

50 ANOS DE SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA: ANÁLISE DO LIVRO *FILOGENÉTICA, PRIMEIROS PASSOS E PROSPECÇÕES PARA O ENSINO DE EVOLUÇÃO*

50 years of Phylogenetic Systematics: book review of Phylogenetic, first steps and prospections on teaching evolution

Bruna Klassa [bklassa@gmail.com]

Charles Morphy D. Santos [charles.santos@ufabc.edu.br]

Universidade Federal do ABC

Centro de Ciências Naturais e Humanas, Rua Santa Adélia, 166, Bairro Bangu, 09210-170, Santo André, SP, Brazil.

Resumo

Em 2016 comemoramos 50 anos da publicação do *Phylogenetic Systematics*, obra máxima de Willi Hennig. Hennig propôs que as classificações biológicas deveriam ser entendidas no contexto da ancestralidade comum, refletindo as relações de parentesco entre os organismos e incorporando o princípio fundamental da evolução. Apesar de suma importância para o entendimento da Biologia como um todo, a ausência de material didático na língua portuguesa dificulta o estabelecimento da sistemática biológica para os diferentes níveis de escolaridade no país. Recentemente, foi lançado o livro *Filogenética: primeiros passos*, que visa suprir tal necessidade. No entanto, algumas considerações devem ser feitas quanto à forma e ao conteúdo apresentados. O presente trabalho faz uma resenha do livro supracitado e algumas prospecções para o ensino de Sistemática Filogenética à luz do cinquentenário da obra prima de Hennig.

Palavras-chave: Classificação biológica; Ensino; Evolução; Sistemática filogenética; Willi Hennig.

Abstract

In 2016 we celebrate 50 years of the publication of *Phylogenetic Systematics*, Willi Hennig's *magnum opus*. Hennig proposed that biological classifications should be understood in the context of common ancestry, reflecting the relationships among organisms and incorporating the fundamental principle of evolution. Although extremely important for understanding biology as a whole, the lack of textbooks in Portuguese concerning this subject hampers the establishment of biological systematics in different levels of education. Recently, a textbook named *Phylogenetic: first steps* was published, aiming to fill this need. However, some considerations must be pointed regarding its content. The present paper is a review of the aforementioned book, with some prospects for teaching *Phylogenetic Systematics* in the light of the fiftieth anniversary of Hennig's master piece.

Keywords: Biological classification; Education; Evolution; Phylogenetic systematics; Willi Hennig.

Introdução

Quando falamos em ciências biológicas, pensamos em evolução. Quando falamos em ensino de biologia, certamente pensamos em evolução. O grande legado de Alfred R. Wallace e Charles R. Darwin foi a ideia de evolução como um processo de descendência com modificação a partir de um ancestral comum (Darwin, 1859; Wallace, 1858). Mas foi o entomólogo alemão Willi Hennig quem formalizou esse conceito em um método analítico. Em sua obra magna *Phylogenetic Systematics*, ampliada e traduzida para o inglês em 1966 a partir do *Grundzüge einer Theorie der Phylogenetischen Systematik*, publicado em alemão em 1950, Hennig instituiu um método comparativo para implementar o conceito de ancestralidade comum na prática dos estudos evolutivos (Figura 1). Em 2016, a obra de Hennig comemora seu cinquentenário como marco obrigatório de uma ciência madura e robusta, cada vez mais fundamental para a compreensão da Biologia Comparada.

O método de Hennig tinha como base a ideia de que as classificações biológicas deveriam refletir as relações de parentesco entre os seres vivos, utilizando para isso o conceito darwiniano da ancestralidade comum (Darwin, 1859) como fundamento para a identificação de grupos naturais ou monofiléticos. A partir da observação de atributos nos organismos, caracteres considerados primitivos (ou plesiomórficos) são discriminados daqueles modificados (ou apomórficos). Essa diferenciação estabelece as relações de parentesco a partir do compartilhamento das apomorfias, isto é, das características modificadas exclusivas de um dado grupo. Dentro dessa concepção, um grupo natural, com verdadeiro sentido biológico, reúne a espécie ancestral mais recente e todos os seus descendentes, determinado pela presença de caracteres apomórficos compartilhados exclusivamente por eles, as chamadas sinapomorfias (Farris, 1983; Hennig, 1966).

Hennig definiu as relações biológicas de parentesco baseando-se no *three-taxon statement*: o táxon A está mais próximo do táxon B em relação ao táxon C pois o grupo A+B compartilha caracteres apomórficos ausentes em C. Ainda, a prática metodológica hennigiana calca-se no chamado princípio auxiliar, hoje conhecido como Navalha de Ockham ou princípio da parcimônia, segundo o qual deve-se escolher, entre vários conjuntos de hipóteses de parentesco, aquela que tiver um menor número de transformações evolutivas. Esses dois pilares da obra de Hennig, juntamente com a definição de grupo natural ou monofilético, refletem sua grande contribuição para a sistemática biológica (Santos, 2008). Foi dele a primeira proposta de um conjunto de regras testáveis, não arbitrarias e reflexivas da realidade natural, passíveis de serem representadas em dendogramas ramificados, evidenciando o processo evolutivo e possibilitando um novo entendimento das classificações biológicas (Santos & Klassa, 2012a).

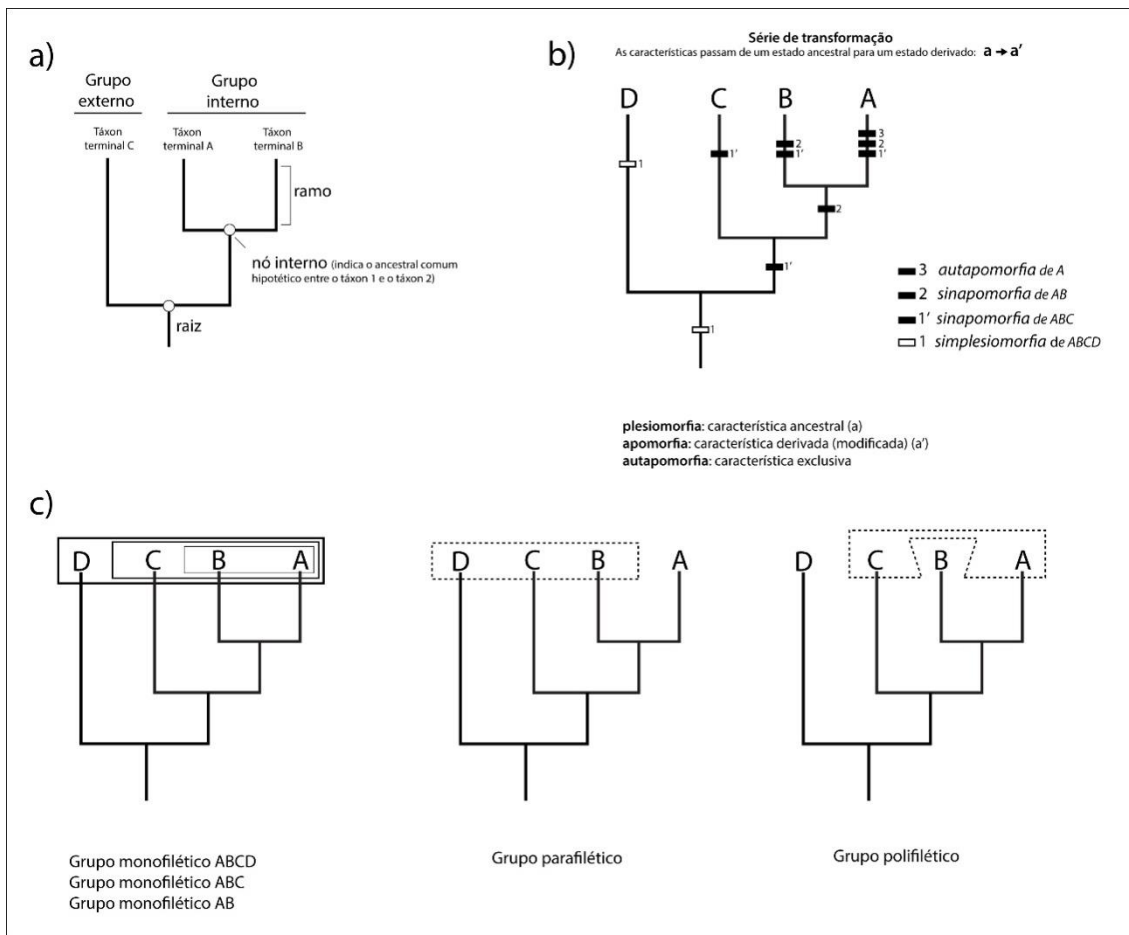


Figura 1: Princípios básicos da sistemática filogenética. a) Anatomia de um cladograma ou árvore filogenética; b) Esquema comparativo de relação de parentesco baseado no *three-taxon statement*: os táxons A e B são mais próximos entre si em relação ao táxon C porque compartilham o caráter 2; da mesma maneira, os táxons A, B e C são mais próximos entre si em relação a D porque compartilham o estado apomórfico do caráter 1; e c) Caracterização dos agrupamentos: somente os grupos monofiléticos refletem ancestralidade comum e, portanto, são considerados grupos naturais.

Embora de importância incontestável para o ensino de ciências biológicas no geral, e especialmente para o ensino de evolução, sistemática biológica e biogeografia, o único livro didático em português que traz os fundamentos da Sistemática Filogenética é a obra homônima do professor Dalton S. Amorim, lançada em 1996 e atualizada em 2002, voltada para o público universitário. Ainda em português, vários trabalhos acadêmicos vem sendo publicados nos últimos anos e estão facilmente acessíveis pela internet (e.g., Santos & Calor, 2007a,b; Santos, 2008; Santos & Klassa, 2012a,b), embora haja uma lacuna de material discutindo os principais conceitos e ensinando o método dessa ciência que permeia virtualmente todas as áreas da Biologia para o Ensino Fundamental e Médio. Isso é justificativa suficiente para proposição de novos livros paradidáticos sobre o tema (ou mesmo da publicação de livros didáticos que utilizem a sistemática filogenética como eixo organizador dos seus conteúdos).

O livro *Filogenética, primeiros passos*, de Sonia Pantoja (2015), bióloga e mestre em Ciências Biológicas, está inserido nesse contexto. A proposta da obra é trazer um resumo dos elementos básicos da sistemática filogenética, funcionando como suporte para aulas de professores e guia no aprendizado de alunos do nível Médio. Dividido em cinco breves capítulos (mais uma introdução e um glossário), a autora busca fazer uma contextualização histórica de conceitos relacionados à teoria da evolução, uma explanação geral de processos evolutivos, e a apresentação dos principais conceitos da sistemática filogenética e aplicação da metodologia. O capítulo final traz exercícios para fixação

dos passos de uma análise filogenética, uma ideia louvável, uma vez que a deficiência de exemplos e exercícios práticos é a reclamação mais frequente entre os professores que atuam no Ensino Básico e Médio.

O presente trabalho faz uma resenha do livro de Pantoja (2015), tecendo considerações quanto à forma e o conteúdo apresentados. Não obstante, faz algumas prospecções para o ensino de Sistemática Filogenética nos níveis fundamental e médio à luz do cinquentenário da obra prima de Willi Hennig.

Filogenética: primeiros passos

Logo na apresentação do seu *Filogenética: primeiros passos*, Pantoja (2015) estabelece que seu texto é escrito de maneira propositalmente sintética, com intuito de auxiliar alunos e professores a darem os primeiros passos no aprendizado e aplicação da Sistemática Filogenética na sala de aula. Dada a simplicidade de conteúdo da obra em questão – e a complexidade do assunto referido –, o desafio para fazê-la funcionar a contento uma obra voltada para discentes e docentes é enorme: professores que desejam incluir o arcabouço filogenético em sua prática docente e alunos que buscam uma introdução nessa área.

A boa ideia da autora, no entanto, esbarra na ausência de uma linguagem um pouco mais refinada, o que muitas vezes dificulta o entendimento de vários dos conceitos tratados no livro, tornando-os até mesmo distorcidos ou claramente equivocados quando comparados à literatura primária na área ou mesmo a manuais como o supracitado Amorim (2002). A linguagem acessível e sintética de Pantoja (2015) recai na superficialidade em inúmeras partes do livro, dificultando a real efetivação dos primeiros passos na sistemática filogenética, como a obra se propõe a fazer.

O prefácio, escrito pela professora Ariane Luna Peixoto, doutora em Biologia Vegetal e atualmente pesquisadora do Jardim Botânico do Rio de Janeiro, é confuso e desconsidera o firme estabelecimento da sistemática filogenética como área de pesquisa bem fundamentada há pelo menos cinquenta anos, desde a publicação de Hennig (1966). Ainda, Peixoto faz da justificativa conservacionista, tanto ambiental quanto da diversidade biológica, o mote da necessidade de uma obra de introdução à prática filogenética na escola. No entanto, a aplicação da sistemática hennigiana na sala de aula só tangencia seu uso na conservação da biodiversidade – para isso, uma série de tecnicismos e jargões precisariam ser introduzidos (para um resumo, ver Carvalho; Almeida, 2016), algo fora do escopo do ensino básico. Em suma, os fundamentos filogenéticos são extremamente importantes em um momento anterior: o reconhecimento das relações de parentesco entre toda a biota do planeta, conectada pela ancestralidade comum e capaz de explicar, de forma relativamente simples e direta, os inúmeros compartilhamentos de características (morfológicas, genéticas, comportamentais) apresentados pelos milhões de ramos da árvore da vida.

Na introdução da obra de Pantoja (2015), o termo evolução é discutido. A autora esforça-se para que a ideia de mudança evolutiva não seja atrelada à noção de progresso, algo comum no discurso fora da academia, como demonstram Gould (1998), Santos (2008) e Santos & Klassa (2012a,b). No entanto, a iniciativa fica comprometida justamente pela utilização algo equivocada dos conceitos de progresso e progresso contínuo. A tentativa de abarcar o desenvolvimento histórico do termo evolução em concisos cinco parágrafos acaba por atropelar a cronologia, que fica toda fora de ordem, saltando de Herbert Spencer para Charles Darwin, pontuando a respeito de Lamarck e retornando a Aristóteles (a referência ao seu princípio da substância fica perdida no texto, sem nenhuma explicação ou contextualização). Essa linha de raciocínio claudicante inviabiliza uma noção mais precisa sobre o desenvolvimento científico, base para o ensino de qualquer metodologia científica, e torna difícil o estabelecimento de uma hierarquia do conhecimento sistemático, que se inicia propriamente com as

primeiras propostas de classificação aristotélicas e culmina na sistemática filogenética de Hennig (Santos, 2008).

O capítulo um de Pantoja (2015), intitulado *Aspectos Evolutivos*, trata das ideias gerais de Lamarck, Darwin e a Teoria Sintética da Evolução. A dicotomia Lamarck-Darwin, tradicional em livros-textos de biologia do Ensino Médio, mais uma vez se faz presente, resumindo o primeiro à lei do uso e desuso e da transmissão de caracteres adquiridos. Limitar a discussão sobre as contribuições de Lamarck a seus erros – que não são propriamente de Lamarck mas que fazem parte do *zeitgeist* científico do século XVIII e início do século XIX (Bowler, 2003) – é pouco produtivo para a compreensão da construção do conhecimento científico como um processo de aperfeiçoamento de ideias contexto-dependentes (Santos & Klassa, 2012a). Na passagem relativa à Darwin, a teoria da seleção natural é apresentada de maneira deturpada, presa à tautologia da “sobrevivência do mais forte”, desconsiderando o conceito de que toda adaptação é local e, dessa forma, não há organismos “mais fortes” que outros e sim mais adaptados, em um dado momento da história evolutiva e em um dado ambiente (Silva & Santos, 2015). Quanto à Teoria Sintética da Evolução (cf. Mayr, 1998), Pantoja (2015, p. 22, nossa ênfase) sugere que essa seja ainda o paradigma corrente na pesquisa evolutiva quando afirma “que [essa teoria] não tem apenas um pesquisador, são vários que *vem aprimorando* ao longo de anos suas pesquisas, utilizando a teoria da seleção natural associada aos conhecimentos de genética de Mendel até os mais atuais”. Isso contraria inúmeras contribuições do último meio século, da importância do arcabouço filogenético aos desenvolvimentos do neutralismo de Moto Kimura, da biogeografia histórica, da epigenética e da biologia evolutiva do desenvolvimento (Bowler, 2003; Pigliucci & Müller, 2010; Carvalho & Almeida, 2016). No penúltimo parágrafo deste capítulo um aparece um erro gritante:

(...) O que é evolução? Quando consideramos um indivíduo mais evoluído? Temos que considerar as alterações ao longo de período de tempo, levar em conta a relação ancestral-descendente, pois indivíduos que apresentam caracteres mais próximos do ancestral são mais primitivos e os que apresentam mais mudanças, se distanciando dos caracteres do ancestral, são mais evoluídos (Pantoja, 2015, p.23).

O que significa um organismo “mais evoluído”? Um ser vivo é um conjunto de atributos primitivos e derivados; mesmo espécies recentes – como o *Homo sapiens*, surgido há pouco mais de 200 mil anos (Santos & Klassa, 2012b) – carregam consigo atavismos e características que remontam a ancestrais remotos desaparecidos há milhões ou mesmo bilhões de anos. Não se pode dizer que uma bactéria é “menos evoluída” que um mamífero: se ambos existem na biota recente, ambos são igualmente “evoluídos”. Embora a argumentação seguinte de Pantoja (2015) elucide a noção de que as mudanças evolutivas não estão atreladas a melhoria ou progresso, na construção textual supracitada não apenas falta clareza na exposição das ideias mas há uma interpretação grosseiramente equivocada do sentido da evolução orgânica. Enquanto obra introdutória da sistemática filogenética, e especialmente por ser voltada aos alunos de Ensino Médio, é essencial evitar qualquer descrição do processo evolutivo como uma escala progressiva. Nesse sentido, o linguajar utilizado é tão importante quanto a própria metodologia discutida.

O capítulo dois, *Especiação*, traz definições de mecanismos de isolamento baseados no conceito biológico de espécie. Descontextualizado do restante do livro, discutir especiação seria justificável caso fossem tratados e explicados em um cladograma os processos de anagênese (mudanças que ocorrem em uma linhagem sem levar ao surgimento de espécies diferentes) a cladogênese (a especiação em si, quando duas linhagens divergem a partir de um ancestral comum) (Schuh & Brower, 2009). Da forma como foi exposto, Pantoja (2015) apenas dispôs uma série de tópicos extremamente sintéticos sobre especiação e isolamento geográfico que não fazem referência direta a sistemática filogenética, tampouco auxiliam na introdução dessa prática analítica na escola.

O terceiro capítulo, *Filogenética*, apresenta o núcleo da obra. No primeiro parágrafo é dito que a capacidade de relacionar evolutivamente o ambiente às modificações ocorridas nos organismos

deve-se aos avanços nos métodos de reconstrução de relações de parentesco entre as espécies. Essa frase faz menção à ideia de grados evolutivos, que justificam as relações entre os táxons com base não só no compartilhamento de atributos derivados, mas também na expressão dos mesmos frente ao ambiente (Mayr, 1998). A ideia deriva diretamente da Teoria Sintética da Evolução, que justificava a nomeação de grupos que não compartilhassem um ancestral comum (ou parafiléticos, tido como grupos não-naturais segundo a sistemática hennigiana) caso eles apresentassem características (subjetivas) tão modificadas que não mais permitissem seu reconhecimento como táxon-irmão dos demais (Santos & Klassa, 2012a). Para o ornitólogo Ernst Mayr, um dos criadores da taxonomia evolutiva clássica (Santos, 2008), essa derivação dos atributos se daria quando o ambiente exercesse forte pressão seletiva sobre o grupo em questão. No entanto, como discutido exaustivamente na literatura (e.g., Nelson & Platnick, 1981; Santos, 2008; Schuh & Brower, 2009; Santos & Klassa, 2012a), a definição de grado é arbitrária. Para que um grupo biológico (no caso, um grado) fosse considerado natural pela taxonomia evolutiva clássica (como é conhecida a metodologia de análise atrelada à Teoria Sintética da Evolução), também as características adaptativas conquistadas ao longo da história evolutiva deveriam ser analisadas. Atributos relacionados às grandes adaptações possuiriam um valor adaptativo superior que justificaria a elevação daquele grupo a uma nova categoria hierárquica (Mayr, 1998; Santos & Klassa, 2012a). Resumidamente, essa afirmação permite a separação de aves em um grupo a parte dos répteis, por apresentarem a capacidade de voo, por exemplo – há uma grande quantidade de evidências, no entanto, mostrando o compartilhamento de diversos atributos entre aves e outros répteis (no caso, dinossauros terópodes), fazendo com que Reptilia só seja considerado um grupo natural se incluir todos os dinossauros, incluindo os dinossauros avianos (Santos, 2008; Santos & Klassa, 2012a). Reconhecer os tais “valores adaptativos superiores” (no exemplo acima, a capacidade de voo) depende muito mais de apriorismos e de juízos de valor determinados pelo pesquisador que constrói a classificação do que no resultado de uma análise objetiva (Santos, 2008; Santos & Klassa, 2012a). Com uma metodologia robusta e assertiva, a sistemática filogenética erigiu-se no período subsequente à Teoria Sintética da Evolução e foi capaz de pôr fim ao autoritarismo na prática classificatória das ciências biológicas. Como citado anteriormente, o método de Hennig (1966) não aceita grados como grupos naturais. São naturais apenas aqueles grupos considerados monofiléticos, que incluem o ancestral comum mais recente e seu conjunto de descendentes, independentemente do quão derivados sejam seus atributos. Esses grupos são chamados de clados.

No terceiro capítulo, na seção sobre homologia, é dito que homologias são “hipóteses estabelecidas pela análise cladística do grupo e conhecimento da relação de parentesco entre as espécies (filogenia)”. Na verdade, a autora deveria dizer que as homologias são o conceito-chave na análise cladística (filogenética) justamente por representarem a condição fundamental para o levantamento de hipóteses de agrupamento prévios, que são anteriores à análise propriamente dita e passíveis de teste e corroboração com outras hipóteses de agrupamento (de Pinna, 1991). Em linhas gerais, a homologia é determinada em duas etapas. A partir de critérios como similaridade de forma e posição, são estabelecidos previamente quais atributos podem ter origem comum e, portanto, quais dos táxons estudados poderiam ser agrupados por compartilharem tais atributos. Somente após confrontar cada uma dessas hipóteses iniciais de agrupamento levantadas – chamadas tecnicamente de homologias primárias ou caracteres – umas com as outras em busca de congruência é que as relações de parentesco podem ser inferidas. Se várias hipóteses de homologia primária sugerem o mesmo tipo de agrupamento, diz-se que tal hipótese é congruente com as demais, passando a ser considerada uma homologia secundária ou, simplesmente, homologia. Por exemplo, a presença de simetria bilateral é um caráter compartilhado por todos os animais exceto as esponjas, os cnidários e os ctenóforos. Também compartilhado por esses grupos são a presença de tubo digestório completo e sistema nervoso com cefalização. Assim, a homologia primária “Presença de simetria bilateral” é congruente com “Presença de tubo digestório completo” e com “Presença de sistema nervoso com cefalização”. Em um cladograma, todas essas hipóteses congruentes entre si apareceriam como sinapomorfias – apomorfias compartilhadas – do grupo Bilateria. Evidentemente, toda hipótese

filogenética representa uma possibilidade de parentesco evolutivo entre os grupos considerados – a ciência é sempre hipotética e a sistemática filogenética não é diferente (Santos, 2008). No entanto, o descuido e a falta de precisão na discussão de conceitos importantes como o de homologia acabam tornando a “linguagem acessível” do livro uma abordagem superficial e relapsa do assunto, fatal para a boa compreensão da cadeia de ideias intrincadas de evolução como mudança ao longo do tempo.

Ainda nessa seção, a definição que a autora faz de caracteres como “mutações ou novidades evolutivas” de um grupo não é correta. Como citado acima, caracteres nada mais são do que hipóteses de homologia primária e não tem relação direta com mutações no material genético – e não são necessariamente novidades evolutivas. As definições que Pantoja (2015) apresenta de caracteres apomórficos e plesiomórficos, além de confusas, não explicam a ideia de série de transformação. Caracteres são atributos cujos estados, durante a série de transformação, funcionam como hipóteses de agrupamento definidas *a priori* na análise filogenética (Figura 1B). Definições simples que partam do compartilhamento de caracteres especiais (homólogos) bastam para a condição basilar de agrupamento ser entendida, em qualquer nível. A utilização dos termos autapomorfia, sinapomorfia, simplesiomorfia, e outros jargões da biologia comparada, é desnecessária para o ensino da lógica filogenética na escola (principalmente se não forem esmiuçados no texto e durante as aulas). O mais importante é o aluno (e, antes, o professor) compreender como o conceito de ancestralidade comum está intimamente conectado ao conceito de homologia e que, portanto, compreender as relações de parentesco entre os organismos é essencial para o entendimento de como os atributos se originam e se diversificam durante a história evolutiva.

Neste terceiro capítulo, a seção *Comparação com out-group* também apresenta problemas. A começar pela permanência do termo em inglês *out-group* quando podemos utilizar o equivalente ‘grupo-externo’, corrente na literatura especializada publicada no país (e.g., Amorim, 2002; Santos, 2008). Em livros paradidáticos introdutórios como Pantoja (2015), voltados especialmente para alunos e docentes com interesse no assunto, porém sem familiaridade com ele, é preferível manter os termos na nossa língua nativa se houver tradução eficiente para os mesmos.

Ainda na seção que discute grupo-externo, o parágrafo abaixo peca pela falta de coerência e coesão:

Em um grupo monofilético com dois caracteres homólogos, também encontrados no grupo-irmão (*sister-group*), é o plesiomórfico, enquanto o caráter presente somente no grupo estudado é o apomórfico, ou seja, uma novidade que surgiu nesta população. Para evidenciar o grupo-irmão basta fazer uma heterobtmia de caracteres – caracteres em oposição (Pantoja, 2015, p.44).

O termo grupo-irmão aparece pela primeira vez aqui sem receber qualquer explicação sobre o seu significado. O termo heterobtmia, definido como ‘caracteres em oposição’, não possibilita compreender o que foi dito anteriormente sobre comparação com grupo-externo. Qual a relevância de se apresentar tais termo sem uma proposta que deixa claro em sua apresentação visar “o auxílio em um mundo de termos e definições tão específicos nesta área [da Sistemática Filogenética] que permeia diversas disciplinas”, se ele não for explicado ao leitor? Da mesma maneira, termos como táxon, taxa e hipóteses *ad hoc* são utilizados sem contextualização ou discussão. O parágrafo citado poderia ser reescrito de forma muito mais clara, algo como “Um grupo natural ou monofilético compartilha caracteres apomórficos exclusivos deles (chamados tecnicamente de sinapomorfias). O grupo-irmão (tradução *sui generis* para o inglês *sister-group*) é aquele mais próximo do grupo monofilético mas que não compartilha com este tais sinapomorfias.” Não há necessidade, aqui, de utilizar o termo heterobtmia quando ele não será aprofundado ou mesmo contextualizado dada a premissa introdutória da obra.

Pantoja (2015) também comenta a respeito de construção de matrizes polarizada de caracteres. A autora afirma que nas matrizes a condição plesiomórfica é lançada como estado 0 e a condição

apomórfica como estado 1. Novamente, a ausência de uma explicação sobre a série de transformações dos caracteres e estados de caracteres torna rasa e incompreensível a afirmação. Ainda, a afirmação da autora não é totalmente correta: dependendo de como os caracteres são otimizados durante uma análise filogenética, i.e., como se distribuem no cladograma dada a solução mais parcimoniosa, um estado 0 pode ser apomórfico e um estado 1, plesiomórfico. Na obra, Pantoja comenta apenas a respeito de caracteres binários. A utilização de caracteres multiestado, aqueles em que existem mais do que dois estados, muito comuns em análises filogenéticas, é citada *em passant* e suas implicações não são discutidas. Mesmo que a obra se atenha a um nível introdutório, seria interessante ao menos discorrer brevemente sobre eles.

Como resultado da análise de parcimônia da matriz, é proposta a existência de inúmeros cladogramas possíveis, sendo que “apenas um representa a verdadeira filogenia e cabe ao pesquisador descobrir qual delas [possibilidades] melhor se aplica”. Isso é um claro equívoco sobre base epistemológica da sistemática filogenética (Farris, 1983) – e, por consequência, da prática científica no geral. Uma análise cladística não é capaz de alcançar a “história evolutiva verdadeira” – nas palavras de Pantoja (2015), a “verdadeira filogenia” – de nenhum conjunto de táxons. A metodologia filogenética proposta por Hennig (1966) estabelece uma (ou mais) soluções heurísticas, de compromisso, capazes de responder melhor a variadas frentes de evidência, mas incapazes de mostrar a “verdadeira filogenia” dos táxons em questão. Ainda, como supracitado, um cladograma é resultado da distribuição otimizada dos caracteres, minimizando o número de transformações de estados – a distribuição mais parcimoniosa depende das evidências levantadas, i.e., dos caracteres, e não tem relação direta com qual foi a real história das transformações que ocorreram durante a evolução. Não explicar a lógica da argumentação hennigiana impossibilita compreender como – e porque – se escolhe um cladograma em detrimento de outro (a apresentação do conceito de parcimônia seria fundamental). O capítulo termina conceituando índice de consistência, sem discutir suas implicações. Demais métricas da árvore, como número de passos e índice de retenção, estão ausentes. Na nossa opinião, discutir as métricas comuns à análise filogenética – índices, medidas de suporte e afins – pouco acrescenta à apresentação da metodologia filogenética para o nível médio; público alvo de Pantoja (2015). Para o Ensino Superior, a obra de Pantoja (2015) é deveras simplista.

No capítulo quatro do livro, *Análise dos cladogramas*, alguns termos são novamente introduzidos embora já utilizados em passagens anteriores. Mais uma vez, há falta de acurácia nas definições de monofilia, parafilia e polifilia (vale notar que a literatura especializada por vezes utiliza a terminologia monofiletismo, parafiletismo e polifiletismo, cf. Santos, 2008). Pantoja (2015) diz que um grupo monofilético é aquele grupo que inclui uma espécie ancestral (conhecida ou hipotética) e todos os seus descendentes. Como a história evolutiva da vida é inacessível, jamais teremos acesso a ancestrais diretos de grupos naturais, sendo os mesmos sempre considerados hipotéticos. Em suma, não temos possibilidades científicas de definir se uma espécie, mesmo fóssil, foi ou não ancestral de qualquer outra.

O capítulo trata também do levantamento de caracteres, embora sua abordagem seja efetivamente apenas sobre caracteres binários. Caracteres binários só têm uma direção possível da transformação (de 0 para 1 ou de 1 para 0, que são iguais durante a otimização). No exemplo do livro, as condições plesiomórficas são demarcadas pelo número zero, ao passo que as demais condições recebem o número um. O exemplo utilizado traz um organismo modelo cujos estados dos dez caracteres levantados pela autora não foram ilustrados previamente (Figura 2). O caráter 1 consiste em asa lisa (estado 0) / asa rugosa (estado 1). Como não há ilustração do que seria uma asa lisa e uma asa rugosa, é possível que para alguns leitores a asa lisa seja a asa presente no organismo A (branca), enquanto para outros, seja a asa presente em B, C e D (cinza), escolha essa que interfere na resolução da matriz apresentada. Embora talvez nos pareça lógico pensar que a asa lisa seria a representada pela cor branca, o ensino da sistemática filogenética não pode abrir espaço para interpretações desse tipo. Como já mencionado, foi justamente a objetividade a característica que permitiu a adesão massiva ao método hennigiano. Um segundo problema no caráter 1 emerge quando analisamos o caráter 10: asa

interna longa e aparente (estado 0) / asa interna curta (estado 1). Nesse caso, como saber se o caráter 1, rugosidade da asa, refere-se à asa interna ou à asa externa? Precisão de linguagem é fundamental na análise filogenética, especialmente na sua fase mais subjetiva, o levantamento e descrição dos caracteres e dos seus estados. O próximo passo do exercício é avaliar o estado presente nos animais modelos da Figura 2 e inserir a informação na matriz. Dada a dificuldade na descrição de alguns estados dos caracteres a partir das figuras disponibilizadas, mesmo em um exemplo simples, há o sério risco de o leitor não chegar necessariamente à mesma conclusão apresentada no livro, tanto na construção das hipóteses de homologia primária, quanto na preparação da matriz de táxons/caracteres e na própria análise para a obtenção do cladograma mais parcimonioso.

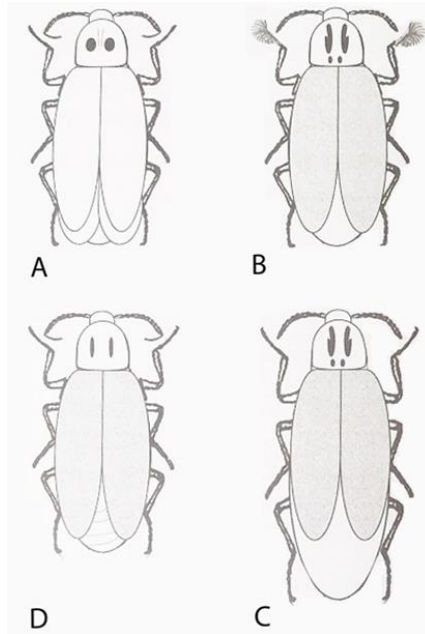


Figura 2: População de um organismo modelo fictício apresentado no capítulo. Sem a indicação prévia do que é cada caráter, torna-se difícil levantar e codificar caracteres para a análise: a asa lisa seria a asa do organismo A ou a asa dos organismos B, C e D? Ainda, o caráter rugosidade da asa refere-se à asa interna (presente no organismo A) ou à asa externa? Modificado de Pantoja (2015).

Por fim, o último capítulo de Pantoja (2015) traz alguns exercícios para fixação, uma iniciativa louvável dada a escassez desse tipo de material publicado em português. No entanto, há alguns problemas flagrantes que precisam ser revisados. Por exemplo, a questão dois. Ela pede que, a partir de uma dada matriz de táxons/caracteres, sejam construídos dois cladogramas mais parcimoniosos e que, após a discussão dos resultados da análise filogenética, seja escolhido o cladograma mais parcimonioso. Isso é um equívoco grosseiro. Como pode um cladograma mais parcimonioso ser escolhido entre dois cladogramas igualmente mais parcimoniosos? Se ambos apresentam o mesmo número de transformações (no jargão técnico, “passos”), não há critérios para se privilegiar um em detrimento do outro. Discutir o significado de árvore mais parcimoniosa e árvores sub-ótimas (aquelas que não têm o menor número de passos) faz falta para a compreensão do confuso enunciado proposto. Na resolução da questão, Pantoja (2015) apresenta dois cladogramas ditos “mais parcimoniosos” equivocadamente: o cladograma ‘a’ apresenta nove transformações (com duas homoplasias: 6 e 7), ao passo que o cladograma ‘b’ apresenta 10 transformações (com três homoplasias: 4, 5 e 6) (Figura 3). A solução correta seria apenas o cladograma ‘a’ (Figura 4) como o mais parcimonioso. Além deste erro, a forma como é proposto o exercício também não parece a melhor opção. Seria mais interessante que o enunciado solicitasse a resolução da matriz apresentada e a discussão do resultado. A ‘categorização’ da solução como árvore mais parcimoniosa é parte da

discussão e argumentação do aluno, na resolução do exercício, e não algo que deva ser exigido no enunciado.

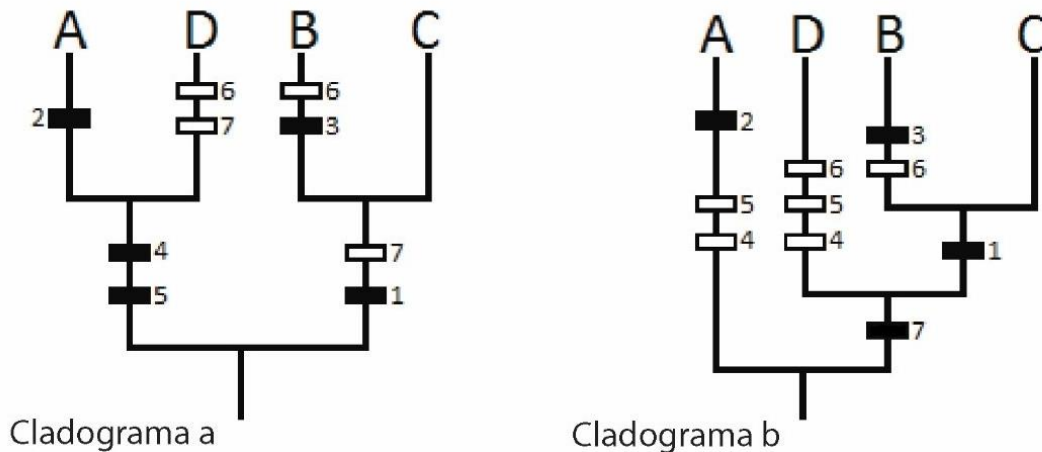


Figura 3: Solução da questão 2 apresentada no livro *Filogenética, primeiros passos*. Modificado de Pantoja (2015, p. 73).

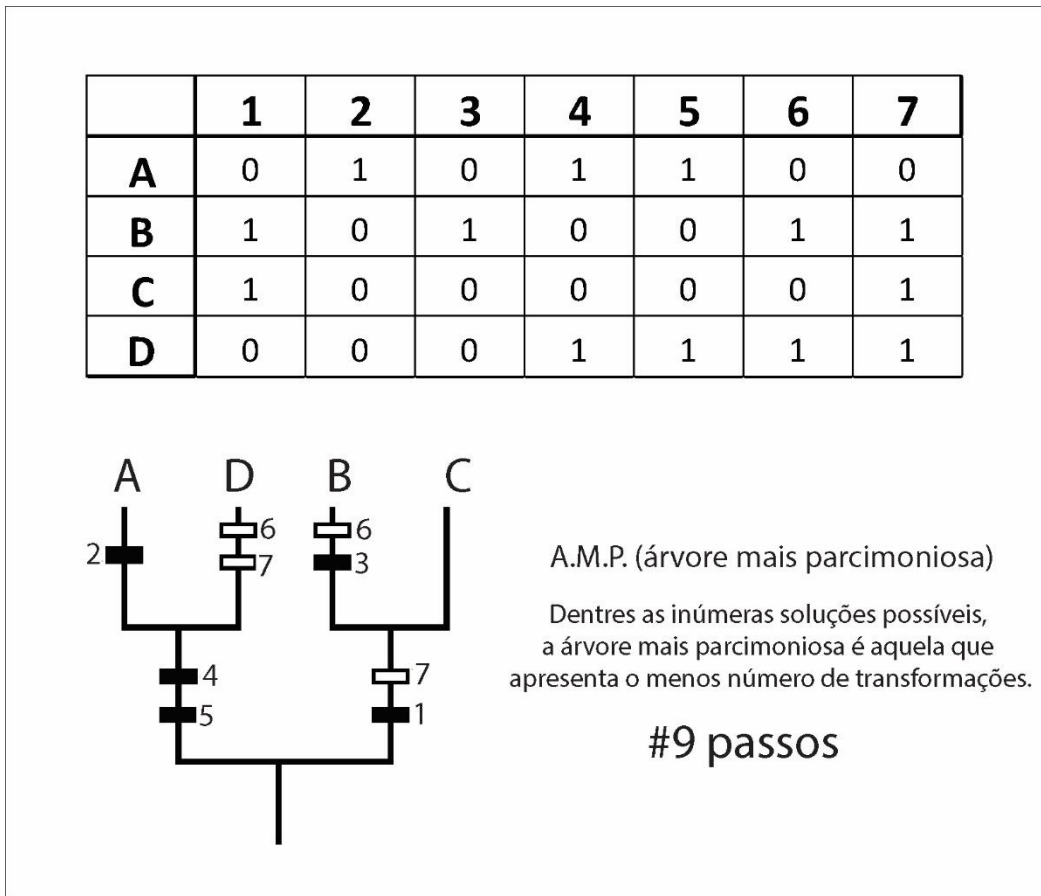


Figura 4: Resolução correta da questão 2, a partir da matriz proposta no livro *Filogenética, primeiros passos*. Modificado de Pantoja (2015, p.72).

Uma análise pormenorizada de Pantoja (2015) demonstra falta de cuidado com o linguajar, tanto gramaticalmente quanto em seu conteúdo. Isso leva muitas vezes a apresentação equivocada ou superficialização extrema de conceitos importantes da filogenética hennigiana, que mereceriam um tratamento mais cuidadoso. Infelizmente, o texto parece não encontrar o tom para atingir seus objetivos, ora subestimando o público, explicando conceitos simples facilmente transponíveis para qualquer nível, ora superestimando-o e julgando haver entendimento claro de conceitos ainda

controversos. O glossário auxilia no preenchimento de algumas lacunas que o corpo da obra não contempla, mas, ainda assim, traz imprecisões e defasagens, por exemplo a definição de *caráter* como “mudança ocorrida em táxon quanto à sua condição plesiomórfica anterior” (como discutido anteriormente, um caráter é uma hipótese de homologia primária, i.e., uma primeira sugestão de agrupamento). A bibliografia listada é insuficiente perante a riqueza da literatura da área.

Prospecções no ensino da Sistemática Filogenética

Classificar é o ato de agrupar ou ordenar objetos ou seres vivos, qualificando-os e distribuindo-os em conjuntos, o que depende da habilidade em reconhecer similaridades e diferenças a partir de um modelo prévio estabelecido. Transportando esse conceito para a biologia evolutiva, a classificação deve então pautar-se na categorização dos grupos biológicos conforme suas semelhanças em relação a um organismo ancestral. Em suma, classificações de seres vivos só são *biologicamente* significativas quando refletem a história evolutiva dos organismos (Hennig, 1966). A introdução do método hennigiano foi essencial para o desenvolvimento da biologia comparada, pois trouxe à tona preocupações concernentes aos padrões moldados pela evolução no tempo e permitiu inferências mais robustas em relação aos processos responsáveis por esses padrões.

Para o ensino de biologia, discutir os conceitos das diversas áreas (botânica, zoologia, microbiologia, etc.) a partir de uma estrutura evolutiva é capital para a compreensão de fundamentos mais amplos. Entretanto, a fragmentação do conhecimento biológico em diversas áreas, desprovidas de um eixo direcionador, reitera uma conotação memorialística, tradicional no ensino da área, e impede o desenvolvimento aprofundado do raciocínio biológico. Sem o eixo evolutivo que lhes dá sentido histórico, a gama de nomes e processos tornam-se vazios aos olhos do leitor. Ainda, um cidadão com baixa compreensão da teoria evolutiva é incapaz de lidar com inúmeras situações cotidianas que refletem em algum nível processos biológicos históricos, tais como o aumento da virulência de bactérias patogênicas a partir do uso indiscriminado de medicamentos antibióticos. Também os desafios para a compreensão das consequências causadas pela perda da biodiversidade demandam algum nível de conhecimento da teoria evolutiva.

Santos & Klassa (2012b) discutem como suprir algumas dessas lacunas no aprendizado de biologia e evolução, utilizando conceitos da sistemática filogenética na explicação de (1) tempo geológico, (2) ancestralidade comum e pensamento hierárquico e (3) conceito de homologia. A sistemática filogenética pode (e deve) ser utilizada para desconstruir a metáfora de que a evolução é uma fila indiana que vai de organismos mais “simples” até os mais “complexos” (cf. Gould, 1998). Ao se pensar em evolução, deve-se ter em mente uma árvore ramificada que organismos a partir do compartilhamento de ancestrais comuns. A utilização dessas árvores – os cladogramas – não precisa estar atrelada à disciplina de evolução necessariamente; muita informação biológica (como características de morfologia externa, embriologia, fisiologia e comportamento) podem ser sintetizadas nesses dendogramas ramificados, tornando-os ferramentas poderosas para o ensino de qualquer área da Biologia.

Para introduzir a sistemática filogenética no ensino de ciências, praticamente todos os jargões e tecnicismos podem ser deixados de lado: as ideias fundamentais a serem compreendidas são homologia e grupo natural (ou monofilético) (Santos, 2008). Se esses conceitos forem introduzidos no ensino fundamental e plenamente absorvidos no ensino médio, estudar biologia comparada vai se tornar uma tarefa muito mais fácil e gratificante, porque há sentido evolutivo em cada etapa do raciocínio. Se a ideia for clara, a terminologia da área é desnecessária. É como aprender a falar: não saímos ensinando regras gramaticais antes das primeiras frases serem balbuciadas.

Propostas que visem à produção de material didático para a facilitação da aprendizagem devem ser enaltecidas. A iniciativa de Pantoja (2015) com seu *Filogenética: primeiros passos* é

louvável, como a de várias outras obras de popularização de áreas importantes das ciências biológicas lançadas nos últimos anos. Contudo, são esses os projetos que devem ser vistos com olhares ainda mais atentos. A compreensão da sistemática filogenética, desde os seus primeiros passos, dá-se a partir da simplificação de conceitos aparentemente complexos, sem recair em uma linguagem descuidada. A fundamentação teórica introdutória precisa ser sólida. A desconstrução de ideias equivocadas é sempre mais difícil que a introdução de novas ideias.

Agradecimentos

Os autores gostariam de agradecer à CAPES e ao CNPq pelo financiamento desse trabalho.

Referências Bibliográficas

- Amorim, D.S. (2002). *Fundamentos de Sistemática Filogenética*. São Paulo: Holos Editora.
- Bowler, P.J. (2003). *Evolution: The History of an idea*, 4th ed. Berkeley: University of California Press.
- Carvalho, J.B., & Almeida, E.A.B. (2016). *Biogeografia da América do Sul: análise de tempo, espaço e forma*. 2ed. Rio de Janeiro: Roca.
- de Pinna, M.G.G. (1991). Concepts and tests of homology in the cladistic paradigm. *Cladistics*, 7, 367-394.
- Darwin, C. (1858). On the tendency of species to form varieties, and on the perpetuation of varieties and species by natural means of selection. *Proceedings of the Linnean Society of London*, 3, 45- 62.
- Darwin, C. (1859). *On the origin of species by means of natural selection or the preservation of favored races in the struggle for life*. London: Murray.
- Farris, J.S. (1983). The logical basis of phylogenetic analysis In N.I. Platnick, V.A. Funk (Eds.), *Advances in cladistics* (pp. 1-36). New York: Columbia University Press.
- Gould, S.J. (1998). On replacing the idea of progress with an operational notion of directionality. In D.L. Hull, & M. Ruse (Eds.), *The philosophy of biology* (pp. 650-668). New York: Oxford University Press.
- Hennig, W. (1966). *Phylogenetic systematics*. Urbana: University of Illinois Press.
- Mayr, E. (1998). *O desenvolvimento do pensamento biológico*. Brasília: Editora Universidade de Brasília.
- Nelson, G., & Platnick, N. (1981). *Systematics and biogeography: cladistics and vicariance*. New York: Columbia University Press.
- Pantoja, S. (2015). *Filogenética, primeiros passos*. Rio de Janeiro: Technical Books.
- Pigliucci, M., & Müller, G.B. (2010). *Evolution: the extended synthesis*. Cambridge: MIT Press.
- Santos, C.M.D. (2008). Os dinossauros de Hennig: sobre a importância do monofiletismo para a sistemática biológica. *Scientiae Studia*, 6(2), 179-200.

- Santos, C.M.D., & Calor, A.R. (2007a). Ensino de Biologia Evolutiva utilizando a estrutura conceitual da Sistemática Filogenética - I. *Ciência & Ensino*, 1(2), 1-8.
- Santos, C.M.D., & Calor, A.R. (2007b). Ensino de Biologia Evolutiva utilizando a estrutura conceitual da Sistemática Filogenética – II. *Ciência & Ensino*, 2(1), 1-8.
- Santos, C.M.D., & Klassa, B. (2012a). Sistemática filogenética hennigiana: revolução ou mudança no interior de um paradigma? *Scientiae Studia*, 10(3), 593-612.
- Santos, C.M.D., & Klassa, B. (2012b). Despersonalizando o ensino de evolução: ênfase nos conceitos através da sistemática filogenética. *Educação: teoria e prática*, 22(40), 62-81.
- Schuh, R.T., & Brower, A.V.Z. (2009) *Biological systematics: principles and applications*. New York: Cornell University Press.
- Silva, M., & Santos, C.M.D. (2015). Uma análise histórica sobre a seleção natural: de Darwin-Wallace à síntese estendida da Evolução. *Amazônia: Revista de Educação em Ciências e Matemática*, 11, 46-61.
- Wallace, A.R. (1858) On the tendency of varieties to depart indefinitely from the original type. *Proceedings of the Linnean Society of London*, 3, 53-62.