

Radiações Evolutivas

► As radiações evolutivas acontecem quando a taxa de especiação supera a taxa de extinção.

► Altas taxas de especiação normalmente coincidem com baixas taxas de extinção quando as espécies invadem ilhas que têm poucas outras espécies ou quando um novo meio de explorar o ambiente torna disponível para a espécie um novo conjunto de recursos. Rever Figuras 22.13 e 22.14.

O Significado da Especiação

► Como resultado da especiação, a Terra é povoada por milhões de espécies, cada uma adaptada para viver em um ambiente específico utilizando os recursos de uma forma particular.

Para Discussão

1. A troca de genes entre as populações é evitada pelo isolamento geográfico, por respostas comportamentais antes do cruzamento (por exemplo, as fêmeas podem rejeitar a corte de machos de outra espécie) e por mecanismos que funcionem após o cruzamento (por exemplo, a esterilidade do híbrido). Todos esses são comumente chamados de mecanismos de isolamento. Em que aspectos esses três tipos diferem bastante? Se você tivesse que colocar nomes diferentes neles, qual você chamaria de mecanismo de isolamento? Por quê? Que nomes você daria aos outros tipos? Por quê?
2. O ganso-azul da América do Norte possui duas formas de coloração: azul e branco. O cruzamento entre esses dois tipos é freqüente. Todavia, os indivíduos azuis formam pares entre si, e os indivíduos brancos formam pares entre si muito mais freqüentemente do que o esperado pelo acaso. Suponha que 75% de todos os casais consistissem de indivíduos da mesma coloração. O que você concluiria sobre o pro-

cesso de especiação nesses gansos? E se 95% dos pares fossem da mesma coloração? E se 100% dos pares fossem da mesma coloração?

3. Suponha que pares desses gansos de coloração mista fossem encontrados apenas em uma zona estreita ao longo de toda a zona ártica de acasalamento da espécie. Você teria respondido à Questão 2 da mesma forma? Sua resposta mudaria se pares de coloração mista fossem amplamente distribuídos ao longo da área de acasalamento desses gansos?
4. Embora muitas espécies de borboletas estejam divididas em populações locais entre as quais há pouco fluxo gênico, essas borboletas normalmente mostram relativamente pouca variação geográfica. Descreva estudos que você faria para determinar o que mantém a similaridade morfológica.
5. Faça distinção entre a especiação alopátrica, simpátrica e parapátrica. Para cada uma das frases abaixo, indique qual tipo de especiação está envolvido.
 - a. Esse processo, na natureza, é mais comumente resultado de poliploidia.
 - b. O tamanho dos parques nacionais e refúgios de vida silvestre pode ser muito pequeno para permitir tal tipo de especiação entre os organismos restritos a essas áreas.
 - c. Esse processo normalmente ocorre em espécies que habitam áreas onde existem nítidos contrastes ambientais.
6. Radiações evolutivas são comuns e facilmente estudadas em ilhas oceânicas. Em que tipos de situações no continente você esperaria encontrar grandes radiações evolutivas? Por quê?
7. As moscas-das-frutas do gênero *Drosophila* são encontradas em todo o mundo, mas a maioria das espécies desse gênero é encontrada nas ilhas do Havaí. Sugira uma hipótese que possa explicar esse padrão de distribuição.

23

Reconstruindo e Usando Filogenias



A esquistossomose é uma infecção do sangue pelo verme parasita *Schistosoma*. Existem mais de 200 milhões de pessoas infectadas na América do Sul, África, China, Japão e Sudeste Asiático. Durante parte do seu ciclo de vida, o *Schistosoma* habita caracóis de água doce. As pessoas se infectam quando entram em contato com a água em que os caracóis infectados vivem. A forma larval do *Schistosoma* sai do caracol e nada até penetrar na pele da pessoa. O verme amadurece e vive nos vasos sanguíneos do abdômen da pessoa. A doença é progressivamente debilitante, causando morte lenta.

Durante a maior parte do século XX somente a espécie *Schistosoma japonicum* era conhecida como infectante na espécie humana, e considerava-se que era transmitida por uma única espécie de caracol do gênero *Oncomelania*. Então, na década de 1970, os pesquisadores descobriram que uma outra espécie de caracol estava transmitindo o *Schistosoma* para os humanos no rio Mekong, no Laos. Essa descoberta estimulou extensos estudos a campo e pesquisas anatómicas, genéticas e geográficas nos vermes e nos caracóis do Sudeste Asiático.

Os pesquisadores determinaram que *S. japonicum* era na verdade um conjunto de pelo menos seis espécies. Eles também descobriram que as relações evolutivas entre os caracóis influenciavam quais espécies poderiam ser hospedeiras do *Schistosoma*. A diversificação evolutiva de um estoque ancestral de caracóis produziu um grupo de espécies de caracóis recentes. Desse, apenas três podem hospedar o *Schistosoma*; 10 deles têm uma característica genética que os torna resistentes à invasão pelo parasita.

Essa informação tem grande valor para os esforços de combate à esquistossomose. Poucas das espécies de caracóis de água doce do Sudeste Asiático foram descritas e nomeadas. Usando as informações sobre as relações evolutivas entre os caracóis, os cientistas podem rapidamente determinar a possibilidade de um caracol recentemente descoberto ser ou não hospedeiro para o *Schistosoma*. Os esforços de controle devem ser direcionados apenas àquelas espécies de caracol que podem transmitir o *Schistosoma* para os humanos e não para todos os caracóis da região.

Como os pesquisadores determinaram o relacionamento evolutivo entre os caracóis hospedeiros do *Schistosoma*? Como eles podem determinar o número de vezes que surgiu um gene que impede que o caracol seja hospedeiro do *Schistosoma*? Como esse conhecimento das rela-

ções evolutivas é usado para ajudar a resolver outras questões biológicas? Como as relações evolutivas expressas nos sistemas de classificação podem ajudar a guiar novos estudos dos organismos?

Neste capítulo discutimos a sistemática, a ciência que providencia as respostas a essas questões. Descrevemos os métodos que os sistemas utilizam para inferir as relações evolutivas entre os organismos. Depois ilustramos como o conhecimento das relações evolutivas é utilizado para resolver outros problemas biológicos. Finalmente, mostramos como as relações evolutivas são incorporadas nos sistemas de classificação.

Como as Árvores Filogenéticas São Reconstruídas?

Desde a sua origem, aproximadamente 4 bilhões de anos atrás, a vida tem evoluído sob a influência dos agentes evolutivos que descrevemos no Capítulo 21. A incrível riqueza do mundo biológico atual resultou de milhões de eventos de especiação determinados pelos processos que discutimos no Capítulo 22. Os biólogos têm desenvolvido métodos para traçar a história desses processos e entender os seus resultados.

Uma filogenia é a história da descendência de um grupo de organismos do seu ancestral comum. Nosso entendimento do processo de especiação nos diz que linhagens de organismos podem ser representadas com "árvores" ramificadas. Essas árvores filogenéticas mostram a ordem em que as espécies se separam. Uma árvore pode retratar a

Caracóis Asiáticos Podem Transmitir Esquistossomose.

Trabalhadores nas plantações de arroz da Ásia tropical possuem um alto risco de contrair esquistossomose. A doença é transmitida aos humanos pelos caracóis de água doce que vivem nas águas paradas dessas plantações.



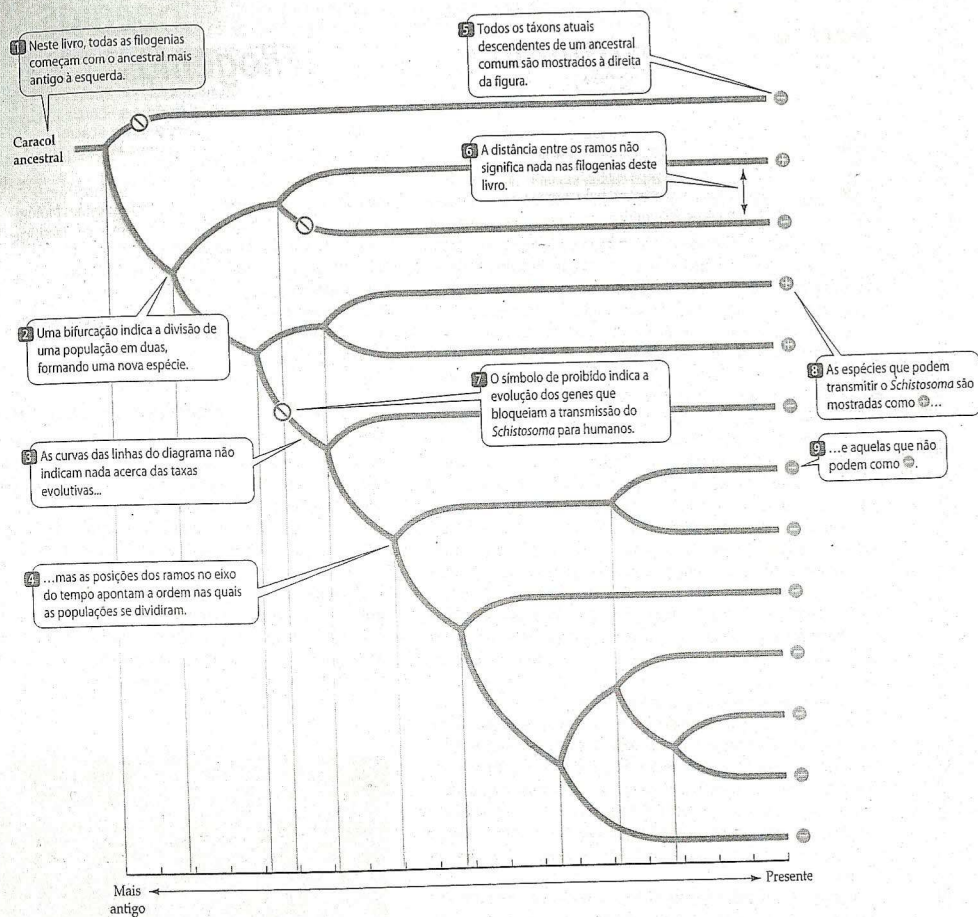


Figura 23.1 Como Ler Uma Árvore Filogenética. Uma árvore filogenética mostra a ordem na qual as linhagens se separaram. Esse exemplo mostra a filogenia dos caracóis *Oncomelania*, o hospedeiro intermediário do parasita humano *Schistosoma*.

evolução de toda a vida, de todas as grandes linhagens evolutivas ou de somente um pequeno grupo de organismos, tal como o gênero de caracóis *Oncomelania* (Figura 23.1). Nas árvores filogenéticas neste livro, o tempo flui da esquerda (mais antigo) para a direita (mais recente). É também uma prática muito comum desenhar as árvores com os tempos mais antigos embaixo.

A determinação das relações filogenéticas entre organismos é intrinsecamente excitante. Estamos especialmente interessados na origem da nossa própria espécie, mas também nos importamos, por exemplo, com a origem das aves e dos mamíferos de ancestrais reptilia-

nos. Além disso, a informação filogenética nos ajuda a lidar com problemas práticos, tais como o controle da esquistossomose. Retornaremos aos usos de filogenias após descrevermos os métodos pelos quais os sistematas reconstróem árvores filogenéticas.

Os sistematas reconstróem árvores filogenéticas analisando as mudanças evolutivas nas características dos organismos. Árvores filogenéticas são semelhantes a árvores genealógicas, exceto que elas são usualmente construídas com o ancestral na base em vez de nos ramos. A base de uma filogenia representa o ponto no passado em que a linhagem consistia apenas do ancestral.

Charles Darwin descreveu evolução com *descendência com modificação*. Reconheceu que espécies estreitamente relacionadas – isto é, espécies que compartilham um ancestral comum recente – são provavelmente muito similares. Em outras palavras, elas devem compartilhar muitas características herdadas de um ancestral comum. Os sistematas

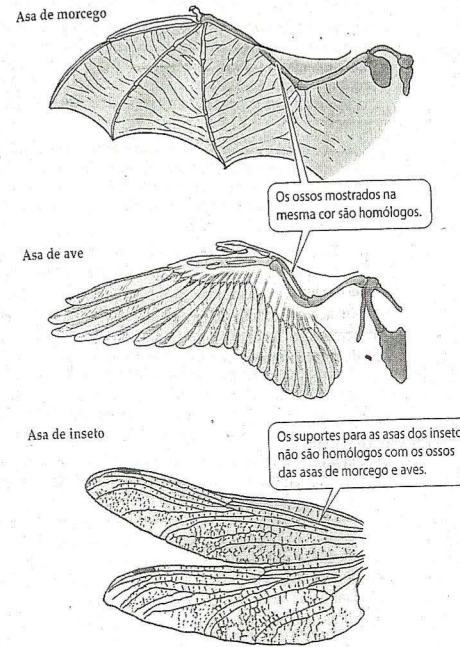


Figura 23.2 Os Ossos das Asas dos Morcegos e das Aves São Homólogos, mas as Asas em Si Não o São. As estruturas de suporte das asas dos morcegos e das aves são derivadas de um tetrápode ancestral comum (quatro membros) e são, portanto, homólogas. As asas em si, porém, evoluíram independentemente nos dois grupos.

esperam que características herdadas de um ancestral comum distante no passado sejam compartilhadas por um grande número de espécies. Características que apareceram em um ancestral mais recente devem ser compartilhadas por menos espécies. Mas, em todos os casos, o compartilhamento de características por um grupo de espécies indica que elas podem ser descendentes de um ancestral comum.

Duas características herdadas de uma característica ancestral comum são ditas **homólogas**; essas características podem ser estruturas anatómicas, padrões comportamentais, nucleotídeos na sequência de DNA ou qualquer outra característica herdável. Características que são compartilhadas pela maioria ou por todas as espécies de uma linhagem que está sendo estudada possivelmente foram herdadas relativamente intactas de um ancestral que viveu há muito tempo. Por exemplo, todos os vertebrados atuais têm uma coluna vertebral, e todos os fósseis de vertebrados conhecidos também têm coluna vertebral. A coluna vertebral, portanto, é considerada como homóloga em todos os vertebrados.

Uma característica que difere de sua forma ancestral é chamada de **característica derivada**. Para identificar como as características mudaram ao longo da evolução, os sistematas devem inferir o estado da característica em algum ancestral e então determinar como ela se modificou nos descendentes.

Fazer isso não é fácil porque os padrões evolutivos reais são complexos. Três processos geram dificuldades:

- ▶ Características que evoluíram independentemente mas que foram submetidas a pressões seletivas similares podem tornar-se superficialmente similares como resultado de **evolução convergente**. Por exemplo, embora os ossos das asas dos morcegos e das aves sejam homólogos, tendo sido herdados de um ancestral comum, as asas especificamente não são homólogas porque elas evoluíram independentemente em morcegos e em aves dos membros anteriores de um ancestral comum não-voador (Figura 23.2).
- ▶ Processos de desenvolvimento semelhantes podem resultar na **evolução paralela** de características similares em organismos distantemente relacionados (Figura 23.3).
- ▶ Ao longo do tempo, podem aparecer **reversões evolutivas**, isto é, um caráter pode reverter de um estado derivado de volta a um estado ancestral. Por exemplo, muitos sapos não possuem dentes na sua mandíbula inferior, mas os ancestrais dos sapos possuíam esses dentes. O gênero de sapos *Amphiguathodon* "recriou" os dentes da sua mandíbula inferior.

Juntos, esses processos geram características **homoplásticas**; isto é, características que são similares por alguma razão que não a de terem sido herdadas de um ancestral comum.

Dependendo do tamanho da linhagem que estamos estudando, uma determinada característica pode ser ancestral ou derivada. Por exemplo, ratos e camundongos (ambos roedores), mas não cachorros ou outros mamíferos, têm dentes incisivos longos e de crescimento contínuo. Dentes incisivos de crescimento contínuo evidentemente se originaram no ancestral comum de ratos e camundongos depois de a sua linhagem se separar daquela que deu origem aos cachorros e outros mamíferos porque nenhum outro mamífero possui esse tipo de dente incisivo. Assim, se tivermos construindo uma filogenia de um grupo de roedores, dentes incisivos de crescimento contínuo serão uma característica ancestral porque todos os roedores os têm. Entretanto, se estivermos construindo uma filogenia de todos os mamíferos, incisivos de crescimento contínuo seriam uma característica derivada.

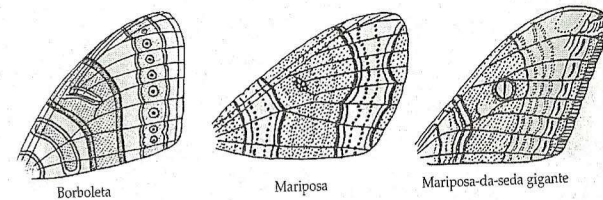


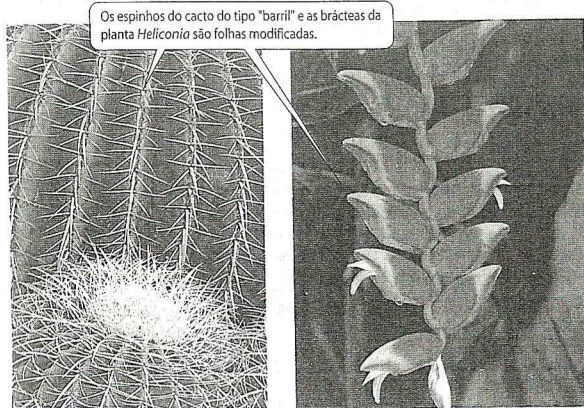
Figura 23.3 Evolução Paralela nas Bandas das Asas de Borboletas. As bandas nas asas dessas borboletas e mariposas distantemente relacionadas possuem um padrão. A semelhança nos padrões é consequência de processos de desenvolvimento de asas semelhantes nas três espécies.

O primeiro passo na reconstrução de uma filogenia é selecionar o grupo de organismos cuja filogenia se quer determinar. Vamos nos referir a esses organismos como o *grupo focal*. O próximo passo é escolher as características que serão usadas na análise e identificar as possíveis formas (caracteres) dessas características. Lembre-se do Capítulo 10 que os caracteres são características tais como a cor da flor; uma *característica* é uma forma particular dos caracteres, tal como flor branca. Uma característica pode ser a presença ou a ausência de caracteres, ou os caracteres podem existir em mais de uma forma. O próximo passo, usualmente o mais difícil, é determinar as características ancestral e derivada. Finalmente, os sistematistas devem distinguir entre características homólogas e homoplásticas.

Identificando características ancestrais

Distinguir características ancestrais de características derivadas pode ser difícil porque as características algumas vezes tornam-se tão diferentes que os estados ancestrais são irreconhecíveis. Por exemplo, as folhas das plantas divergiram para formar muitos tipos de estruturas. Várias linhas de evidência, em especial detalhes da sua estrutura e desenvolvimento, indicam que espinhos de defesa, gavinhas e estruturas vivamente coloridas que atraem polinizadores (Figura 23.4) são folhas modificadas; elas são *homólogas* umas das outras embora não tenham grande semelhança.

Um modo de distinguir características ancestrais de características derivadas é assumir que uma característica ancestral deve ser encontrada não apenas entre as espécies do grupo focal, mas também nos grupos externos. Um grupo externo é uma linhagem que é estreitamente relacionada ao grupo focal, mas que derivou do grupo focal abaixo (antes) da sua base na árvore evolutiva. Características encontradas apenas no grupo focal, por outro lado, são possivelmente derivadas. Espécies que têm um ancestral comum recente devem compartilhar



Cheiridopsis tuberculata

Heliconia sp.

Figura 23.4 Estruturas Homólogas Derivadas de Folhas. As folhas das plantas divergiram durante a sua evolução para formar estruturas diferentes, algumas das quais possuem pouca semelhança entre si. As brácteas da *Heliconia* suportam as folhas e atraem os polinizadores.

poucas características homoplásticas, porque houve pouco tempo disponível para a evolução convergente produzi-las.

Quanto mais características são estudadas, maior a probabilidade de os dados suportarem um único padrão evolutivo e mais facilmente os biólogos podem distinguir entre homoplasias e homologias. Algumas das características propostas inicialmente como homologias acabaram tornando-se homoplasias, mas a melhor maneira de determinar a verdadeira condição das características compartilhadas é assumir que elas são homólogos até evidências adicionais sugerirem o contrário.



Reconstruindo uma filogenia simples

Para ver como uma filogenia é construída, considere oito animais vertebrados – peixe-bruxa, perca, pombo, chimpanzé, salamandra, lagarto, camundongo e crocodilo. Assumiremos inicialmente que cada característica derivada apareceu uma única vez durante a evolução desses animais e que nenhuma característica derivada foi perdida por qualquer dos grupos descendentes. Por simplicidade, selecionamos características que são apenas presentes (+) ou ausentes (-). As características que iremos considerar estão listadas na Tabela 23.1.

Como ficará evidente no Capítulo 33, o peixe-bruxa é considerado como mais distantemente relacionado aos outros vertebrados do que os outros vertebrados são relacionados entre si. Portanto, escolhemos o peixe-bruxa como o grupo externo para a nossa análise. Características derivadas são aquelas que foram adquiridas pelos outros membros da linhagem desde a sua separação dos peixes-bruxa.

Começamos notando que o chimpanzé e o camundongo compartilham duas características únicas, glândulas mamárias e pêlos. Essas características estão ausentes no grupo externo e nas outras espécies cujo relacionamento estamos tentando determinar. Portanto, inferimos que glândulas mamárias e pêlos são características derivadas que evoluíram em um ancestral comum dos chimpanzés e camundongos após essa linhagem se separar daquelas que deram origem aos outros vertebrados. Em outras palavras, provisoriamente assumimos que glândulas mamárias e pêlos evoluíram uma única vez entre os animais que estamos classificando.

O pombo tem uma característica única: penas. Como antes, provisoriamente assumimos que as penas evoluíram uma única vez, após a linhagem que originou as aves ter se separado daquelas que levaram ao camundongo, ao chimpanzé e ao crocodilo. Pelo mesmo raciocínio, assumimos que corações com quatro câmaras evoluíram uma única vez, após a linhagem que originou os crocodilos, aves e mamíferos separar-se daquela que originou os lagartos. Assumimos que garras ou unhas evoluíram uma única vez, após a linhagem que originou as salamandras separar-se daquela que originou os animais que têm garras ou unhas. Fazemos as mesmas suposições para pulmões e mandíbulas, continuando a minimizar o número de eventos evolutivos necessários para produzir os padrões de características compartilhadas entre esses oito animais.

Usando essas informações podemos construir uma filogenia provisória. O grupo com nenhuma característica derivada, o do peixe-bruxa, é o grupo externo, e assumimos que os animais que compartilham características

Tabela 23.1 Oito vertebrados ordenados de acordo com o compartilhamento de caracteres únicos derivados

TAXON	CARACTERÍSTICAS DERIVADAS*						
	MANDÍBULAS	PULMÕES	GARRA OU UNHA	PENAS	PÊLOS	GLÂNDULAS MAMÁRIAS	CORAÇÃO COM QUATRO CÂMARAS
Lampréia (grupo externo)	-	-	-	-	-	-	-
Perca	+	-	-	-	-	-	-
Salamandra	+	+	-	-	-	-	-
Lagarto	+	+	+	-	-	-	-
Crocodilo	+	+	+	-	-	-	+
Pombo	+	+	+	+	-	-	+
Camundongo	+	+	+	-	+	+	+
Chimpanzé	+	+	+	-	+	+	+

* O sinal "mais" (+) indica que a característica está presente; o sinal "menos" (-) indica que é ausente.

derivadas únicas têm um ancestral comum não-compartilhado com os animais que não possuem essas características. Assumimos, por exemplo, que camundongos e chimpanzés, os únicos dois animais que compartilham pêlos e glândulas mamárias, compartilham um ancestral comum mais recente entre eles do que com as aves e crocodilos. Se fosse de outra maneira, teríamos que considerar que o ancestral das aves e dos crocodilos também tinha pêlos e glândulas mamárias, mas que essas características foram posteriormente perdidas – uma suposição adicional desnecessária.

Uma filogenia para esses oito vertebrados, baseada nas características que usamos e na suposição de que cada característica derivada evoluiu uma única vez, é mostrada na Figura 23.5. Note que a filogenia não descreve os ancestrais nem coloca uma data nas ramificações entre as linhagens. Ela mostra apenas a ordem sequencial das ramificações: as mais antigas estão na esquerda e as mais recentes na direita. Note também que o eixo y não tem escala. Nessa e nas outras filogenias desse livro, a distância vertical entre os grupos não está relacionada com o grau de semelhança ou diferença entre eles.

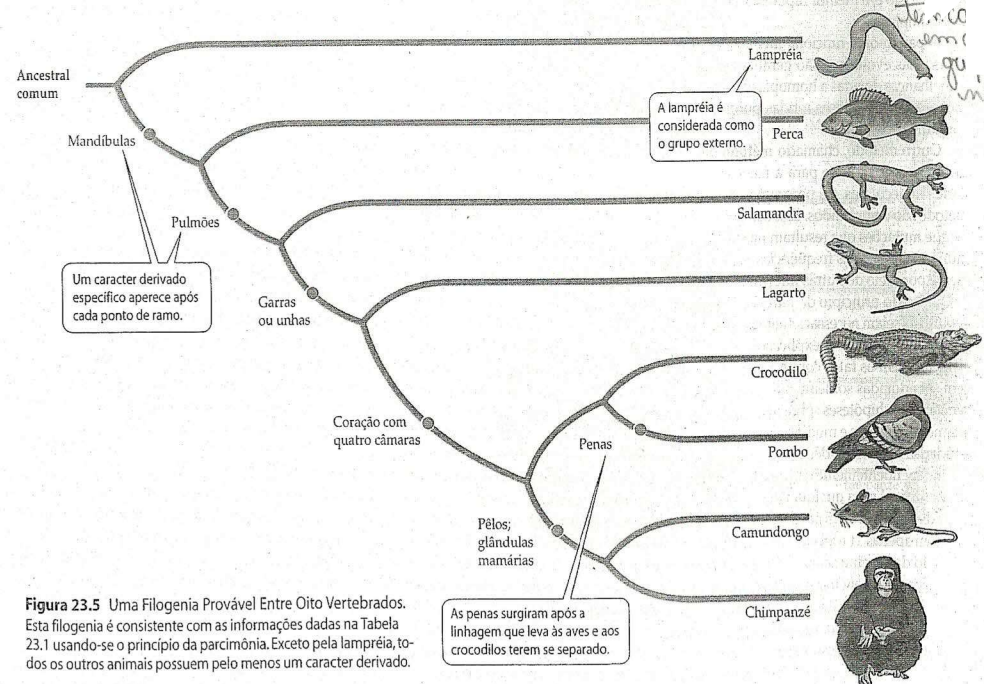


Figura 23.5 Uma Filogenia Provável Entre Oito Vertebrados. Esta filogenia é consistente com as informações dadas na Tabela 23.1 usando-se o princípio da parcimônia. Exceto pela lampréia, todos os outros animais possuem pelo menos um caracter derivado.

As filogenias desses oito vertebrados foi fácil de construir porque as características que escolhemos preencheram as suposições de que características derivadas aparecem uma única vez na linhagem e de que não são nunca perdidas após o seu aparecimento. Entretanto, se tivéssemos incluído uma cobra no grupo, nossa segunda suposição teria sido violada, porque os ancestrais semelhantes a lagartos das cobras tinham membros, os quais foram posteriormente perdidos, junto com as suas garras. Precisaríamos de características adicionais para determinar que a linhagem que deu origem às cobras separou-se daquela que deu origem aos lagartos muito após a linhagem que deu origem aos lagartos ter-se separado das outras. De fato, a análise de muitas características mostra que as cobras evoluíram de lagartos subterrâneos que perderam os seus membros durante o longo período de existência subterrânea.

Muitas características devem ser analisadas para reconstruir-se uma filogenia, e os sistematas usam vários métodos para combinar informações de diferentes características. O método simples que usamos no nosso exemplo dos vertebrados não funciona na maioria dos casos porque sabemos dos fósseis e de outras evidências que as características podem mudar mais de uma vez ou mesmo reverter. Como os sistematas lidam com essas complicações quando reconstruem filogenias?

O método mais usado para reconstruir árvores filogenéticas utiliza o princípio da parcimônia. Na sua forma mais geral, o princípio da parcimônia diz que devemos preferir a hipótese mais simples capaz de explicar os fatos conhecidos. Sua aplicação na reconstrução de filogenias significa minimizar o número de mudanças evolutivas que devem ser assumidas em relação a todos os caracteres em todos os grupos da árvore – isto é, a melhor hipótese é aquela que requer o menor número de homoplasias.

A parcimônia funciona melhor para características morfológicas, cujas taxas evolutivas são geralmente baixas o suficiente para que as semelhanças devidas a homoplasias sejam incomuns em relação ao número de características retidas porque são herdadas de um ancestral comum.

Outro método, chamado método da máxima verossimilhança, é usado principalmente para a reconstrução de filogenias baseada em dados moleculares. Os programas de computador empregados nesse método são complicados. Eles são desenvolvidos para lidar com o fato de que mutações que resultam na substituição de nucleotídeos são comuns, mas que suas frequências podem ser estimadas independentemente por meio de outras informações genéticas (Capítulo 24).

O uso do princípio da parcimônia é útil não porque as mudanças evolutivas sejam necessariamente parcimoniosas, mas porque é em geral mais sábio não usar explicações complexas quando as mais simples explicam bem os fatos conhecidos. Explicações mais complicadas devem ser adotadas somente quando os fatos as requerem. Árvores filogenéticas são hipóteses sobre relacionamentos evolutivos que são repetidamente testadas e modificadas quando características adicionais são estudadas e novas evidências fósseis tornam-se disponíveis.

Independentemente do método empregado, determinar a filogenia mais provável para qualquer grupo de organismos é difícil. Por exemplo, existem 34.459.425 árvores filogenéticas possíveis para uma linhagem com apenas 11 espécies. Programas de computador que utilizam o princípio da parcimônia empregam várias rotinas de busca que calculam a árvore filogenética mais curta possível – isto é, com menos homoplasia – em um dado conjunto de dados e então comparam outras filogenias possíveis com a mais curta. Se, como muitas vezes é o caso, várias árvores são aproximadamente do mesmo tamanho, elas podem ser

juntadas em uma árvore de consenso que retém apenas aquelas ramificações achadas em todas as árvores mais parcimoniosas. Em uma árvore de consenso, grupos cujo relacionamento difere entre as árvores formam nós com mais de dois ramos. Esses nós são considerados “não resolvidos” porque durante a especiação uma linhagem tipicamente se separa em somente duas espécies-filhas.

Características Usadas na Reconstrução de Filogenias

Como os organismos diferem em muitas maneiras, os sistematas usam muitas características para reconstruir filogenias. Algumas dessas características são facilmente preservadas em fósseis; outras, tais como comportamento e estrutura molecular, raramente sobrevivem aos processos de fossilização. Os sistematas levam em consideração características comportamentais e moleculares tanto quanto características estruturais em organismos vivos e fósseis. Quanto mais características forem utilizadas, mais as filogenias inferidas devem convergir entre si e com o padrão evolutivo verdadeiro.

Morfologia e desenvolvimento

Uma importante fonte de informação para os sistematas é a morfologia – isto é, o tamanho e as formas das partes do corpo. Os organismos vivos têm sido estudados por séculos, por isso temos uma grande riqueza de dados morfológicos, bem como extensas coleções de organismos em museus e herbários de onde podem ser obtidas características. Métodos sofisticados estão agora disponíveis para o estudo e a análise da morfologia e para estimar a quantidade de variação morfológica entre indivíduos, populações e espécies.

O registro fóssil, que revela quando as linhagens divergiram e começaram a sua história evolutiva independente, pode nos contar as idades dos eventos evolutivos. Os fósseis nos fornecem evidências importantes que ajudam a distinguir características ancestrais de derivadas. Fornecem a única informação disponível sobre onde e quando os organismos viveram no passado e como eles eram. Quando disponível, essa informação é muito valiosa, mas muitas vezes poucos ou nenhum fóssil foi encontrado do grupo cuja filogenia desejamos determinar.

Os estágios iniciais do desenvolvimento de muitos organismos revelam semelhanças com outros organismos que são perdidos na maturidade. Por exemplo, as larvas dos animais marinhos chamados ascídeos têm um bastão nas costas – a *notocorda* – que desaparece durante o seu desenvolvimento para a forma adulta. Muitos outros animais – todos os chamados *vertebrados* – também têm essa estrutura durante algum tempo do seu desenvolvimento. Essa estrutura compartilhada é uma das razões por que se acredita que as ascídeos sejam mais estritamente relacionadas aos vertebrados do que se suspeitaria simplesmente pelo exame dos adultos (Figura 23.6).

Características moleculares

De modo semelhante aos tamanhos e às formas de suas partes corporais, as moléculas que constituem um indivíduo são características herdáveis que podem divergir entre linhagens durante o tempo evolutivo. A evolução molecular será discutida em detalhes no Capítulo 24. As características moleculares mais úteis para se construir filogenias são as estruturas das proteínas e dos ácidos nucleicos (DNA e RNA).

ESTRUTURA PROTÉICA. Informações relativamente precisas sobre a filogenia podem ser obtidas pela comparação da estrutura molecular das proteínas. Podemos estimar as diferenças genéticas entre duas linha-

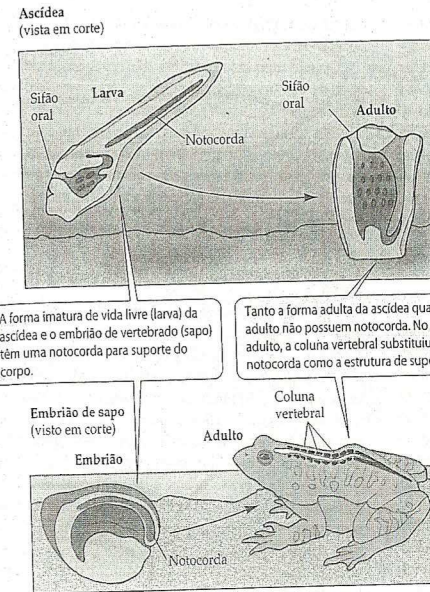


Figura 23.6 A Larva Revela o Relacionamento Evolutivo. A larva da ascídea, mas não o adulto, tem uma notocorda bem-desenvolvida que revela o seu parentesco com os vertebrados, os quais possuem uma notocorda em algum momento do seu ciclo de vida.

tilha com o gorila (Figura 23.7), uma conclusão que tem suporte em outros tipos de dados moleculares.

As Árvores Filogenéticas Têm Muitos Usos

As árvores filogenéticas contêm informações úteis na investigação científica em uma grande variedade de questões biológicas. Aqui ilustraremos como as árvores filogenéticas estão sendo usadas para determinar quantas vezes uma determinada característica surgiu durante a evolução e para estimar quando as linhagens teriam divergido.

gens obtendo proteínas homólogas de ambas e determinando o número de aminoácidos que mudaram desde que as linhagens divergiram de um ancestral comum.

SEQÜÊNCIAS DE BASES DO DNA. As seqüências das bases do DNA fornecem uma excelente evidência do relacionamento evolutivo entre os organismos. As células dos eucariotos têm genes nas suas mitocôndrias e no seu núcleo; células vegetais também têm genes no seus cloroplastos. O genoma do cloroplasto (cpDNA), que é usado extensivamente nos estudos filogenéticos das plantas, mudou pouco ao longo da evolução. O DNA mitocondrial (mtDNA), que evoluiu muito mais rapidamente que o cpDNA, tem sido muito utilizado em estudos evolutivos em animais.

O relacionamento evolutivo entre os grandes macacos e humanos tem sido investigado por seqüenciamento de mais de 10 mil pares de bases de um segmento de DNA nuclear que inclui um pseudogene da hemoglobina (uma seqüência de DNA não-funcional derivada no início da evolução dos primatas pela duplicação de um gene da hemoglobina). O grupo externo na análise foi o gênero *Ateles* dos macacos-aranha do Novo Mundo. Os dados de DNA indicam fortemente que os chimpanzés e os humanos têm um ancestral comum mais recente um com o outro do que qualquer um deles compar-

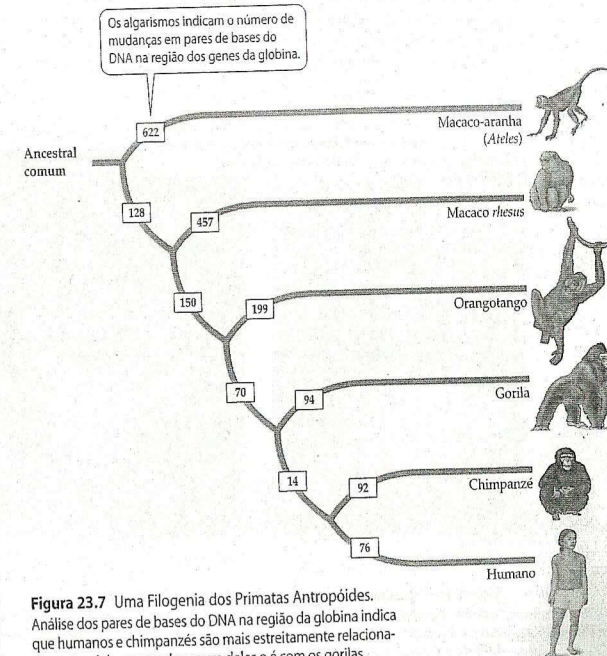


Figura 23.7 Uma Filogenia dos Primatas Antropóides. Análise dos pares de bases do DNA na região da globina indica que humanos e chimpanzés são mais estreitamente relacionados entre si do que qualquer um deles o é com os gorilas.

Quantas vezes uma característica evoluiu?

A maioria das plantas com flor se reproduz por cruzamento com outro indivíduo ou por *autocruzamento* e possui mecanismos para impedir a autofertilização. Muitas espécies, entretanto, podem se autofertilizar com o seu próprio pólen – elas são autocompatíveis. Como podemos determinar quantas vezes a autocompatibilidade surgiu em uma linhagem? Podemos fazer essa estimativa mapeando em uma árvore filogenética quais espécies têm autocruzamento e quais possuem endocruzamento.

A evolução dos métodos de fertilização foi examinada no *Linanthus* (um gênero da família do flox), uma linhagem de plantas com uma diversidade de sistemas de cruzamento e mecanismos de polinização. As espécies de *Linanthus* com cruzamento cruzado (auto-incompatibilidade) têm flores com tubos longos e são polinizadas por moscas de língua comprida. As espécies com autofertilização (autocompatibilidade) têm flores com tubos curtos.

Os investigadores reconstruíram uma filogenia para 12 espécies em uma seção do gênero usando a região do espaçador-interno-transcrito do gene do RNA ribossomal nuclear (Figura 23.8). Essa região é conhecida por ser útil para a reconstrução de filogenias em nível de espécie em outros grupos de plantas e já foi utilizada para a construção da filogenia do flox. Os investigadores determinaram se cada espécie era auto-incompatível por meio da polinização artificial das flores com seu pólen próprio ou de outra espécie e observando os resultados.

Várias linhas de evidência sugerem que a auto-incompatibilidade é o estado ancestral em *Linanthus*. Primeira, origens múltiplas da auto-incompatibilidade não são conhecidas em outras famílias de plantas com flor. Segunda, os sistemas de auto-incompatibilidade envolvem mecanismos fisiológicos tanto no pólen quanto no estigma e requerem a presença de ao menos três alelos distintos. Portanto, a mudança de auto-incompatibilidade para autocompatibilidade é mais fácil do que a mudança reversa. Terceira, em todas as espécies auto-incompatíveis de *Linanthus*, o ponto para a rejeição do pólen é o estigma, embora os locais de rejeição do pólen variem muito entre os outros grupos de plantas.

Assumindo que a auto-incompatibilidade seja o estado ancestral, a filogenia sugere que ela evoluiu três vezes na linhagem da *Linanthus* (Figura 23.8). A mudança para a autocompatibilidade foi acompanhada pela evolução de tamanho reduzido da flor. Interessantemente, a notável semelhança na forma da flor entre os grupos de espécies autocompatíveis levou-os a serem classificados como membros de uma mesma espécie. A análise filogenética mostrou que são membros de três linhagens distintas!

Quando as linhagens se separaram?

Como os fósseis podem nos ajudar a determinar caminhos evolutivos é ilustrado pelos estudos dos peixes pulmonados. A árvore filogenética dos três gêneros atuais dos peixes pulmonados, os quais ocorrem apenas em água doce (Figura 23.9), indica que o *Protopterus* africano e o *Lepidosiren* sul-americano (ambos da família Lepidosirenidae) têm um ancestral comum mais recente que cada um deles com o *Neoceratodus* australiano (família Ceratodontidae). Fósseis de cada um dos gêneros são conhecidos apenas dos continentes que eles habitam atualmente. Por si só, essa informação sugere que os três gêneros foram isolados

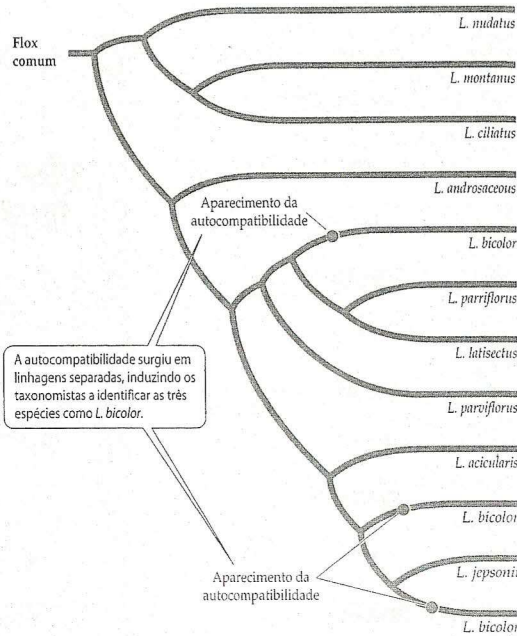


Figura 23.8 Filogenia de uma Seção do Gênero *Linanthus*.

A autocompatibilidade aparentemente surgiu três vezes nessa linhagem. A forma das flores convergiu nas linhagens autocompatíveis, por isso os taxonomistas erroneamente pensaram que todas eram membros de uma única espécie.

pela separação da Gondwana (Capítulo 20). Entretanto, fósseis de outros membros da família Ceratodontidae foram achados em todos os continentes exceto na América do Sul e na Antártida, e fósseis de Lepidosirenidae têm sido achados tanto na Europa quanto na América do Norte. Assim, os ancestrais de ambas as famílias estavam distribuídos por quase toda a Pangea. A combinação da árvore filogenética e da evidência fóssil informa que a sua divergência ocorreu muito antes da separação da Gondwana.

Por que Classificar os Organismos?

Os sistemas de classificação são importantes por várias razões. Eles aumentam a nossa habilidade de explicar o relacionamento entre as coisas. São também uma ajuda à memória. É impossível lembrar a característica de muitas coisas diferentes a não ser que possamos agrupá-las em categorias baseadas em características compartilhadas. São também úteis como prognóstico. Por exemplo, a descoberta dos precursores bioquímicos da droga cortisona em certas espécies de inhame (gênero *Dioscorea*) estimulou uma busca de sucesso de altas concentrações da droga em outras espécies de *Dioscorea*. E, como vimos no início deste

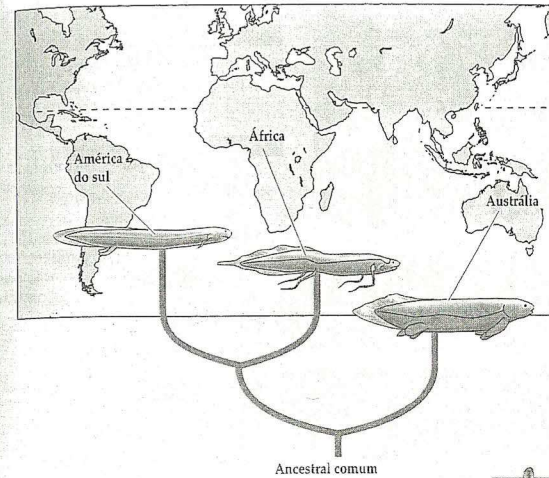


Figura 23.9 Rotas Evolutivas nas Espécies de Peixes Pulmonados. Nesta filogenia, o ancestral está na parte inferior da figura.

capítulo, a filogenia dos caracóis *Oncomelania* está ajudando o planejamento de métodos de controle da esquistossomose.

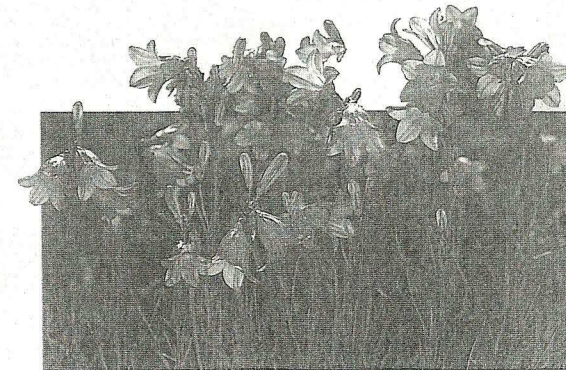
Os sistemas de classificação biológica fornecem nomes únicos para os organismos. Se os nomes mudam, o sistema fornece mecanismos para rastrear essas mudanças. Nomes comuns, quando existem (a maioria dos organismos não tem nenhum), não são confiáveis e muitas vezes são confusos. Por exemplo, plantas chamadas campainhas são encontradas na Inglaterra, na Escócia, no Texas e nas Montanhas Rochosas – mas nenhuma dessas campainhas em qualquer desses lugares é estreitamente relacionada evolutivamente às outras campainhas em qualquer dos outros lugares (Figura 23.10).

Reconhecer e interpretar as semelhanças e as diferenças entre organismos é mais fácil se os organismos são classificados em grupos ordenados e posicionados. Qualquer grupo de organismos que seja tratado como uma unidade em um sistema de classificação biológica é chamado de táxon (plural, táxons). A taxonomia é a teoria e a prática de classificar organismos.

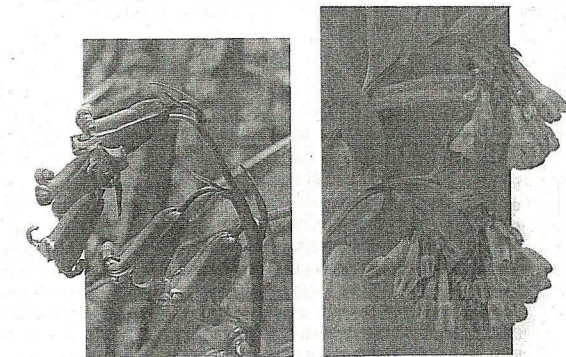
A Classificação Hierárquica das Espécies

O sistema de classificação biológica utilizado atualmente foi desenvolvido pelo biólogo sueco Carolus Linnaeus em 1758. O seu sistema de dois nomes, referido como *nomenclatura binominal*, substituiu as incômodas descrições que os biólogos usavam anteriormente. Por exemplo, a abelha doméstica, que recebeu o nome de *Apis pubescens*, *thorace subgriseo*, *abdomine fusco*, *pedibus posticis glabris utrinque margine ciliatis*, tornou-se apenas *Apis mellifera*. A nomenclatura binominal é hoje universalmente empregada na biologia. Usando esse sistema, os cientistas de todo o mundo referem-se aos mesmos organismos pelos mesmos nomes.

Linnaeus deu para cada espécie dois nomes, um identificando a própria espécie e outro o gênero ao qual ela pertence. Um gênero (plural gêneros; *forma adjectiva, genérico*) é um grupo de espécies estreitamente relacionadas. Em muitos casos, o nome do taxonomista que primeiro propôs o nome da espécie é adicionado ao final. Assim, *Homo sapiens* Linnaeus é o nome da espécie humana atual. *Homo* é o gênero ao qual a espécie pertence, *sapiens* é a espécie e Linnaeus identifica quem propôs o nome *sapiens* para a espécie. Você pode pensar no nome genérico *Homo* como equivalente ao seu sobrenome e no nome específico *sapiens* como equivalente ao seu primeiro nome. O nome do gênero sempre começa em maiúscula enquanto o da espécie nunca. Ambos os nomes dever estar em itálico, enquanto o nome comum não.



(a) *Campanula* sp.



(b) *Endymion nonscriptus*

(c) *Mertensia virginica*

Figura 23.10 Muitas Plantas São Chamadas Campainha.

(a) Estas flores das planícies do estado americano de Dakota do Norte são frequentemente chamadas de campainha. (b) Esta campainha da Inglaterra é membro da família dos lírios. (c) Estas são conhecidas como campainha da Virgínia. Nenhuma dessas plantas é estritamente relacionada com as outras.

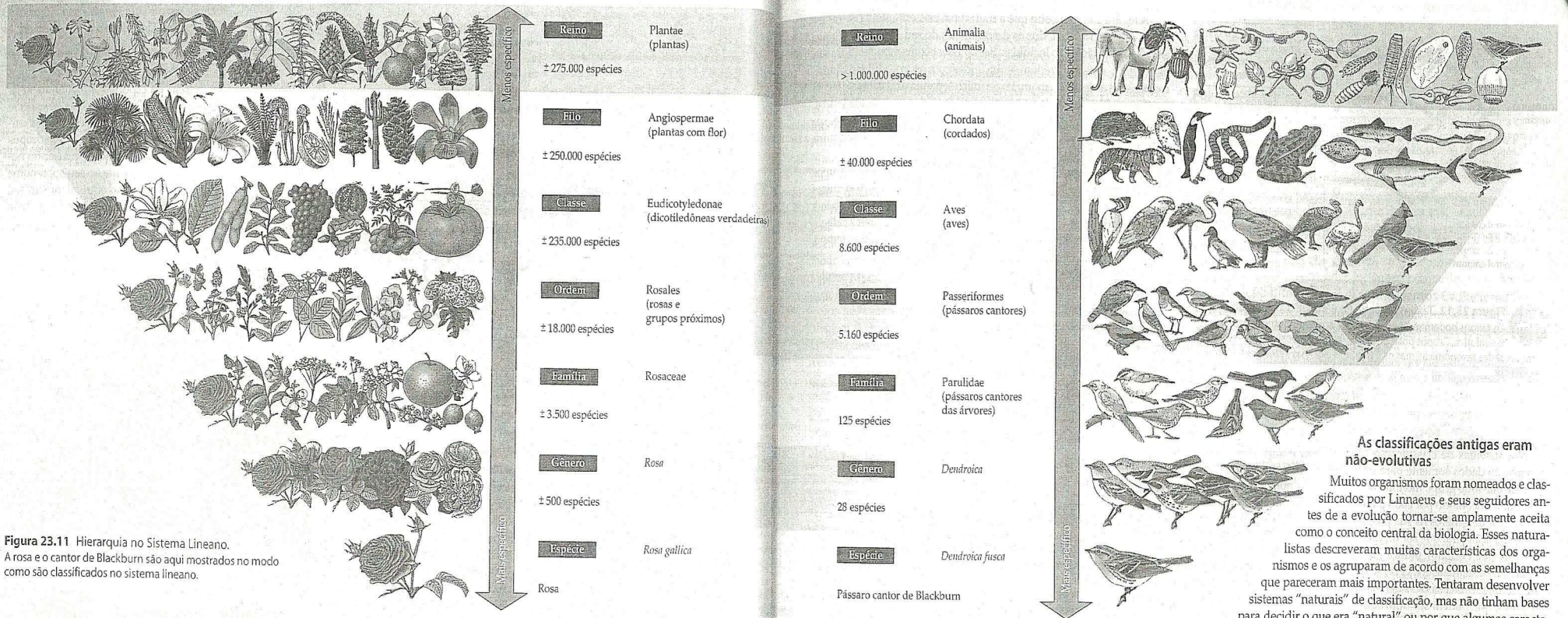


Figura 23.11 Hierarquia no Sistema Lineano. A rosa e o cantor de Blackburn são aqui mostrados no modo como são classificados no sistema lineano.

As classificações antigas eram não-evolutivas

Muitos organismos foram nomeados e classificados por Linnaeus e seus seguidores antes de a evolução tornar-se amplamente aceita como o conceito central da biologia. Esses naturalistas descreveram muitas características dos organismos e os agruparam de acordo com as semelhanças que pareciam mais importantes. Tentaram desenvolver sistemas "naturais" de classificação, mas não tinham bases para decidir o que era "natural" ou por que algumas características dos organismos eram mais importantes do que outras.

As classificações atuais refletem as relações evolutivas

A maioria dos taxonomistas hoje acredita que os sistemas de classificação devem refletir o relacionamento evolutivo dos organismos - isto é, que os grupos taxonômicos devem ser monofiléticos. Um grupo monofilético (também chamado de um clado) contém todos os descendentes de um ancestral comum e nenhum outro organismo. Em outras palavras, um grupo monofilético é um grupo que pode ser removido de uma árvore evolutiva por um simples "corte" na árvore. Um táxon consistindo de membros que não compartilham o mesmo ancestral é polifilético. Um grupo que contém pelo menos alguns descendentes de um ancestral particular é dito parafilético (Figura 23.12).

Os taxonomistas concordam que grupos polifiléticos não são apropriados como unidades taxonômicas. As classificações usadas hoje ainda contém muitos grupos polifiléticos porque muitos organismos ainda não foram estudados o suficiente para se distinguir entre homologies e homoplasias. Entretanto, tão logo se detectem homoplasias, os sistematas mudam as suas classificações para eliminar táxons polifiléticos. Assim, as três linhagens dos *Linanthus* autocompatíveis mostradas na Figura 23.8 são agora tratadas como espécies distintas.

Quando nos referimos a mais de uma espécie em um gênero sem nomear cada uma, usamos a abreviação "spp." após o nome genérico (por exemplo, "*Drosophila* spp." significa mais de uma espécie no gênero *Drosophila*). A abreviação "sp." é usada após o nome genérico se a identidade da espécie é incerta. Em vez de repetir o nome genérico quando ele é usado várias vezes em uma mesma discussão, os biólogos geralmente o solettram uma primeira vez e o abreviam para a letra inicial após (por exemplo, *E. coli* é a forma abreviada de *Escherichia coli*).

No sistema lineano, as espécies e os gêneros são agrupados em categorias taxonômicas superiores. A categoria (táxon) acima do gênero no sistema lineano é a família. Os nomes das famílias de animais terminam com o sufixo "-idae". Assim, Formicidae é a família que contém todas as espécies de formigas, e a família Hominidae contém os humanos, uns poucos de nossos ancestrais fósseis e os chimpanzés e gorilas. Os nomes das famílias são baseados em um nome de um gênero membro da mesma. Formicidae é baseado em *Formica* e Hominidae é baseado em *Homo*. A classificação em plantas segue os mesmos procedimentos, exceto que o sufixo "-aceae" é usado com o nome da família em vez

do "-idae". Assim, Rosaceae é a família que inclui o gênero das rosas (*Rosa*) e parentes próximos.

As famílias, por sua vez, são agrupadas em ordens e as ordens em classes. As classes são agrupadas em filos (singular, filo), e os filos em reinos. As unidades desse sistema de classificação, aplicadas a uma espécie animal, o pássaro cantor de Blackburn (*Dendroica fusca*), e a uma espécie de planta, a rosa (*Rosa gallica*), estão mostradas na Figura 23.11.

Deve ser óbvio nessa discussão que embora a categoria de espécie tenha um significado real e possa ser definida de modo razoavelmente rigoroso, categorias taxonômicas superiores são apenas construções mentais. Elas nos ajudam a entender a diversidade da vida e sua evolução, mas têm um significado somente relativo. Uma família é sempre menos inclusiva que uma ordem, mas mais inclusiva que um gênero. Entretanto, não há critérios rigorosos por meio dos quais podemos decidir se a uma linhagem particular deve ser atribuída a categoria de família ou gênero. Portanto, uma família de aves pode ter um ancestral comum mais recente que uma família de plantas ou vice-versa.

Classificação Biológica e Relacionamentos Evolucionários

Os sistemas de classificação biológica devem expressar o relacionamento entre os organismos. O tipo de relacionamento que desejamos expressar influencia quais características utilizamos para classificar os organismos. Se, por exemplo, estivermos interessados em um sistema que ajude a decidir quais plantas e animais são desejáveis como comida, podemos planejar um sistema de classificação baseado no sabor, na facilidade de captura e no tipo de partes comestíveis que cada organismo possui. A classificação hindu antiga das plantas foi desenvolvida de acordo com esse critério. Os biólogos não utilizam tais sistemas hoje, mas eles serviram às necessidades das pessoas que os desenvolveram.

Os sistemas de classificação devem ser julgados somente nos termos da sua utilidade e consistência com seus objetivos explícitos. Para avaliar qualquer sistema de classificação devemos primeiro perguntar: Qual tipo de relacionamento ele está tentando expressar? Com que qualidade ele está expressando aquele tipo de relacionamento?

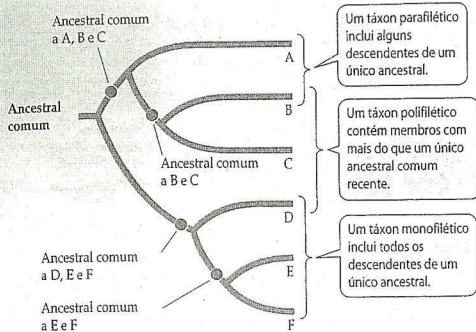


Figura 23.12 Táxons Monofiléticos, Polifiléticos e Parafiléticos. Os táxons podem ser classificados de acordo com seu relacionamento evolutivo. Grupos polifiléticos são considerados não-adequados como unidades taxonômicas, mas os sistematas algumas vezes usam táxons parafiléticos.

Nos sistemas de classificação filogenéticos, nomes taxonômicos formais são dados somente para grupos monofiléticos. Mas isso não significa que todo grupo monofilético deve ter um nome. Por exemplo, seria muito incômodo pôr cada par de espécies no seu próprio gênero ou todo par de gêneros na sua própria família. Além disso, tal sistema de classificação teria que ser mudado toda vez que uma nova espécie fosse descrita. Portanto, muitos grupos monofiléticos não têm nomes formais. Os sistematas em geral só dão nome a grupos associados devido a muitas características derivadas ou à presença de caracteres importantes, que podem ser utilizados para identificar membros desse grupo. Essa prática informal dá estabilidade ao sistema de classificação e ajuda na identificação de organismos e suas características.

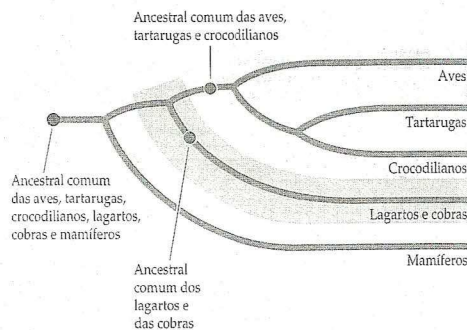
Embora a maioria dos sistematas seja a favor de classificações filogenéticas, alguns acreditam que os sistemas de classificação devem refletir também o grau de diferenciação entre os organismos, não somente a sua genealogia evolutiva. De acordo com essa visão, devemos manter os nomes de grupos parafiléticos que tenham sofrido diversificações e mudanças evolutivas rápidas. A perspectiva desses taxonomistas pode ser ilustrada pelas aves, crocodilos e seus parentes.

Sabemos agora, tanto devido aos fósseis quanto às evidências anatômicas, que aves, tartarugas e crocodilianos (um grupo que inclui crocodilos e jacarés) compartilham um ancestral mais recente que crocodilianos e tartarugas compartilham com cobras e lagartos (Figura 23.13a). Tradicionalmente crocodilianos eram agrupados com cobras, lagartos e tartarugas na classe Reptilia. Aves eram colocadas em uma classe separada, Aves (Figura 23.13b). Essa classificação surgiu porque, desde o tempo em que essas duas linhagens se separaram, os crocodilianos evoluíram mais lentamente do que as aves. Como resultado, os crocodilianos são mais semelhantes, em muitas características, a cobras e lagartos do que eles são semelhantes às aves. Eles parecem grandes lagartos.

A Figura 23.13b mostra que a tradicional classe Reptilia é parafilética porque não inclui todos os descendentes do seu ancestral comum, isto é, as aves não estão incluídas. Se somente táxons monofiléticos são permitidos, as aves deveriam ser incluídas com os crocodilianos, tartarugas e seus ancestrais em um táxon único separado das cobras e lagartos (Figura 23.13c). Manter as aves como uma classe separada (isto é, manter os répteis como um grupo parafilético) enfatiza que as aves sofreram evolução rápida desde que se separaram dos répteis e adquiriram grandes e únicas características derivadas.

A tendência atual é mudar as classificações para eliminar os grupos parafiléticos, mas algumas das mais familiares categorias taxonômicas – gimnospermas e répteis, por exemplo – são parafiléticas. Devido à sua familiaridade e à enorme literatura devotada a elas, essas categorias provavelmente continuarão a ser utilizadas por algum tempo, mesmo após uma mudança taxonômica formal.

(a) Os relacionamentos evolutivos



(b) A classificação tradicional



(c) Uma classificação filogenética

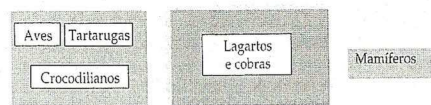


Figura 23.13 Filogenia e Classificação. Uma classificação filogenética baseada no seu relacionamento evolutivo classificaria crocodilianos e tartarugas juntos com as aves. A classificação tradicional une crocodilianos e tartarugas com lagartos e cobras no táxon parafilético Reptilia porque esses animais compartilham muitas características.

O Futuro da Sistemática

O desenvolvimento dos métodos moleculares e de poderosos computadores tem conduzido a uma nova era da taxonomia. Os computadores permitem que os sistematas analisem muitos caracteres e comparem muitas árvores filogenéticas possíveis. Muitas filogenias estão sendo construídas, e classificações estão sendo revisadas. Informações de muitas fontes continuam a ser utilizadas na construção de filogenias. No futuro, a amplitude de dados usados na classificação provavelmente aumentará, em vez de diminuir, porque métodos modernos na química, na bioquímica e na microscopia permitem aos sistematas atualmente utilizar muito mais características do que no passado.

Muitas vezes as filogenias são construídas como parte dos esforços para determinar o relacionamento evolutivo entre os organismos. Além disso, como vimos há pouco, filogenias estão sendo utilizadas de modo crescente para responder a muitos outros tipos de questões biológicas. Muitas hipóteses biológicas são hipóteses filogenéticas. Qualquer hipótese sugerindo uma associação entre uma característica e um grupo de organismos é uma afirmação sobre quando, durante uma linhagem, a característica primeiro apareceu e sobre o destino da característica desde essa primeira aparição. Por exemplo, a hipótese de que a existência do citoesqueleto é uma característica compartilhada por todos os eucariotos é uma afirmação de que o citoesqueleto é uma característica ancestral e homóloga e que tem sido mantida durante a evolução subsequente de todas as atuais linhagens de eucariotos.

Resumo do Capítulo

Como as Árvores Filogenéticas São Reconstruídas?

- ▶ As árvores filogenéticas mostram os padrões de evolução da vida na Terra. Além disso, elas ajudam os biólogos a lidar com uma larga variedade de problemas práticos. **Rever Figura 23.1.**
- ▶ Características que são herdadas de um ancestral comum são ditas homólogas. Uma característica derivada é aquela que difere da forma encontrada no ancestral da linhagem. **Rever Figura 23.2.**
- ▶ Características que são semelhantes como um resultado de convergência, reversão ou evolução paralela são ditas homoplásticas. **Rever Figura 23.3.**
- ▶ Para determinar relacionamentos evolutivos reais, os sistematas devem distinguir entre características ancestrais e derivadas dentro de uma linhagem e também entre caracteres homólogos e homoplásticos. Essa tarefa é muitas vezes dificultada porque uma evolução divergente pode fazer caracteres homólogos parecerem diferentes e a evolução convergente pode fazer características homoplásticas parecerem semelhantes.
- ▶ Os sistematas muitas vezes empregam o princípio da parcimônia para reconstruir árvores filogenéticas. **Rever Figura 23.5.**

Características Usadas na Reconstrução de Filogenias

- ▶ Os sistematas usam dados sobre fósseis e o rico conjunto de dados morfológicos e moleculares disponíveis nos organismos atuais para determinar relacionamentos evolutivos.
- ▶ As estruturas nos estágios iniciais de desenvolvimento algumas vezes mostram relacionamentos evolutivos que não são evidentes nos adultos. **Rever Figura 23.6.**
- ▶ A estrutura das proteínas e a sequência das bases dos ácidos nucleicos são dados taxonômicos importantes. **Rever Figura 23.7.**

As Árvores Filogenéticas Têm Muitos Usos

▶ As árvores filogenéticas ajudam os biólogos a determinar quantas vezes características evolutivas surgiram e quando as linhagens divergiram. **Rever Figuras 23.8 e 23.9.**

Por Que Classificar os Organismos?

▶ Os sistemas de classificação aprimoram a nossa habilidade para explicar o relacionamento entre as coisas, ajudam nossa memória e nos proporcionam nomes únicos e usados universalmente para os organismos.

A Classificação Hierárquica das Espécies

▶ A nomenclatura biológica fornece para cada organismo uma combinação única de um nome genérico e um específico.

▶ No sistema de classificação lineana, as espécies são agrupadas em unidades de nível superior chamadas gêneros, famílias, ordens, classes, *filas* e reinos. **Rever Figura 23.11.**

Classificação Biológica e Relacionamentos Evolucionários

▶ Os taxonomistas concordam que os táxons devem compartilhar um ancestral comum e que grupos polifiléticos não devem ser usados. **Rever Figura 23.12.**

▶ Táxons parafiléticos podem ser mantidos devido a sua familiaridade e para salientar o fato de que membros de algumas linhagens evoluem especialmente rápido. **Rever Figura 23.13.**

O Futuro da Sistemática

▶ Os métodos moleculares e os computadores têm conduzido a sistemática a uma nova era.

Para Discussão

1. A grande garça-azul *Ardea herodias* é encontrada em quase toda a América do Norte. A garça-cinza *Ardea cinerea* é muito similar e é encontrada em quase toda a Europa e Ásia. Essas duas garças atualmente são consideradas como espécies diferentes, mas um colega seu argumenta que elas devem ser tratadas como uma única espécie. Que fatos você deve considerar para avaliar a sugestão do seu colega? Que teorias taxonômicas serão relevantes para a sua avaliação?
2. Por que os sistematas são tão preocupados com a identificação de linhagens que compartilham um único ancestral comum?
3. Como os fósseis são utilizados para identificar formas ancestrais e derivadas das características dos organismos?
4. Os taxonomistas usam regularmente o "princípio da parcimônia" quando estão reconstruindo as árvores filogenéticas. Considerando que a natureza não é sempre parcimoniosa, por que a parcimônia é utilizada como um princípio condutor da análise?
5. Um estudioso da evolução das rãs propôs uma nova classificação das rãs com base na análise de uns poucos genes mitocondriais de aproximadamente 25% das espécies conhecidas de rãs. Devem os taxonomistas de rãs aceitar imediatamente a nova classificação? Por quê?
6. Linnaeus desenvolveu o seu sistema de classificação antes de Darwin propor a sua teoria de evolução por seleção natural, e muitas das classificações antigas dos organismos foram desenvolvidas por não-evolucionistas. Porém, muitas dessas classificações ainda são utilizadas, com algumas modificações, por muitos taxonomistas evolutivos. Por quê?