

ENSINO DE BIOLOGIA EVOLUTIVA UTILIZANDO A ESTRUTURA CONCEITUAL DA SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA – I

Charles Morphy Dias Santos

Adolfo Ricardo Calor

Introdução

A teoria da evolução é o núcleo da biologia histórica. A idéia de que todos os organismos do planeta (incluindo as espécies extintas e o homem) compartilham um ancestral comum em algum nível hierárquico e que, portanto, estão historicamente conectados, teve um impacto profundo no desenvolvimento da biologia a partir do século XIX. Após os trabalhos de Alfred Wallace e Charles Darwin (os artigos de 1858 e o clássico “Origem das Espécies” de 1859) e especialmente depois da fusão com as novas idéias da genética, da paleontologia e da história natural na primeira metade do século XX, a teoria da evolução transformou-se no paradigma central da biologia, influenciando inúmeras outras áreas do conhecimento humano (Mayr, 2000; Meyer & El-Hani, 2005). Nas palavras de um dos grandes evolucionistas do século XX, Ernst Mayr (2000, p. 56), “a forma como concebemos o mundo e o lugar que ocupamos nele neste início do século XXI difere radicalmente daquela vigente no início do século XIX (...) nenhum biólogo parece ter sido responsável por mais modificações – e por modificações mais drásticas para a visão de mundo de pessoas comuns – que Charles Darwin”. O estabelecimento da teoria da evolução

nas ciências naturais foi crucial para essa nova concepção da realidade.

Por ser o arcabouço estrutural das ciências biológicas, a teoria da evolução pode funcionar também como o princípio organizador do ensino de biologia. No entanto, a abordagem tradicional nas escolas brasileiras muitas vezes não trata os temas evolutivos de maneira adequada, especialmente quando restringe seus conteúdos a uma visão limitada e descontextualizada tanto em termos históricos quanto conceituais. O estudo da evolução acaba se restringindo à contraposição Darwin *versus* Lamarck e a aproximações grosseiras de suas principais idéias e exemplos utilizados para ilustrá-las (Roque, 2003). A falta de cuidado na exposição da teoria acaba por se refletir em aprendizado deficiente e na perpetuação de interpretações incorretas sobre evolução e assuntos correlatos.

Ao tratarem da teoria da evolução, algumas das maiores dificuldades dos professores e dos alunos relacionam-se à (1) assimilação do dimensão temporal das mudanças evolutivas, (2) reconhecimento da importância do pensamento populacional, (3) impossibilidade de se descobrir os verdadeiros grupos ancestrais dos organismos, (4) idéia de progresso na evolução e (5) relações genealógicas entre o homem e os demais animais. Essa lista converge com falsas

concepções divulgadas pela mídia, as quais ecoam no ensino de biologia, dando origem a um ciclo sem fim de más interpretações.

Apesar de normalmente aplicada a estudos específicos de classificação biológica, a sistemática filogenética pode ser utilizada para enfraquecer o paradigma essencialista no ensino de biologia, reforçando a idéia de que a melhor metáfora para a evolução é uma árvore da vida, ramificada, e não uma fila indiana progressiva que vai de organismos mais “simples” até os mais “complexos”. Além disso, a sistemática filogenética possibilita a síntese de uma grande quantidade de informação (tais como características de morfologia externa, embriologia, fisiologia e comportamento) em árvores evolutivas – os cladogramas, também chamados de filogenias –, nas quais são dispostas as relações de parentesco entre grupos biológicos baseadas na modificação de seus atributos através do tempo. Além disso, pelo fato dos cladogramas corresponderem à hipóteses sobre a evolução dos grupos, seu uso pode facilitar a introdução de conceitos relativos à construção, corroboração e refutação de hipóteses científicas, aproximando os estudantes da prática e da natureza da ciência biológica.

O método filogenético

O entomólogo alemão Willi Hennig foi o primeiro a propor um método para se estabelecer as relações de parentesco entre os seres vivos fundamentado na teoria da evolução de Darwin e Wallace. Para ele (Hennig, 1966), os organismos

relacionavam-se geneologicamente uns com os outros devido à descendência com modificação a partir de ancestrais comuns. O método hennigiano ficou conhecido como sistemática filogenética (e, posteriormente, cladística) e representou uma reviravolta na prática classificatória: Hennig uniu a objetividade metodológica à perspectiva evolutiva para a criação de um sistema de referência que refletisse os resultados do processo evolutivo, e que acabou por influenciar profundamente o pensamento biológico após a segunda metade do século XX.

Segundo Hennig, entre os organismos somente podem ser conhecidas as relações colaterais de parentesco ou de grupos-irmãos (do tipo ‘A’ e ‘B’ compartilham um ancestral comum exclusivo, ausente em um terceiro grupo, ‘C’) e não as relações de ancestral-descendentes (do tipo ‘A’ deu origem a ‘B’). Independentemente da quantidade de informações disponíveis, nunca se pode estabelecer se um determinado grupo foi o ancestral de qualquer grupo recente. Os fósseis, nesse contexto, estão sujeitos aos mesmos limites de interpretação dos organismos vivos. Por meio da sistemática filogenética, a idéia da evolução orgânica foi alterada de uma narrativa sobre a história da vida para uma teoria científica que versa sobre a organização do mundo natural por meio de uma estrutura hierárquica particular.

A reconstrução das relações de parentesco, para a sistemática filogenética, depende do levantamento e análise de características dos organismos consideradas *similaridades especiais*, os chamados caracteres derivados (modificados) ou apomorfias. Quando as

apomorfias são compartilhadas por pelo menos dois grupos, elas são definidas como sinapomorfias. Esses caracteres derivados são sempre homologias, atributos semelhantes que surgiram no ancestral comum de grupos genealogicamente relacionados e que se modificaram com o passar das gerações. Um exemplo simples de estrutura homóloga: os ossos rádios presentes no membro anterior de um equino, na asa de uma ave e no braço de um *Homo sapiens*. A partir do reconhecimento das relações de grupos-irmãos, expressas nos cladogramas, pode-se depreender a história evolutiva.

Outro conceito fundamental para a sistemática filogenética é a idéia de grupo monofilético. Desde a Antigüidade clássica, muito antes do aparecimento da teoria da evolução, procurava-se uma maneira de se identificar, na natureza, quais grupos teriam existência real e quais seriam apenas construções humanas (de Pinna, 2001). Hennig propôs que apenas os grupos monofiléticos podem ser considerados naturais, pois são eles que carregam a informação da história evolutiva dos grupos em discussão e, portanto, refletem diretamente o processo de descendência com modificação. Grupos monofiléticos são aqueles que contêm o ancestral comum mais recente e todos os descendentes desse ancestral, e podem ser identificados por compartilharem características exclusivas (sinapomorfias) resultantes do processo evolutivo. Para um resumo do método filogenético, um livro introdutório é o *Fundamentos de Sistemática Filogenética*, de Amorim (2002).

Ensinar biologia através de uma abordagem filogenética não significa, no entanto, utilizar o método e seus algoritmos na sala de aula. O que se propõe aqui é a utilização de hipóteses filogenéticas para a organização e apresentação dos conteúdos biológicos. De posse de uma filogenia robusta, o professor tem a possibilidade de optar por estratégias didáticas que permitam aos alunos reconhecer a evolução de determinadas características nos diversos grupos biológicos. Em uma aula voltada à citologia, por exemplo, a partir de um cladograma que mostre as relações entre as bactérias, as arqueobactérias e os eucariotos, pode-se mostrar a evolução da respiração celular nos eucariotos a partir dos processos de fermentação já existentes nos procariotos. Um cladograma dos animais (tecnicamente chamados de eucariotos metazoários) auxilia na exposição do que muda e do que se mantém conservado na embriologia desses organismos ou na sua estrutura morfológica geral. Todos os principais caracteres derivados – que são, em um primeiro momento, evidências para a construção das filogenias usadas nas aulas –, podem ser utilizados para a compreensão da evolução. Dessa maneira, a “árvore da vida” funciona como um guia para a preparação e apresentação dos conteúdos, associando o reconhecimento da diversidade biológica ao processo evolutivo que afeta todos os aspectos do mundo natural. O cladograma orienta o professor antes e durante as aulas e permite ao aluno visualizar os padrões hierárquicos entre as espécies sob a luz de uma estrutura conceitual evolutiva, assim como a

transformação de estruturas ao longo do tempo.

A adoção de aspectos da sistemática filogenética contraria a forma tradicional do ensino de biologia, baseada na segmentação de uma área do conhecimento em um grande número de disciplinas diferentes e aparentemente desconexas. Dividir a biologia em subtópicos prejudica o ensino e dificulta o aprendizado. A abordagem filogenética não considera a evolução como mais uma disciplina entre outras, celebrizada por figuras geniais e controversas como Lamarck e Darwin, mas como o princípio unificador do mundo natural biológico.

A abordagem na escola

A linguagem é um dos grandes problemas no ensino de biologia. As limitações do nosso vocabulário e o fato dele ter sido construído em um período pré-evolutivo são responsáveis por um grande rol de dificuldades na comunicação de temas evolutivos (por exemplo, asas de aves, asas de insetos e asas de aviões – a mesma palavra é usada para descrever estruturas com funções similares que têm origens evolutivas completamente diferentes ou mesmo nenhuma relação biológica). Crescemos pensando em termos de analogia e não de homologia. Deste modo, uma reviravolta conceitual é necessária para apresentar um mundo natural em evolução. Para o historiador e filósofo da ciência Thomas Kuhn (2006, p. 45), “a violação ou distorção de uma linguagem científica anteriormente não-problemática [no nosso caso, a ênfase nas analogias] é a pedra de toque para a mudança

revolucionária”. Apenas alterando a maneira como se utiliza a linguagem é que se poderá alcançar um conhecimento mais rico sobre a natureza.

Devemos nos concentrar em uma abordagem centrada no conceito de homologia, que pode ser introduzida desde o início das aulas de ciências do ensino formal. Este seria o primeiro passo para uma abordagem filogenética mais ampla. O conceito moderno de homologia enraíza-se em uma visão da natureza fundamentada na idéia de que mudanças na função de estruturas orgânicas são anteriores às alterações morfológicas dessa estrutura durante a evolução. A partir dessa perspectiva, professores serão capazes de apresentar a evolução como um conjunto de modificações contínuas de funções ao longo do tempo, eventualmente seguidas de modificações da morfologia. Isso nos previne de uma terminologia finalista (“esta estrutura serve *para...*”) uma vez que estruturas podem permanecer inalteradas por muitas gerações e ainda assim apresentar mudanças de natureza fisiológica e/ou comportamental ao longo do tempo. Este é o clássico caso, por exemplo, das pernas dos artrópodes. Em algumas linhagens, como nos extintos trilobitos, há séries de pernas pouco modificadas com funções alimentar, respiratória e locomotora. Em outros grupos, esses apêndices foram profundamente modificados ao longo da evolução, algumas vezes adquirindo funções ultra-especializadas. De fato, os apêndices dos artrópodes são todos homólogos nas diferentes linhagens – apesar da grande variedade morfológica, apêndices são a *mesma* estrutura, mas *diferenciada*. Como alguém pode dizer

que pernas existem para andar se esta estrutura nem sempre foi relacionada apenas com esta função?

Dentro dessa perspectiva voltada à compreensão das homologias, a idéia de que todo animal, planta, alga ou microorganismo está historicamente conectado em algum nível hierárquico fica mais clara. Todos os organismos têm células (bactérias são células sem núcleo). Todos os animais são multicelulares. Células da pele (epidérmicas) são compartilhadas por todos os animais – a epiderme de uma medusa tem a mesma origem evolutiva da epiderme de uma planária, de um peixe ou da nossa própria, uma vez que ela se originou no ancestral comum dos eumetazoários. Alguns grupos de animais têm vértebras, que são modificações de uma estrutura esquelética presente no ancestral comum de todos os vertebrados (isso significa que as vértebras, nos diferentes grupos, são estruturas homólogas). Assim, todos os animais vertebrados estão conectados pelo processo evolutivo, e descendem de um único ancestral no qual apareceram, pela primeira vez, estruturas homólogas às vértebras das espécies recentes. Os exemplos a serem utilizados são inúmeros – há muitos casos de homologias que podem ajudar os professores a explicar como a evolução trabalha.

Após a compreensão do conceito de homologia, como explicar evolução divergente, ou seja, a origem de novas espécies? Nesse ponto, seria introduzido um segundo passo da abordagem filogenética: a estrutura hierárquica.

Apresentar uma árvore evolutiva com animais (e outros organismos) posicionados em seus ramos terminais

aparentemente não é o bastante, pois isso deve ser ancorado em um arcabouço conceitual anterior. Uma maneira fácil de ilustrar a idéia de modificações ao longo do tempo pode ser utilizar as relações familiares dos alunos. O conhecimento a respeito das relações entre seus parentes auxiliará na compreensão da estrutura genealógica da natureza, bem como para demonstrar a existência de variações dentro das populações. Com uma genealogia em mãos (um esquema simples mostrando os avós, seus filhos, os filhos dos seus filhos), pode-se apresentar e discutir conceitos como ancestralidade comum, grupo-irmão e variação intrínseca. Toda criança sabe que os filhos não são idênticos aos seus pais (eles têm diferenças na altura, coloração dos olhos e cabelos, forma do nariz etc.), apesar deles portarem várias semelhanças. Isso é a variação no interior das populações. Apesar das características individuais exclusivas, em geral dois irmãos são mais similares entre si quando comparados a uma terceira pessoa, como um primo ou vizinho. Qual é a causa da maior proximidade entre os irmãos? Eles apresentam o mesmo ancestral imediato (seu pai), que não é o mesmo ancestral compartilhado com seu primo ou seu vizinho. O que dizer dos filhos desses irmãos? Eles provavelmente serão mais similares a seus pais do que aos seus avós.

Extrapolando o cenário genealógico para o mundo natural, com um vetor temporal muito maior, de milhões ou mesmo bilhões de anos, e associando-o com o conceito de homologia, podemos explicar, por exemplo, porque um gato doméstico e um leão são mais proximamente relacionados um com o

outro (neste sentido, são grupos-irmãos) do que com um cão, um cavalo ou um peixe. Como pontuado por pelo paleontólogo Stephen Jay Gould (2003, p. 23), “A árvore da vida e a genealogia de cada família compartilham a mesma topologia e o mesmo segredo de sucesso em unir dois temas aparentemente contraditórios de continuidade (...) e mudança”.

A abordagem filogenética está baseada no conceito de homologia e no reconhecimento da estrutura genealógica da natureza. Desde o início, a biodiversidade deve ser apresentada sob um panorama evolutivo, com um contínuo refinamento desta noção por meio de um crescente entendimento do conceito de evolução como central e unificador da ciência da vida.

Em aulas de níveis mais avançados (a partir do primeiro ano do ensino médio), o professor pode introduzir a sistemática filogenética como um método de reconstrução das relações evolutivas entre os grupos biológicos baseado no teste de hipóteses de homologia. A intenção é mostrar que toda homologia é uma proposta, uma conjectura, que sugere um agrupamento particular entre espécies – nesse contexto, o propósito de todo estudo evolutivo é obter o maior número de hipóteses de homologia que sugiram agrupamentos semelhantes, isto é, que sejam congruentes umas com as outras. Por exemplo: ao compararmos cavalos, golfinhos e peixes, vamos perceber que há mais semelhanças entre cavalos e golfinhos (mais hipóteses congruentes de homologia sugerindo que os dois grupos estão mais próximos entre si em relação aos peixes, como a presença

de glândulas mamárias, a articulação da mandíbula, os ossículos do ouvido interno, as articulações dos membros superiores e inferiores, a presença de placenta) do que entre golfinhos e peixes (que têm, como característica compartilhada exclusiva, apenas o formato hidrodinâmico, que facilita os movimentos dentro da água).

Importância das filogenias

Como dito anteriormente, uma forma de representar as hierarquias de homologias é uma filogenia ou cladograma. A partir dele, o professor será capaz de descrever a biologia como resultado do processo de descendência com modificação ao longo do tempo. Todos os aspectos bioquímicos da vida (como a evolução da fermentação, da respiração celular e do processo fotossintético), todas as características animais e vegetais, qualquer detalhe na fisiologia dos organismos, em síntese, todos os aspectos do mundo vivo poderão ser plotados em diagramas ramificados, que resumirão os padrões de distribuição dessas características. Segundo Hennig (1966, p. 22),

“Fazendo da sistemática filogenética o sistema geral de referência (...) há a inestimável vantagem de que as relações com todos os outros sistemas biológicos concebíveis podem ser mais facilmente representadas através dela. Isso ocorre porque o desenvolvimento histórico dos organismos deve necessariamente estar refletido de alguma forma em todas as relações entre os organismos. Conseqüentemente, relações diretas estendem-se da sistemática filogenética para todos os outros possíveis sistemas, enquanto freqüentemente não há tais

relações diretas entre esses outros sistemas”.

Desta forma, a árvore da vida trabalha como um guia para se preparar e se apresentar todos os conteúdos em sala de aula.

O cladograma é a principal ferramenta na nossa proposta, particularmente durante o processo de construção da perspectiva hierárquica da natureza. Ele orientará os professores antes (na preparação e escolha de conteúdo) e durante as aulas (na exposição e discussão dos tópicos selecionados), além de ajudar os alunos a visualizarem os padrões hierárquicos naturais à luz de um paradigma evolutivo não-essencialista. Apesar de ainda haver diversos pontos de discórdia sobre como se estrutura a árvore da vida, isso não é um problema para a abordagem filogenética aqui discutida. Os cladogramas usados nas salas de aula devem se adequar às necessidades pedagógicas e ao escopo das aulas, o que significa que hipóteses filogenéticas (como guias) não necessitam de grande detalhamento com um vasto número de grupos e todas as relações resolvidas entre eles. Faz pouco sentido trabalhar com hipóteses que mostrem as relações entre espécies e gêneros, ou mesmo famílias em certos grupos muito diversos, uma vez que esse nível de detalhamento encontra-se muito além dos objetivos didáticos das aulas dos níveis fundamental e médio. Cladogramas gerais, que exibam apenas grupos representativos, são preferíveis porque evitam que os estudantes (e mesmo os professores) tenham como foco um grande e desnecessário número de nomes

de grupos, ao invés das modificações de características implícitas nas relações entre eles.

O principal objetivo da nossa proposta é facilitar a compreensão da biodiversidade por meio de uma estrutura evolutiva, fornecida por árvores filogenéticas e não por compêndios de nomes de espécies. Também como uma forma de fugir do conhecimento do senso-comum, os cladogramas usados em sala de aula devem ser derivados de estudos científicos prévios, que contêm evidências que os sustentam, as quais podem ser discutidas com os alunos (como será comentado na segunda parte desse artigo). Tais diagramas podem ser obtidos em livros-texto, muitos deles traduzidos para o português: especificamente sobre animais invertebrados, há boas compilações em Ruppert et al. (2005), Brusca & Brusca (2007) e Barnes et al. (2008); Pough et al. (2008) dedica-se à evolução dos vertebrados. Há revisões especializadas e atualizadas em periódicos, mas, infelizmente, quase sempre restritas à literatura estrangeira, como Zrzavy et al. (1998) e Halanych (2004), além de sites confiáveis como o “Tree of Life Project” (<http://tolweb.org/tree/phylogeny.html>) ou o site do Museu de Paleontologia de Berkeley (<http://www.ucmp.berkeley.edu/index.html>). Atualmente, muitos weblogs (blogs) sobre teoria da evolução e assuntos relacionados têm aparecido e podem auxiliar professores e alunos, como o “The Loom” (<http://blogs.discovermagazine.com/loom/>), do jornalista científico Carl Zimmer (em inglês) e o “Um Longo Argumento”

(<http://www.charlesmorphology.blogspot.com>), do primeiro autor.

Metazoa based on morphological and 18S ribosomal DNA evidence. *Cladistics*, 14, 249–285, 1998.

Referências

AMORIM, D.S. *Fundamentos de sistemática filogenética*. Ribeirão Preto: Editora Holos, 2002.

BARNES, R.S.K., CALOW, P., OLIVE, P.J.W., GOLDING, D.W. & SPICER, J.I. *Invertebrados: uma síntese*. São Paulo: Editora Atheneu, 2008.

BRUSCA, R.C. & BRUSCA, G.J. *Invertebrados*. Rio de Janeiro: Editora Guanabara Koogan, 2007.

DE PINNA, M.C. Conrad Gesner e a sistemática biológica. *Ciência Hoje*, 178, 82-84, 2001.

GOULD, S.J. *I have landed – the end of a begging in Natural History*. New York: Three Rivers Press, 2003.

HALANYCH, K. The new view of animal phylogeny. *Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics*, 35, 229–256, 2004.

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

KUHN, T.S. *O caminho desde A Estrutura*. São Paulo: Editora Unesp, 2006.

MAYR, E. O impacto de Darwin no pensamento moderno. *Scientific American Brasil, Edição Especial nº 7*, 2007 [2000].

MEYER, D. & EL-HANI, C.N. *Evolução: o sentido da biologia*. São Paulo: Editora Unesp, 2005.

POUGH, F.H., JANIS, C.M. & HEISER, J.B. *A vida dos vertebrados*. São Paulo: Editora Atheneu, 2008.

ROQUE, I.R. Girafas, mariposas e anacronismos didáticos. *Ciência Hoje*, 34, 64-67, 2003.

RUPPERT, E.E., FOX, R.S. & BARNES, R.D. *Zoologia dos invertebrados*. São Paulo: Editora Rocca, 2005.

ZRZAVY, J., MIHULKA, S., KEPKA, P., BEZDEK, A. & TIETZ, D. Phylogeny of the

Charles Morphy Dias Santos e Adolfo Ricardo Calor são professores do Departamento de Biologia, Setor de Ecologia e Evolução da Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo. E-mails, respectivamente: charlesmorphology@gmail.com e acalor@usp.br.