

Texto Base: Aula 10

Sistemática Filogenética

Sônia Lopes

Escolas de classificação baseadas em princípios evolutivos

Há duas escolas principais que se pautam no princípio evolutivo central de descendência com modificação: a evolutiva e a filogenética ou cladística. Ambas partem de um aspecto simples, porém fundamental: organismos com relação de parentesco próxima são mais semelhantes que organismos com relação de parentesco relativamente mais distante. Isto porque parentes próximos tendem a herdar características que estavam presentes em um ancestral em comum. É fácil notar como irmãos parecem mais entre si do que quando comparados com outros parentes mais distantes ou outras pessoas.

Essas escolas divergem, no entanto, no modo como interpretam as relações de parentesco. Na escola evolutiva, foi partindo desta simples observação que foram desenvolvidas classificações buscando simplesmente agrupar organismos semelhantes que reflitam o maior ou menor grau de parentesco. Para tal, os pesquisadores procuraram observar caracteres que pudessem de alguma forma auxiliar na identificação dos seres mais aparentados, observando peculiaridades ou traços discretos nos organismos como, por exemplo, estruturas, morfologia, citologia, embriologia, etc. É importante notar dois aspectos principais neste tipo de escola de classificação evolutiva. O primeiro é que as decisões sobre quais caracteres são importantes ou não é feita sem nenhum método objetivo e replicável (aspecto este fundamental em qualquer disciplina científica), e o segundo é que ela não permite a utilização de muitos caracteres simultaneamente. O fato da escolha da importância dos caracteres ser relativamente arbitrária, dependendo do pesquisador ou dela ser mais evidente e fácil de analisar, tornou-se subsequentemente uma questão central na biologia, pois eles não necessariamente poderiam refletir as proximidades de parentesco. Todos os caracteres têm a mesma importância? Se não, quais caracteres devem ser utilizados em sistemas de classificação? Estas questões só começaram a ser resolvidas com o desenvolvimento, do conceito de homologia. O curador do Museu de História Natural de Londres, Richard Owen, foi um dos grandes responsáveis pelo desenvolvimento desse conceito. Ele argumentava que existiam tantas semelhanças entre os membros anteriores de diferentes animais vertebrados como a nadadeira de uma foca e a mão de um ser humano, que as estruturas deveriam ser derivadas de uma única estrutura presente no ancestral comum de todos aqueles animais. Este conceito entrelaçava de maneira elegante e definitiva as observações provenientes da anatomia comparada com o pensamento evolutivo que começava a se desenvolver ao final do século 19. Este grande desenvolvimento intelectual resolve a primeira das questões: quais caracteres devem ser utilizados ao fazer reconstruções evolutivas? Os caracteres homólogos, por refletirem ancestralidade comum e, portanto, herdabilidade de caracteres, são os melhores candidatos para a reconstrução evolutiva. No entanto, ainda resta um problema de ordem prática. Como determinar quais caracteres são homólogos? Que método deve ser utilizado para que possamos, de maneira objetiva e replicável,

diferenciar os caracteres homólogos? Por muito tempo, não existiam métodos analíticos para determinar a validade dos caracteres homólogos e eram consideradas racionalizações discursivas, ou seja, autoridades no assunto estudavam os diversos caracteres a fim de determinar a partir de sua opinião quais deveriam ser utilizados para reconstrução evolutiva e/ou classificação. No entanto, nas décadas de 1950 e 1960, o entomólogo alemão Willi Hennig propôs uma teoria capaz de lidar com todos os caracteres gerados pelos morfologistas de uma vez só, e ainda determinar através de um meio analítico quais seriam homólogos. Sua abordagem, hoje conhecida como cladística ou sistemática filogenética, revolucionou o campo da sistemática. Atualmente, a técnica é utilizada não somente para reconstruções históricas de parentesco entre os organismos, mas também como ferramenta preditiva em estudos epidemiológicos (maiores detalhes sobre isso será tratado ao final do tópico).

Na sistemática filogenética, entende-se que um caráter, eventualmente, poderá ser modificado na descendência, passando a se apresentar com variações, que serão subsequentemente, herdadas nas próximas gerações. Desta maneira, o caráter está presente no ancestral exclusivo de todos os herdeiros, e também em todos os herdeiros, mas nestes com uma modificação ou variação. Essa nova variação ou novo estado do caráter é considerado uma condição derivada, ou seja, surgiu a partir da modificação no estado do caráter previamente presente na linhagem ancestral. A condição derivada tem o potencial de servir como determinante para definir um novo grupo e é chamada apomorfia (do grego após = longe de; morphē = forma) no paradigma moderno. Uma apomorfia pode ser exclusiva de apenas um grupo, sendo chamada nesse caso de autapomorfia (do grego autos = (eu) mesmo; morphē = forma), ou compartilhada por dois ou mais grupos, chamada sinapomorfia (do grego sínapsis = ação de juntar; morphē = forma). Há, no entanto, casos em que o caráter é herdado sem modificação, falando-se em estado plesiomórfico (do grego plesios = vizinho, significando próximo; morphé = forma) e não serve para definir um novo grupo. Quando esse estado plesiomórfico é compartilhado por mais de um agrupamento é chamado simplesiomórfico. As analogias, ou seja, caracteres semelhantes que surgem em linhagens não aparentadas, devem ser discriminadas nas análises filogenéticas, pois elas podem gerar interpretações errôneas sobre relações de parentesco entre grupos de organismos. Esses caracteres análogos devem ser identificados para evitar que equivocadamente sejam usados para unir grupos não relacionados. Caracteres análogos são interpretados na filogenética como um tipo de homoplasia (do grego homós = semelhante, igual; plásis = ação de modelar, dar feição): semelhança estrutural decorrente de paralelismo ou convergência evolutiva, e não de ancestralidade comum.

Outro tipo de homoplasia que deve ser identificado nas análises filogenéticas é a perda, condição bastante comum na evolução. Vários caracteres são perdidos na evolução e precisamos saber se a ausência de um caráter na linhagem em estudo se deve a uma perda evolutiva (ou seja, o caráter estava presente no ancestral e foi perdido) ou se realmente aquele caráter nunca esteve presente na linhagem ancestral. A diferenciação de todos esses tipos de condições é feita na sistemática filogenética com base em uma metodologia própria.

2. O método filogenético

Na sistemática filogenética, os caracteres de interesse são os apomórficos: derivados de um estado ancestral. A questão restante, no entanto, é como diagnosticar quais caracteres são apomórficos. É importante que exista um método objetivo e replicável para a determinação destes caracteres, pois estas são necessidades em estudos científicos. A abordagem de Willi Hennig se diferenciava de outras contemporâneas, pois buscava realizar a inferência histórica de maneira puramente lógica e científica. As principais linhas-guia de seu método são: 1. As relações entre espécies são estritamente genealógicas, ou seja, verticais; 2. As apomorfias são o único tipo de evidência que identifica; ancestralidade em comum e são elas que definem novos agrupamentos; 3. A máxima conformidade com a evidência deve ser determinada utilizando-se o princípio auxiliar da parcimônia.

Dentre os três princípios gerais, apenas os dois primeiros são baseados no conhecimento biológico. O terceiro princípio é evocado da disciplina da filosofia lógica para ajudar a resolver questões em que a evidência em mãos aponta várias possibilidades de resposta. O princípio da parcimônia, também conhecido como “a navalha de Occam”, é enunciado da seguinte maneira: “Se em tudo o mais forem idênticas as explicações, a mais simples é a melhor”. Em termos filogenéticos, a explicação mais simples de relação filogenética entre os organismos é aquela que assume o menor número de passos evolutivos, ou seja, o menor número de mudanças de estado dos caracteres. Desta maneira, os cientistas se utilizam de métodos especiais para calcular qual árvore possui o menor número de passos. Estes métodos são em geral executados por programas de computador, mas em alguns casos, pode-se executar até mesmo de maneira manual.

2.1. Interpretando uma árvore filogenética

As árvores filogenéticas são representadas seguindo-se uma série de convenções. Observe na Figura 1 uma árvore generalizada. Os terminais (A, B, C, D) representam as entidades de estudo. A entidade de estudo pode ser um indivíduo, populações ou até mesmo espécies inteiras em um único terminal. As linhas que saem dos terminais representam os ramos. Os ramos podem conectar um terminal à outro por um nó (como D a C pelo nó x), ou um nó à outro mais abaixo (como x a y para os terminais B, C e D). Os nós representam ancestrais hipotéticos. No exemplo, o nó x representa o ancestral hipotético de C e D. O nó y representa o ancestral hipotético da linhagem representada por C + D e da linhagem representada por B. É muito importante frisar que os nós são sempre hipotéticos, e não representam fósseis. Um fóssil, quando encontrado, é um elemento conhecido na análise. Será representado por um terminal na convenção de estudos filogenéticos (note que C possui uma adaga, representando que é um indivíduo ou linhagem fóssil). O último nó (z) designa a inserção da raiz, que é uma representação hipotética da mais antiga linhagem do grupo. O termo técnico utilizado para denominar todo tipo de árvore filogenética é dendrograma. Um elemento, nem sempre representado, porém sempre implícito, é a direção do tempo. Em todo tipo de representação em forma de árvore filogenética, a ordem de ramificação representa o momento de isolamento das linhagens, umas em relação às outras.

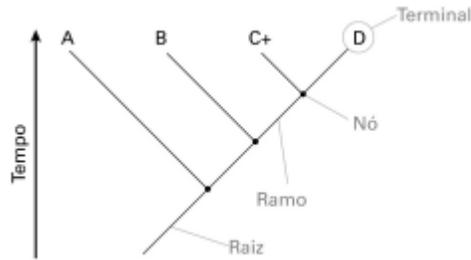


Figura 1: Representação de uma árvore filogenética do tipo cladograma, com convenções iniciadas.

Fonte: Cepa

Na raiz está representado o evento evolutivo mais antigo, e os terminais representam eventos recentes. Em dendogramas do tipo cladograma, os comprimentos relativos dos ramos não representam unidades de tempo (veja as representações A, B e C- Figura 2):

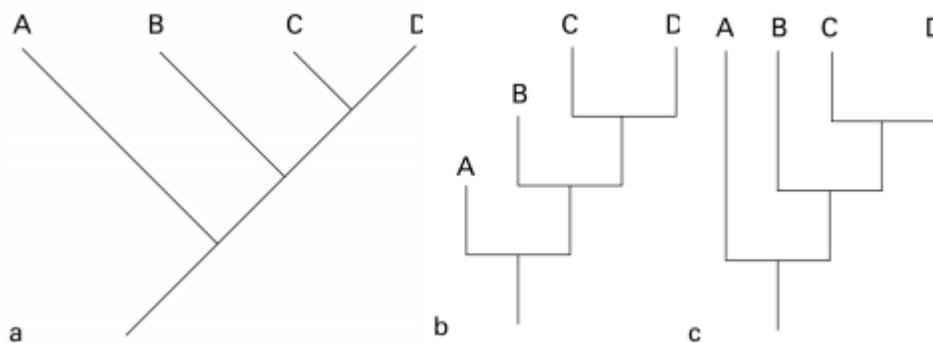


Figura 2: Representação de cladograma.

As representações A, B e C nos dizem a mesma coisa em questão de relação entre os terminais. No caso da representação B, no entanto, os ramos estão mais quadrados (uma modificação puramente estética do que está em A), e na C, a única diferença é que os ramos foram alongados para alinhar os terminais no topo (novamente, uma modificação estética de A e B), o que pode ser feito já que os comprimentos relativos não possuem significado temporal. Analise agora outro tipo de representação (Figura 3):

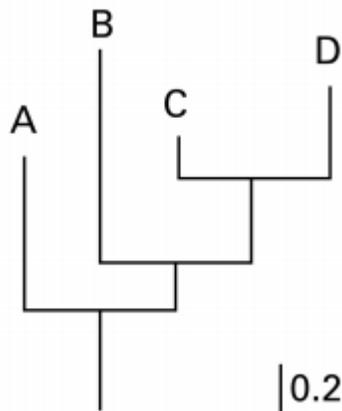


Figura 3: Representação de um filograma.

Na representação acima, há uma escala de tempo indicada por um pequeno traço ao lado da imagem. No caso, o comprimento do traço equivale a 0,2 milhão de anos. Sendo assim, cada ramo tem um comprimento diferente, pois leva em consideração o tempo, ou seja, cada ramo representa a quantidade de modificação evolutiva que ocorreu desde que as linhagens se separaram no nó. Este tipo de árvore filogenética é conhecido como filograma. Outra maneira de reconhecer este tipo de árvore é que, em geral, diferentes ramos têm diferentes tamanhos, enquanto o cladograma é sempre mais simétrico. Todas as árvores filogenéticas podem ser de dois tipos: enraizadas ou não-enraizadas. As mostradas anteriormente são todas enraizadas, pois possuem uma raiz, uma origem. Árvores não enraizadas são muito comuns em análises baseadas somente em dados moleculares, mas são usadas em outros casos também. Veja um exemplo desse tipo de árvore e note que nela não há uma raiz: todos os ramos partem de um ponto central (Figura 4).

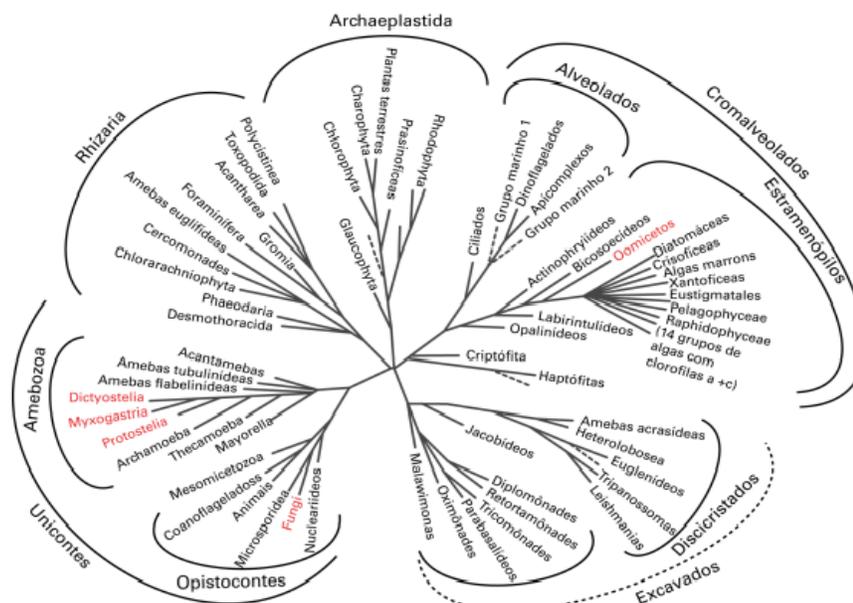


Figura 4: Exemplo de árvore não enraizada.

Na construção de árvores enraizadas, deve-se definir o posicionamento da raiz com base na determinação de pelo menos um grupo externo, ou seja, de pelo menos uma linhagem que não faça parte das linhagens de interesse, chamadas grupos internos. A escolha do grupo externo não é simples. Em geral é um grupo aparentado dos grupos internos de interesse, mas que surgiu antes na história evolutiva. Assim, conseguimos definir homologias e comparar os estados de cada caráter para definir as apomorfias.

As apomorfias, principalmente em estudos morfológicos, podem estar indicadas em uma árvore. Veja no exemplo abaixo que o grupo C+D é unificado pela apomorfia 1, o grupo B+C+D é unificado pela apomorfia 2 e assim por diante (Figura 5).

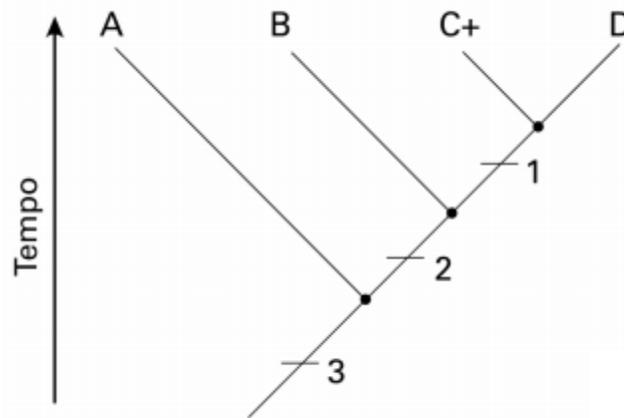


Figura 5: Cladograma com as apomorfias indicadas.

Os grupos unificados por apomorfias são denominados monofiléticos (do grego monos = único; filético = refere-se à linhagem), pois contêm em uma única linhagem um ancestral e inclui todos os seus descendentes. Desta maneira, C+D compõem um grupo monofilético definido pela apomorfia 1. Do mesmo modo, B + o ramo que inclui (C+D) é monofilético, definindo pela apomorfia 2. No entanto, agrupamentos que excluem uma das linhagens descendentes, são chamados parafiléticos (do grego para = ao lado de; filético = refere-se à linhagem). Por exemplo, se considerarmos apenas as linhagens B+C, elas são parafiléticas, pois excluimos a linhagem D. Se o grupo excluir mais de uma das linhagens descendentes, como por exemplo, o grupamento A+C exclui tanto B quanto D, é denominado polifilético (do grego polýs = muito; filético = refere-se à linhagem). No paradigma estabelecido por Willi Hennig, somente os grupos monofiléticos devem ser considerados naturais. Grupos que compartilham o mesmo nó exclusivo são chamados grupos-irmãos. Assim, C e D são grupos irmãos, pois compartilham exclusivamente um nó. Por sua vez, B é grupo irmão do conjunto formado pelos grupos (B+C), pois também compartilham um nó exclusivo.