

Diversidade e Classificação dos Seres Vivos

Prof. Paulo S. L. Beirão
Departamento de Bioquímica e Imunologia
Instituto de Ciências Biológicas
Universidade Federal de Minas Gerais

A grande diversidade dos seres vivos é facilmente constatável. Observações mais sistemáticas permitem verificar que alguns são mais parecidos entre si do que outros. Uma zebra se parece muito pouco com um arbusto, tem algumas características em comum com um coelho e se parece bastante com um cavalo. Esse tipo simples de constatação, que pode ser reproduzida em sala de aula com materiais biológicos trazidos de casa pelos alunos, deu origem à ideia de classificar os seres vivos pelas suas semelhanças e diferenças.

A construção de uma classificação depende de uma das principais características da pesquisa científica: a observação sistemática. É a observação onde todos os detalhes são descritos, com o cuidado de se verificar os detalhes característicos de cada espécie descrita. Essa é a primeira etapa na classificação. A questão que surge então é: qual característica deverá ser usada na escolha do que é semelhante e o que não é semelhante? Por exemplo, o critério “ter ou não ter coluna vertebral” vai colocar próximos os peixes e mamíferos e longe os insetos e moluscos. Um critério “ter ou não ter listas” colocaria a zebra junto do tigre e longe do cavalo. Esse, nitidamente, não seria um bom critério. Classificar invertebrados considerando o número de patas coloca a barata no mesmo grupo da formiga e em grupo diferente do caranguejo, mas se o critério fosse “não ter asas” colocaria a formiga junto com o caranguejo. Esse mesmo critério colocaria no mesmo grupo a galinha, a barata e o morcego. Mas a consideração do tipo de asa, mostraria que esses animais não são parentes próximos. Esse exemplo traz outra dificuldade: a mesma espécie pode ter formas diferentes, seja com indivíduos com morfologia diferente ou o mesmo indivíduo tendo estágios diferentes na sua vida, como por exemplo as borboletas e as lagartas. Por outro lado, apesar das enormes diferenças existentes entre um bolor de pão e nós, devemos reconhecer que temos em comum a maioria dos processos metabólicos e genéticos.

Ao longo do tempo, o grande desafio da taxonomia, que é a parte da ciência dedicada à classificação sistemática dos seres vivos, foi escolher os melhores critérios para gerar as classificações mais razoáveis. Essa é a razão pela qual ocorrem periodicamente alterações nas classificações, principalmente no nível de espécie e gênero. Os recentes avanços da Biologia

Molecular vêm permitindo revisões importantes na classificação dos seres vivos em vários aspectos. Com algumas exceções, o sequenciamento do DNA genômico tem confirmado os parentescos propostos pela taxonomia clássica.

O trabalho fundador da taxonomia foi realizado por Carl Linnaeus, um botânico sueco, que estabeleceu regras até hoje seguidas. No seu trabalho ele criou diferentes níveis de agrupamentos e uma certa racionalidade na identificação da enorme diversidade existente entre os seres vivos. Essa classificação permitiu mostrar que, embora haja grande diversidade, há semelhanças mesmo entre grupos distintos. Por exemplo, nota-se uma equivalência entre os ossos de membros superiores de mamíferos com os das asas de aves. Essas semelhanças permitiram o surgimento das ideias de que espécies surgiram de modificações de outras espécies – ideia fundamental da teoria da evolução. É verdade também que há lacunas importantes entre alguns grupos, sobre o que trataremos adiante.

As semelhanças trouxeram a ideia de parentesco, e pode-se imaginar que uma espécie tenha se originado de alterações ocorridas em outra espécie semelhante, ou que ambas tenham ancestrais comuns. Mas o que faria uma espécie surgir de outra? A primeira hipótese considerada por Lamarck foi o uso. Uma girafa tentando alcançar as folhas mais tenras de uma árvore fica espichando o pescoço. Esse espichamento passaria para as gerações seguintes (que continuariam espichando seus pescoços) até dar a girafa a sua característica mais marcante. Uma séria dificuldade com essa teoria é a ausência de qualquer evidência de herança das características morfológicas adquiridas. Um pesquisador cortou caudas de camundongos por gerações sem observar a redução, por menor que fosse, do comprimento das caudas dos descendentes. A outra hipótese, formulada originalmente e de forma independente por Charles R. Darwin e Alfred R. Wallace, dá outra explicação bastante diferente: há uma natural diversidade entre os filhos em uma ninhada. Aquelas girafas que tiverem pescoços maiores terão melhor acesso às folhas do alto das árvores e estarão melhor alimentadas, e por isso mais aptas a se reproduzir. Seus filhos deverão herdar a característica de terem pescoços maiores. Este processo, ocorrendo ao longo de várias gerações, responde por essa adaptação.

Seleção Natural

A teoria de Evolução pela Seleção Natural se baseia em fatos registrados pela observação sistemática de pesquisadores e naturalistas ao longo de várias décadas, mas assumia alguns pressupostos que precisavam ser demonstrados.

O primeiro deles era que haveria tempo para as alterações se processarem e serem selecionadas. As primeiras estimativas da idade do planeta terra, baseadas no tempo necessário

para a perda de calor da terra, acúmulo de areia, erosões e comparações com diferentes camadas geológicas, se baseavam em princípios questionáveis (ver <http://www.igc.usp.br/index.php?id=304>). No tempo de Darwin a estimativa era de cerca de 100 milhões de anos. Foi bem mais tarde, já no século XX, que metodologias mais precisas, usando decaimento de átomos radioativos, permitiram o cálculo da idade da terra: 4,56 bilhões de anos. Esse cálculo veio fortalecer a teoria da Seleção Natural.

Outro pressuposto era a existência de uma natural variabilidade nas gerações. Darwin havia notado que essa variabilidade é que permitia o aprimoramento e desenvolvimento de raças de animais domésticos (nesse caso, pela seleção artificial como reprodutores daqueles animais portadores das características mais desejadas). Essa variabilidade pode ser constatada e é a base das tecnologias de melhoramento genético, que permitem obter variedades de café resistentes pragas, vacas que produzem mais leite, cavalos mais rápidos, etc. Também é essa variabilidade que nos permite entender o aparecimento de bactérias resistentes a antibióticos. Apesar de amplamente reconhecida desde os tempos de Darwin, o mecanismo dessa variabilidade era completamente desconhecido. Apenas com o conhecimento dos mecanismos de duplicação e recombinação gênica essa variabilidade pôde ser melhor entendida no ponto de vista molecular.

Outro desafio à teoria era o desconhecimento de espécies com características intermediárias entre aquelas consideradas aparentadas. Um exemplo emblemático disso é a própria espécie humana: mesmo reconhecendo vários traços comuns entre os seres humanos e chimpanzés, há diferenças muito nítidas impossíveis de serem explicadas pela variabilidade entre descendentes, sem o reconhecimento de gerações com traços intermediários. O intenso estudo de fósseis, com suas respectivas datações, tem conseguido preencher essas lacunas e hoje é possível identificar uma linha do tempo com uma sequência de características que mostram as alterações graduais ocorridas entre espécies parentes. Da mesma forma isso tem sido observado com várias espécies ainda mais distantes, como das aves e dinossauros. O desenvolvimento de técnicas de recuperação e sequenciamento de DNA de fósseis tem servido para verificar os parentescos sugeridos pelos aspectos morfológicos.

Desafios à Teoria da Evolução

Ainda mais importante do que o preenchimento de lacunas, a Teoria de Evolução, que foi formulada em meados do século XIX, teve que ser confrontada com as revoluções científicas que ocorreram após sua formulação e que a colocaram em cheque.

O primeiro desafio foi o surgimento da genética. Em um primeiro momento as recém descobertas leis da genética mendeliana pareciam contradizer a possibilidade da variabilidade

genética pressuposta pela teoria. É verdade que as observações mostravam a diversidade consistente com a teoria de Darwin, como discutido anteriormente, mas a genética mendeliana não tinha explicação para isso. De fato, pode-se observar o aparecimento espontâneo de características ausentes em gerações anteriores, e cunhou-se o termo mutação como um evento de alteração genética de origem aleatória.

Outro desafio importante para a Teoria da Evolução foi o aparecimento da Biologia Molecular, que elucidou os mecanismos da duplicação gênica e como a codificação contida no DNA se traduz nas características fenotípicas. Mas foi exatamente a Biologia Molecular que permitiu esclarecer os mecanismos geradores de diversidade.

Como vimos, uma forma de se testar uma teoria é verificar se as previsões que ela faz podem ser confirmadas. Duas previsões vêm sendo verificadas ao longo dos anos de pesquisa. A primeira, é o traço principal da teoria, de que alterações no meio ambiente podem selecionar características que sejam vantajosas. O estudo da biodiversidade tem mostrado características e peculiaridades que permitem que seres possam viver e se reproduzir em ambientes muito diversificados. Um outro exemplo de grande interesse prático é a resistência de bactérias a antibióticos. O uso indiscriminado e inadequado de antibióticos tem selecionado variedades de bactérias resistentes, que se tornaram grande ameaça à saúde pública.

Apesar da grande diversidade existente entre os seres vivos, é impressionante constatar como os mecanismos moleculares são extraordinariamente conservados: a estrutura do DNA é conservada e formada pelas mesmas bases nitrogenadas, desde as bactérias até os seres humanos. Também é assim com as proteínas, que embora possam ter estruturas e funções muito diversificadas, são formadas a partir dos mesmos 20 tipos de aminoácidos. As reações metabólicas são também extraordinariamente conservadas: embora nem todos os seres vivos tenham os mesmos tipos de metabolismo, as vias comuns são praticamente idênticas, sejam em bactérias, fungos, plantas ou animais. Isso significa que essas vias metabólicas possuem as mesmas enzimas, capazes de catalisar as mesmas reações. Quando me refiro a “mesmas enzimas” não quero dizer que elas sejam idênticas, mas que realizam o mesmo tipo de reação. De fato, já existe um grande número de enzimas, de diferentes espécies, cujas sequências de aminoácidos foram obtidas. Observa-se que as sequências de aminoácidos não são iguais, exceto se de espécies muito próximas. A comparação dessas sequências nos mostra um aspecto muito interessante: aminoácidos importantes para a catálise são conservados, enquanto aminoácidos com pouca importância funcional são pouco conservados.

Uma importante previsão da teoria da Evolução é que proteínas necessárias para o metabolismo devem ser conservadas ao longo da árvore filogenética. Como as proteínas são constituídas por um grande número de aminoácidos, usualmente apenas alguns poucos são essenciais para a função, a teoria da Evolução prevê que as semelhanças serão maiores para espécies próximas, mas prevê também que as semelhanças serão maiores nos aminoácidos essenciais à função. Um exemplo emblemático foi o estudo da sequência da proteína citocromo C, uma proteína importante na cadeia respiratória e, portanto, presente em todos os organismos que fazem respiração aeróbica. Essa proteína, com cerca de 104 aminoácidos, mostra que em 27 posições os aminoácidos são invariáveis. A alteração de qualquer um desses aminoácidos, mas não dos demais, causava prejuízo à função do citocromo C. Essa observação é consistente com a teoria da Seleção Natural: as mutações podem ocorrer aleatoriamente, mas aquelas que causam perda de função nessa proteína essencial para a vida não podem ser transmitidas a descendentes. Outra constatação importante, e que reforça a teoria, é que espécies próximas evolutivamente têm menor número de aminoácidos diferentes. Por exemplo, a sequência do citocromo C de humanos e chimpanzés é a mesma. A diferença com relação a baleia é de 8 aminoácidos, com aves 13, com peixes 20 e com fungos 41.

O desenvolvimento de técnicas de sequenciamento de DNA abriu novas possibilidades de verificar a teoria de Seleção Natural. A comparação de genomas tem se mostrado um instrumento poderoso para se verificar semelhanças entre espécies. Mais interessante ainda, é possível se estimar a probabilidade de ocorrer mutação, ou seja, o tempo médio necessário para ocorrer uma mutação. Portanto, ao se medir o número de mutações em porções do genoma não essenciais, é possível se estimar a diferença de tempo que separam diferentes espécies relacionadas. É o chamado relógio molecular, que permite estimar o tempo de divergência entre espécies. Com esses instrumentos vem sendo possível compor progressivamente o quadro da evolução das espécies, baseado em observações morfológicas e moleculares entre espécies vivas e fósseis, sempre usando o método científico e a verificação das conclusões propostas.

Belo Horizonte, agosto de 2017