klausnitzer, 2010). Tra gli autori del Catalogo dei coleotteri solo il 60% sono, o erano, tassonomi professionisti, mentre gli altri sono cosiddetti "dilettanti" o "amatori".

Una predilezione per i numeri e la tecnologia è evidente in numerosissimi studi sulla biodiversità e l'ecologia, che rinunciano all'identificazione formale

delle specie tramite competenze tassonomiche e, invece, usano una identificazione delle specie da parte di non esperti basata su numeri (Basset *et al.*, 1992) e su brevi sequenze molecolari trattate alla stregua di un codice a barre. Questi numeri costituiscono mere congetture semplicistiche. Termini apparentemente scientifici come “morfo-specie” e “riconoscibile” o “unità tassonomiche operative” sono eufemismi usati per nascondere il loro basso grado di affidabilità. Molte specie sono variabili e possono essere ripartite in numerosi taxa, mentre altre sono molto simili fra loro e non è possibile distinguerle e separarle senza l'utilizzazione di caratteri specie-specifici, che spesso richiedono dissezioni e osservazioni con adeguati strumenti. Nondimeno, gli errori finali di ordinamento possono eccedere il 100% (Krell, 2004). I tassonomi specialisti sono lontani dall'essere perfetti e possono identificare il materiale solo in relazione allo stato attuale delle conoscenze. In particolare, essi possono non distinguere le specie criptiche. Tuttavia, essi forniscono informazioni che sono ben lungi dall'essere semplici ipotesi. Le tecnologie molecolari utilizzate per valutare il numero delle specie nei campioni sono considerate più affidabili dello smistamento effettuato da non esperti, e più efficaci del lavoro degli esperti (Jin *et al.*, 2013). Non c'è niente di intrinsecamente sbagliato nei numeri e nelle tecnologie, ma esse devono essere applicate e interpretate in un modo appropriato. La maggiore preoccupazione è che gli aspetti qualitativi siano spesso scartati indipendentemente dai mezzi utilizzati. Specie stenotopie e/o stenoecie possono essere importanti, ma non essere rilevate con approcci meramente numerici. In aggiunta, l'approccio quantitativo può portare a concentrarsi sul monitoraggio della biodiversità di insetti (come le mosche della frutta o i coleotteri coprofagi) che sono più facilmente campionabili attraverso l'utilizzazione di trappole in aree campione (Ji *et al.*, 2013), sebbene questi insetti possano essere stati attratti da aree molto distanti, o possano essere associati a fenomeni di antropizzazione. Paradossalmente questi studi possono essere ben supportati economicamente, nonostante non siano idonei per lo studio di specie rare, o comunque non abbondanti.

Una fiducia eccessiva nei progetti globali, come *Integrated Taxonomic Information System*, *Global Biodiversity Information Facility*, *Catalogue of Life* e *Global Taxonomy Initiative*, comporta un consumo di risorse che potrebbero essere meglio investite

nella ricerca tassonomica. Sebbene questi progetti rivestano un certo interesse pubblico e possano accrescere l'accesso all'informazione tassonomica, essi non controbilanciano le conseguenze negative sul finanziamento dei progetti tassonomici tradizionali. Il *Catalogue of Life* sembra essere sintomatico dei problemi che comporta un approccio dall'alto verso il basso. Esso elenca i nomi delle specie e delle sottospecie con l'autore e l'anno di pubblicazione, ma questi dati sono utili per i tassonomi solo se affidabili e completi. Nella versione attuale, il *Catalogue of Life* contiene numerosi errori, è largamente incompleto per molti gruppi di animali ed è spesso fallace (Löbl & Leschen, 2013).

Il Barcoding (metodo del codice a barre) è stato introdotto per affrontare la carenza di esperti tassonomi capaci di fornire identificazioni certe e per il numero costantemente crescente di campioni non identificati provenienti da studi ecologici e ambientali. Il metodo è basato sull'idea che un singolo gene presente in tutti gli animali possa caratterizzare ogni specie e così possa servire per identificarla, una volta che le sequenze molecolari del gene siano presenti in una banca dati. L'affascinante semplicità di questo concetto ha ricevuto una vasta attenzione e ha condotto al progetto globale *Bar Code of Life Data System* e ad altri progetti locali. Il metodo del codice a barre è ritenuto valido anche per individuare specie non ancora descritte, sebbene i musei siano già pieni di specie nuove e non descritte (Gould, 1993), alcune delle quali sono in attesa di essere studiate da più di un secolo. Per esempio, il progetto *Barcoding Bavarian Biodiversity* fornisce codici per il 30% delle specie conosciute che si trovano in Baviera e, secondo alcune stime (Haszprunar, 2013), dovrebbe rendere possibile l'identificazione del 95% degli esemplari campionati una volta che la metà delle specie presenti in Baviera siano state codificate con un codice a barre.

I dati molecolari sono utili in molti campi, come nello studio della dieta attraverso l'analisi del contenuto stomacale (Klimaszewski *et al.*, 2013), nell'identificazione di larve (Sewel, 2006), di specie criptiche (e.g. Burns *et al.*, 2008) e nelle analisi filogenetiche (e.g. Short & Fikacek, 2013).

Un esame più accurato della situazione rivela, in ogni caso, che il metodo del codice a barre, concentrando su una fauna locale già ben conosciuta come quella bavarese fornisce in larga misura solo uno strumento aggiuntivo per l'identificazione di specie che sono comuni, largamente distribuite, molte delle quali

riconoscibili anche ad occhio nudo, spesso facilmente identificabili con strumenti tradizionali che non richiedono tecnologie complesse e costose. Progetti simili avviati in paesi europei come l'Austria, la Germania, i Paesi Bassi e la Svizzera sono quindi ampiamente ridondanti. Mentre i tradizionali strumenti di identificazione e i dati a loro associati forniscono generalmente una grande quantità di informazioni sui caratteri morfologici, sulla biologia, sulle preferenze di habitat, sulle relazioni con l'ospite e sulla distribuzione delle specie identificate e di altri taxa, i codici a barre forniscono una gamma limitata di informazioni. Le immagini di esemplari-campione (*voucher specimens*), mostrate sui siti web, sono spesso non informative e le mappe, che dovrebbero mostrare la distribuzione delle rispettive specie, sono spesso grossolanamente incomplete. Inoltre, l'approccio tradizionale è preferibilmente olistico e spesso porta ad una serie di nuove scoperte, mentre l'uso dei codici a barre, comunque usato in combinazione con l'approccio tradizionale, fornisce al massimo solo nomi di specie, a meno che non segnali anche potenziali specie criptiche. Una questione più importante riguarda il fatto che i codici a barre possono essere specie-specifici in alcuni animali, ma non discriminanti in altri (Meier *et al.*, 2006) e il metodo è ben lungi dall'essere universalmente accettato (Lipscomb *et al.*, 2003; Will & Rubinoff, 2004; Yeates *et al.*, 2011; Taylor & Harris, 2012). Nel frattempo le risorse vengono indirizzate verso l'uso dei codici a barre in alcune istituzioni, incluse università e musei. Questo riduce l'insieme delle competenze disponibili per identificare campioni di

specie scarsamente conosciute, e favorisce l'attuale epoca buia della modernità degli studi sulla diversità di gran parte della fauna mondiale.

La sottovalutazione e/o gli equivoci della tassonomia tradizionale portano ad un circolo vizioso in cui crescono l'esigenza e lo sviluppo di strumenti alternativi, e i sostegni dati a questi strumenti impediscono agli sforzi di rispondere alle esigenze. Poiché solo una solida tassonomia è alla base di dati validi sulla diversità delle forme di vita esistenti, un cambiamento di questa logica è doveroso. Ciò che è necessario è un po' di comprensione e buona volontà da parte dei decisori che distribuiscono le risorse pubbliche. I primi passi operativi ed efficaci dovrebbero partire da una valutazione della biodiversità basata sulla ricerca intrapresa dai tassonomi, piuttosto che su una conoscenza basata sui nuovi modelli e su valutazioni grezze e inverificabili e da uno spostamento delle priorità dalla meta-analisi e dalla metodologia dei codici a barre verso studi veramente esaustivi delle specie e della loro diversità.

RINGRAZIAMENTI

Il presente lavoro è già stato pubblicato in lingua Inglese su *Zootaxa*, 3768 (4), e desidero ringraziare la casa editrice di *Zootaxa* che mi ha concesso di ripubblicare tale contributo in lingua italiana. Ringrazio David Mifsud (Malta) per aver accettato di coordinare la traduzione del testo, Giorgio Sabella (Catania, Italia), Joseph Degiovanni (Malta), Giulio Marrianacci (Bologna, Italia) e due revisori anonimi che hanno contribuito a migliorare il presente lavoro.

BIBLIOGRAFIA

- BASSET Y., ABERLENC H.P., DELVARE G., 1992 - Abundance and stratification of foliage arthropods in lowland rain forest of Cameroon. *Ecological Entomology*, 17: 310-318.
- BURNS J.M., JANZEN D.H. HAJIBABAEI M., HALLWACHS W., HEBERT P.D.N., 2008 - DNA barcodes and cryptic species of skipper butterflies in the genus *Perichares* in Area de Conservación Guanacaste, Costa Rica. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 105(17): 6350-6355.
- CALVER C.M., 2013 - RAM the PI-BETA, C3PO - what the H-STAR happened to my promotion application? Or: The pros and cons of bibliometric evaluation of researchers. In: *Grumpy Scientists: the Ecological Conscience of a Nation*. Royal Zoological Society of New South Wales, Mosman. pp. 106-121.
- COLLINS M.C., SAYER J.A., WHITMORE T.C., 1991 - Conservation atlas of tropical forests in Asia and the Pacific. IUCN, Gland, 256 pp.
- GOULD S.J., 1993 - A special fondness for beetles. *Natural History*, 2, 4-12.
- HASZPRUNAR G., 2013 - Insektenlarven - ein unbekannter Kontinent will erschlossen werden. *Nachrichtenblatt der Bayerischen Entomologen*, 62: 97-99.

- Ji Y., ASHTON L., SCOTT M.P., EDWARDS D.P., TANG Y., NAKAMURA A., KITCHING R., DOLAMN P.M., WOODCOCK P., EDWARDS F.A., LARSEN T.H., HSU W.W., BENEDICK S., HAMER K.C., WILCOVE D.S., BRUCE C., WANG X., LEVI T., LOTT M., EMERSON B.C., YU D.W., 2013 - Reliable, verifiable and efficient monitoring of biodiversity via metabarcoding. *Ecology Letters*, 16: 1245-1257.
- JIN Q., HAN H., HU X.M., ZHU C.D., HO S.Y.W., WARD R.D., ZHANG AI-B., 2013 - Quantifying species diversity with a DNA Barcoding based method: Tibetan moth species (Noctuidae) on the Qinghai-Tibetan Plateau. *Plos One*, 8(5): e64428.
- KIM K.C., 1993 - Biodiversity, conservation and inventory: why insects matter. *Biodiversity and Conservation*, 2: 191-214.
- KLAUSNITZER B., 2010 - Entomologie - quo vadis? *Nachrichtenblatt der Bayerischen Entomologen*, 59: 99-111.
- KLIMASZEWSKI J., MORENCY M.J., LABRIE P., SUIN A., LANGOR D., WORK T., BOURDON C., THIFFAULT E., PAR D., NEWTON A.F., THAYER M.K., 2013 - Molecular and microscopic analysis of the gut contents of abundant rove beetle species (Coleoptera, Staphylinidae) in the boreal balsam fir forest of Quebec, Canada. *ZooKeys*, 353: 1-24.
- KRELL F.T., 2004 - Parataxonomy vs taxonomy in biodiversity studies; pitfalls and applicability of “morphospecies” sorting. *Biodiversity and Conservation*, 13: 795-812.
- LAWRENCE P.A., 2007 - The mismeasurement of science. *Current Biology*, 17: 583-585.
- LINNAEUS C., 1758 - *Systema Naturae per Regna tria Naturae, secundum classes, ordines, genera, species, cum characteribus, differentiis, synonymis, locis. Tomus I. Editio decima, reformata.* Holmiae: Impensis Direct. Laurentii Salvii, iv + 824 + [1] pp.
- LIPSCOMB D., PLATNICK N., WHEELER G., 2003 - The intellectual content of taxonomy: a comment on DNA taxonomy. *Trends in Ecology and Evolution*, 18(2): 65-66.
- LÖBL I., LESCHEN R.A.B., 2013 - Misinterpreting global species numbers: examples from Coleoptera. *Systematic Entomology*, DOI: 10.1111/syen. 12042, 5 pp.
- LÖBL I., SMETANA A., 2003 - *Catalogue of Palaearctic Coleoptera, Archostemata – Myxophaga – Adephaga*, Volume 1. Apollo Books, Stenstrup.
- LÖBL I., SMETANA A., 2004 - *Catalogue of Palaearctic Coleoptera, Hydrophiloidea – Histeroidea – Staphylinoidea*, Volume 2. Apollo Books, Stenstrup.
- LÖBL I., SMETANA A., 2006 - *Catalogue of Palaearctic Coleoptera, Scarabaeoidea – Scirtoidea – Dascilloidea – Buprestoidea – Byrrhoidea*, Volume 3. Apollo Books, Stenstrup.
- LÖBL I., SMETANA A., 2007 - *Catalogue of Palaearctic Coleoptera, Elateroidea – Derodontoidea – Lymexyloidea – Cleroidea – Cucujoidea*, Volume 4. Apollo Books, Stenstrup.
- LÖBL I., SMETANA A., 2008 - *Catalogue of Palaearctic Coleoptera, Tenebrionoidea*, Volume 5. Apollo Books, Stenstrup.
- LÖBL I., SMETANA A., 2010 - *Catalogue of Palaearctic Coleoptera, Chrysomeloidea*, Volume 6. Apollo Books, Stenstrup.
- LÖBL I., SMETANA A., 2011 - *Catalogue of Palaearctic Coleoptera, Curculionoidea I*, Volume 7. Apollo Books, Stenstrup.
- LÖBL I., SMETANA A., 2013 - *Catalogue of Palaearctic Coleoptera, Curculionoidea II*, Volume 8. Koninklijke Brill, Leiden.
- MEIER R., KWONG S., VALIDYA G., NGT P.K.L., 2006 - DNA barcoding and taxonomy in Diptera: a tale of high intraspecific variability and low identification success. *Systematic Biology*, 55: 715-728.
- SEWELL M.A., LAVERY S., BAKER C.S., 2006 - Whose larva is that? Molecular identification of planktonic larvae of the Ross Sea. *New Zealand Aquatic Environment and Biodiversity Report*, 3: 1-57.
- SHUBERT E., 2002 - Use and misuse of the Impact Factor. *Systematic and Biodiversity*, 10: 391-394.
- ŚLIPIŃSKI S.A., LESCHEN R.A.B., LAWRENCE J.F., 2011 - Order Coleoptera Linnaeus, 1758. In: ZHANG Z.Q. (ed.). *Animal biodiversity. An outline of higher-level classification and survey of taxonomic richness.* *Zootaxa*, 3148: 203-208.
- TAYLOR H.R., HARRIS W.E., 2012 - An emergent science on the brink of irrelevance: a review of the past 8 years of DNA barcoding. *Molecular Ecology Resources*, 12: 377-388.
- WILL K.W., RUBINOFF D., 2004 - Myth of the molecule: DNA barcodes for species cannot replace morphology for identification and classification. *Cladistic*, 20: 47-55.
- YEATES D.K., SEAGO A., NELSON L., CAMERON S.L., JOSEPH L., TRUEMAN J.W.H., 2011 - Integrated taxonomy, or iterative taxonomy. *Systematic Entomology*, 36: 209-217.