eidos\_api, un paquete para estandarizar la taxonomía de especies en España

Héctor Miranda-Cebrián1

1. Instituto Pirenaico de Ecología - CSIC

Autor de correspondencia\*: Héctor Miranda-Cebrián [[hmiranda@ipe.csic.es](mailto:hmiranda@ipe.csic.es)]

# Palabras clave

Taxonomía; Estandarización; Lista Patrón; palabraclave4

# Keywords

Taxonomy; Standardization; Checklist; keyword4

El trabajo en biología y cualquiera de sus disciplinas implica necesariamente el manejo de la taxonomía. Diferenciar correctamente diferentes especies en función de su nombre permite. Sin embargo, en ocasiones resulta complicado trabajar cuando no se trabaja directamente dentro del campo de la taxonomía. Esta, como cualquier otro campo de la ciencia, avanza y evoluciona, y con ella cambian los nombres de las especies, se asignan nombres nuevos o las clasificación taxonómica. Esto hace necesario que en ocasiones tengamos que navegar en un mar de sinónimos y equivalencias que dificultan . Para solventar este problema se han ido desarrollando diferente herramientas que permitan cotejar la nomenclatura de una especie contra una base de datos o *backbone* taxonomico. A nivel internacional, entre estas herramientas encontramos algunas de carácter generalista como GBIF o NCBI, y otras especializadas en grupos concretos de organismos como son Tropicos, WoRMS, World Flora Online, Plants of the World Online por citar algunas. A nivel nacional, en España contamos con el acceso a Flora Ibérica y Fauna Ibérica, ambas dos permitiendo consultar sinónimos y nombres a través de sus respectivas páginas web. Entre todas las herramientas anteriores, encontramos varios casos de uso y limitaciones. Las herramientas más generalistas, como GBIF o NCBI, cuentan con extensas bases de datos que pueden consultarse tanto de forma interactiva en sus webs como a través de APIs desde entornos como R. Un ejemplo de esto último son los paquetes *rgbif* (Chamberlain y Boettiger, 2017; Chamberlain et al., 2025) y *taxize* (**taxize2020?**). Estos servicios, sin embargo, a veces están limitados en el número de especies que incluyen, algo que se hace especialmente patente si trabajamos con taxa raros o de distirbución muy limitada como subespecies endémicas. Los servicios especializados en un solo grupo taxonómico suelen ser una mejor opción en estos casos y la mayoría de ellos cuentan con APIs especializadas, como pueden ser los paquetes *WorldFlora* (Kindt, 2020) para acceder a World Flora Online o *LCVP* (Freiberg et al., 2020) para acceder al Catalogo de Plantas Vasculates de Leipzig (*Leipzig Catalogue of Vascular Plants*). La principal desventaja de estos servicios radica en que, a pesar de esto, no tienen información sobre la parte nacional, los nombres aceptados ahí no siempre casan con la parte legislativa/listas nacionales. Por otro lado, su carácter limitado a un solo grupo limita también su utilidad cuando tenemos que trabajar con varios grupos taxonómicos a la vez, como podría ser a la hora de redactar un informe de impacto ambiental o una revisión sistemática del estado de conservación de múltiples especies. Este último caso también evidencia otra de las limitaciones de todos los servicios mencionados anteriormente, su falta de interoperabilidad con bases de datos o catálogos de amenaza a nivel nacional. Aunque contamos con las mencionadas webs de Flora y Fauna Ibérica, estas están limitadas y no cuentan con una forma sencilla que permita acceder a ellas y contrastar la taxonomía de una o varias especies de forma automática o desde entornos de trabajo que permitan integrar los resultados en un flujo de trabajo.

## Recursos taxonómicos online en España

La Lista Patrón de Especies Silvestres presentes en España (LP) es el mayor catálogo de especie y recoge un gran . Incluye información taxonómica proveniente de varias sociedades científicas de ámbito nacional como el Museo Nacional de Ciencias Naturales, el Real Jardín Botánico, la Asociación Herpetológica Española (AHE), la Sociedad Española de Ornitología (SEO-BirdLife), la Sociedad Española de Briología (SEB), la Sociedad Española de Biología de la Conservación de Plantas (SEBICOP), la Sociedad Española para la Conservación y el Estudio de Mamíferos (SECEM), la Sociedad Española de Malacología (SEM), la Asociación Española para la Conservación y el Estudio de los Murciélagos (SECEMU), o Sociedad Ibérica de Ictiología (SIBIC). Esta lista forma parte del [Inventario Español del Patrimonio Natural y de la Biodiversidad (IEPNB)](https://iepnb.gob.es/), que a su vez recoge información sobre otras especies no incluidas en la LP, así como información sobre su estado de conservación y legislación al respecto. El IEPNB permite acceder desde su web a la información de más de 63000 taxa tanto autóctonos y alóctonos presente en la región. Además, esta herramienta pone a nuestra disposición varias interfaces de programación de aplicaciones (API) que nos permiten interactuar con las base de datos de IEPNB, como por ejemplo consultar la información taxonómica o legal de una especie en función de su nombre o identificador único en la base de datos o descargar varias versiones de la LP. A pesar de la gran utilida de estos servicios, la [API](https://iepnb.gob.es/recursos/servicios-interoperables/apirest-eidos) disponible directamente desde internet no permite realizar consultas múltiples, aunque sí es posible acceder a ella desde entornos de programación como R (R Core Team, 2025), y por tanto es posible automatizar los procesos de consulta.

# El paquete *eidos\_api* para R

Con el objetivo de facilitar la tarea de cotejar y contrastar la taxonomía de varias de especies, se desarrolló el paquete *eidos\_api* para R (R Core Team, 2025), disponible abiertamente desde [GitHub](https://github.com/hmirceb/eidos_api). El paquete cuenta con siete funciones que facilitan el acceso a la API de EIDOS, haciendo uso de del paquete *jsonlite* (Ooms, 2014) para interpretar los archivos en formato JSON que devuelve la API al realizar consultas, así como del paquete *fuzzyjoin* (Robinson, 2025) para realizar consultas basadas en lógica difusa que permitan buscar nombres aunque contengan algún error de escritura.

## Desglose de funciones en eidos\_api

La principal función, y debatiblemente la maś util, es eidos\_taxon\_by\_name. Esta permite obtener información sobre una lista de taxa intractuando directamente con la API. La información para consulta puede formatearse como un vector de nombres de especies en formato “Género especie” o “Género especie subespecie” (este último también permite variantes como “Género especies subsp. subespecie” y similares). También es posible usar un formato de tabla, con una columna para género, una para especie y otra para subespecie. De forma adicional, si conocemos la autoría descriptiva podemos incluirla para afinar más la búsqueda. El resultado de la función es un tabla (data frame) con la información que hemos aportado para la búsqueda más toda la información que devuelve la API. Esto incluye el identificador único del taxon que hayamos buscado, la valided taxonómica del nombre y los identificadores únicos del taxon. Estos últimos serán de gran utilidad para interactuar con el resto de funciones.

El paquete incluye una función de apoyo, eidos\_clean\_checklist. Esta es un wrapper de eidos\_tables que descarga la Lista Patrón, incluyendo todos los sinónimos disponibles en ella para cada taxón, en un formato listo para trabajar con otras funciones, principalmente eidos\_fuzzy\_names. Si decíamos que eidos\_taxon\_by\_name era una de las funciones principales del paquete, eidos\_fuzzy\_names nos permite buscar especies en la LP de forma difusa. Es decir, podemos buscar un nombre mal escrito y la función nos devolverá los taxones más cercanos al nombre que hayamos buscado. Esta búsqueda puede refinarese más si conocemos algunos de los niveles superiores de clasificación de la especie que buscamos. La principal limitación de esta es que su ámbito se restringe a los taxones presentes en la LP.

### Instalación y ejemplos de uso

La instalación del paquete puede realizarse facilmente desde R clonando el repositorio disponible en GitHub.

remotes::install\_github("https://github.com/hmirceb/eidos\_api")

Downloading GitHub repo hmirceb/eidos\_api@HEAD

── R CMD build ─────────────────────────────────────────────────────────────────  
\* checking for file ‘/tmp/RtmpkCx43B/remotes3b809444c9db0/hmirceb-eidos\_api-60accfe/DESCRIPTION’ ... OK  
\* preparing ‘eidosapi’:  
\* checking DESCRIPTION meta-information ... OK  
\* checking for LF line-endings in source and make files and shell scripts  
\* checking for empty or unneeded directories  
\* building ‘eidosapi\_0.1.0.tar.gz’

Installing package into '/home/hector/R/x86\_64-pc-linux-gnu-library/4.5'  
(as 'lib' is unspecified)

library(eidosapi)

Vamos a replicar un ejemplo de uso básico, buscar dos especies una, el sapo partero ibérico (*Alytes cisternasii*), sin sinónimos; y otra, *Polygonum viviparum*, con varios sinónimos. Para ello haremos uso de

taxa\_list = data.frame(genus = c("Alytes", "Polygonum"),  
 species = c("cisternasii", "viviparum"))  
eidosapi::eidos\_taxon\_by\_name(taxon\_list = taxa\_list)

supplied\_genus supplied\_species supplied\_subspecies  
genus Alytes cisternasii <NA>  
genus1 Polygonum viviparum <NA>  
 supplied\_scientificnameauthorship nameid name  
genus <NA> 10909 Alytes cisternasii Boscá, 1879  
genus1 <NA> 7277 Polygonum viviparum L.  
 taxonrankid taxonrank verbatimtaxonrank areacode originid origin  
genus 10 Species sp. T 2 Especie nativa  
genus1 10 Species sp. T 2 Especie nativa  
 taxonomicgroupid taxonomicgroup kingdomid kingdom phylumid  
genus 2 Anfibios 200001 Animalia 200011  
genus1 11 Plantas vasculares 200006 Plantae 200051  
 phylum classid class idorder order familyid  
genus Chordata 200068 Amphibia 200277 Anura 201453  
genus1 Tracheophyta 200170 Magnoliopsida 200713 Caryophyllales 241690  
 family genusid genus subgenusid subgenus specificepithet  
genus Alytidae 205517 Alytes NA NA cisternasii  
genus1 Polygonaceae 210167 Polygonum NA NA viviparum  
 infraspecificepithet  
genus   
genus1   
 taxonconceptid  
genus   
genus1 urn:lsid:recibio.net:taxon:7c373d22-1f99-49f1-98bb-8520754188f3  
 scientificnameid  
genus urn:lsid:recibio.net:name:dd3843fa-abb3-46d3-82ec-b307c2b095e4  
genus1   
 originalnameusage  
genus   
genus1   
 nameaccordingto  
genus   
genus1 CASTROVIEJO, S. (coord. gen.). 1986-2014. Flora iberica. Plantas vasculares de la Península Ibérica e Islas Baleares. 1-8, 10-16(1), 17-18, 20-21. Real Jardín Botánico, CSIC. Madrid.  
 namepublishedin namepublishedinyear scientificnameauthorship  
genus <NA> Boscá, 1879  
genus1 Sp. Pl. 1: 360. 1753 1753 L.  
 remarks cites\_code eunis\_code euring\_code rednatura\_code lp taxonid  
genus NA 634 NA 1192 1 10909  
genus1 NA 177573 NA <NA> NA 7277  
 nametypeid nametype acceptednameid  
genus 10 Aceptado/válido 10909  
genus1 11 Sinónimo 32824

Desde aquí podríamos obetener información de interés como información taxonómica de mayor nivel, o el identificador único de la base de datos. Este podría ser usado, por ejemplo, para buscar el estado legal de cada una de las especies a nivel internacional, nacional y autonómico en España.

taxa\_list = data.frame(genus = c("Alytes", "Polygonum"),  
 species = c("cisternasii", "viviparum"))  
info\_sps = eidosapi::eidos\_taxon\_by\_name(taxon\_list = taxa\_list)  
eidosapi::eidos\_conservation\_by\_id(taxon\_id = info\_sps$id)

[1,]  
[2,]

Finalmente podemos cotejar un nombre mal escrito con la LP.

taxa\_list = data.frame(genus = c("Lanius", "Vorderea"),  
 species = c("meridionalis", "pirenaica"))  
checklist = eidosapi::eidos\_clean\_checklist()

Downloading checklist and formatting, please wait...

fuzzy\_info\_sps = eidosapi::eidos\_fuzzy\_names(taxa\_list = taxa\_list, checklist = checklist)

# Conclusiones

El trabajo en ecología implica necesariamente distinguir correctamente los organismos con los que trabajamos. Para ello es esencial emplear la información taxonómica más actualizada o a estandarizada posible. El paquete *eidos\_api* permite acceder de forma sencilla a las bases de datos taxonómicas del Inventario del Patrimonio Natural y de la Biodiversidad, facilitando la tarea de estandarizar la nomenclatura de los organismos y permitiéndonos incluir en flujos de trabajo.

# Conclusiones

Texto.

# Contribución de los autores

Texto.

# Agradecimientos

Esta nota se ha revisado siguiendo un proceso colaborativo y público disponible en (link al issue correspondiente).

# Referencias

Chamberlain, S., Barve, V., Mcglinn, D., Oldoni, D., Desmet, P., Geffert, L., Ram, K. 2025. [*rgbif: Interface to the Global Biodiversity Information Facility API*](https://CRAN.R-project.org/package=rgbif).

Chamberlain, S., Boettiger, C. 2017. [R Python, and Ruby clients for GBIF species occurrence data](https://doi.org/10.7287/peerj.preprints.3304v1). *PeerJ PrePrints*.

Freiberg, M., Winter, M., Gentile, A., Zizka, A., Muellner-Riehl, A.N., Weigelt, A., Wirth, C. 2020. [LCVP, The Leipzig catalogue of vascular plants, a new taxonomic reference list for all known vascular plants](https://doi.org/10.1038/s41597-020-00702-z). *Scientific data*416.

Kindt, R. 2020. WorldFlora: An R package for exact and fuzzy matching of plant names against the World Flora Online taxonomic backbone data. *Applications in Plant Sciences* 8: e11388.

Ooms, J. 2014. [The jsonlite Package: A Practical and Consistent Mapping Between JSON Data and R Objects](https://arxiv.org/abs/1403.2805). *arXiv:1403.2805 [stat.CO]*.

R Core Team. 2025. [*R: A Language and Environment for Statistical Computing*](https://www.R-project.org/). R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.

Robinson, D. 2025. [*fuzzyjoin: Join Tables Together on Inexact Matching*](https://doi.org/10.32614/CRAN.package.fuzzyjoin).

###### TABLA 1

**Tabla 1**. Cada tabla debe tener su correspondiente encabezamiento explicativo. En los artículos de investigación, de revisión y comunicaciones breves se aportarán los encabezamientos tanto en castellano como en inglés, en letra Arial 10 y en una página independiente. Es importante que las tablas sean simples y que no superen el ancho una página DIN A4 vertical. Los originales se deben aportar en formato tabla y no en formato imagen.

**Table 1**. Table heading in English.

| Sepal.Length | Sepal.Width | Petal.Length | Petal.Width | Species |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| 5.1 | 3.5 | 1.4 | 0.2 | setosa |
| 4.9 | 3.0 | 1.4 | 0.2 | setosa |
| 4.7 | 3.2 | 1.3 | 0.2 | setosa |
| 4.6 | 3.1 | 1.5 | 0.2 | setosa |
| 5.0 | 3.6 | 1.4 | 0.2 | setosa |
| 5.4 | 3.9 | 1.7 | 0.4 | setosa |

###### PIES DE FIGURA

**Figura 1**. Pie de figura 1.

**Figura 2**. Pie de figura 2.

###### FIGURE LEGENDS

**Figure 1**. Figure caption.

**Figure 2**. Figure caption.

###### FIGURA 1

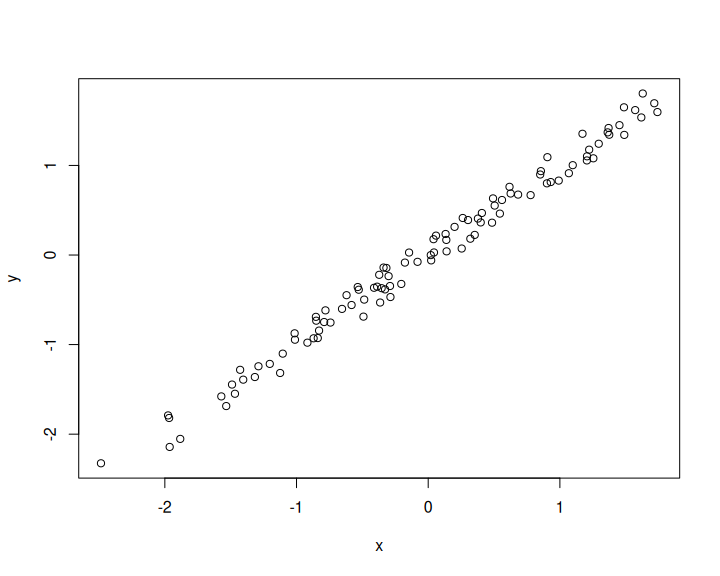


Figura 1. Esto es un ejemplo.

###### FIGURA 2

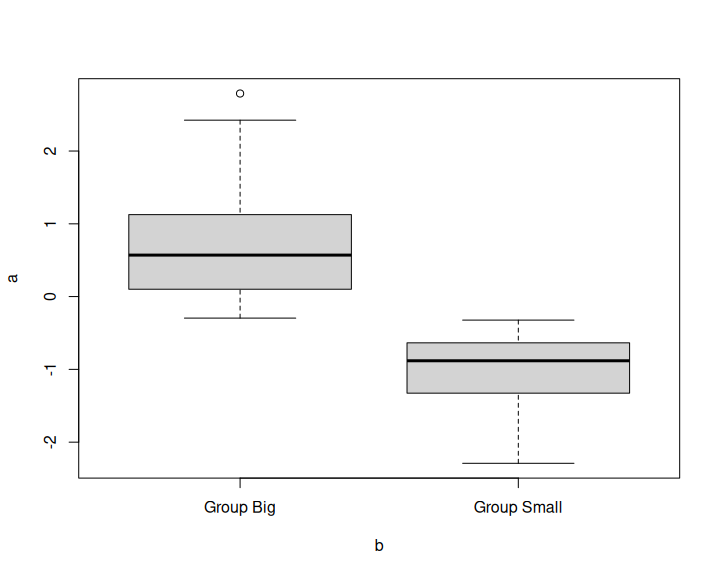


Figura 2. Segundo ejemplo.