

O DESAFIO DE COMPREENDER FILOGENIAS

DAVID A. BAUM, STACEY DEWITT, SAMUEL S. S. DONOVAN. 2005. THE TREE-THINKING CHALLENGE. *SCIENCE* 310: 979-980.

Um ponto central da teoria de evolução proposta por Charles Darwin na obra "A origem das espécies" é de que os seres vivos, independentemente de sua diversidade de formas e modos de vida, são descendentes (com modificação) de um ancestral comum. No intuito de comunicar essa ideia de ancestralidade, Darwin utilizou a metáfora "árvore da vida". Através dessa analogia, os seres vivos estariam conectados ao passado a ancestrais comuns do mesmo modo que os galhos menores de uma árvore conectam-se aos ramos principais. Logo após, com o aperfeiçoamento de métodos para reconstruir relações filogenéticas, árvores evolutivas ou filogenias tornaram-se elementos essenciais na biologia moderna. Por exemplo, há caso do HIV/AIDS, em que filogenias foram usadas para identificar a origem do vírus, datar o início da epidemia, detectar as recombinações virais, rastrear a evolução do vírus em pacientes e identificar possíveis modos de transmissão. Análises filogenéticas já foram também utilizadas na resolução de assassinato envolvendo HIV. No entanto, até o momento, a leitura e compreensão de árvores (filogenias) permanece sendo uma prática quase exclusiva entre biólogos evolutivos. Este é um dado preocupante em uma época em que o ensino de evolução tem sido questionado, porque árvores evolutivas não servem apenas como instrumentos para pesquisadores de diferentes áreas, mas também porque é o pilar sobre o qual são avaliadas as evidências de Evolução.

Inicialmente, é necessário esclarecer que compreender árvores não significa saber como as filogenias são produzidas pelos sistematas. Qualquer pessoa que não pertença à área de biologia evolutiva e que tenha olhado para a temática filogenética de fora, sabe que é complexa, bastante dinâmica, repleta de uma densa literatura estatística, debates filosóficos apaixonados e uma grande abundância de programas de computadores altamente técnicos. Felizmente, há pessoas que interpretam árvores e as utilizam para organizar conhecimentos sobre a biodiversidade, sem conhecer os detalhes da inferência filogenética. O contrário, no entanto, não é possível. Não é possível compreender uma filogenia se não se sabe claramente o que é uma árvore evolutiva.

A interpretação preferida de uma árvore filogenética é a de linhas representando descendência. Ou seja, a árvore comunica a relação evolutiva entre elementos como genes ou espécies, e conectam as amostras de ramos terminais. Sob essa interpretação, os nós (pontos de ramificação) de uma árvore correspondem a entidades biológicas que existiram no passado: populações ancestrais ou genes ancestrais. No entanto, diagramas em forma de árvore são também utilizados em muitos contextos não-evolutivos, o que pode causar confusão. Por exemplo, árvores podem representar o agrupamento de genes de acordo com sua expressão em "*microarrays*", ou o agrupamento de comunidades ecológicas de acordo com a composição de espécies. A existência desses tipos de diagramas de agrupamento podem explicar porque árvores filogenéticas são frequentemente interpretadas erroneamente como se representassem similaridades entre ramos terminais. Árvores filogenéticas mostram relações históricas e não similaridades. Embora seja muito comum a similaridade entre espécies proximamente relacionadas, isso pode não acontecer, por exemplo nas situações em que a taxa de evolução não é uniforme: Apesar da maior similaridade entre lagartos e crocodilos, estes são mais aparentados às aves do que aos lagartos.

Mas, o que significa ser "mais proximamente relacionado"? Relação, nesse contexto, deve ser compreendido em termos de ancestralidade comum. Quanto mais recente é o ancestral comum compartilhado por duas espécies, mais próximas elas são. Isso pode ser visualizado em *pedigrees* (genealogias): você é mais proximamente relacionado ao seu primo de primeiro grau do que a seu primo de segundo grau porque o último ancestral comum partilhado por você e seu primo de primeiro grau viveu há duas gerações (avós), enquanto o último ancestral compartilhado com seu primo de segundo grau viveu há três gerações (bisavós). De qualquer modo, muitos estudantes e profissionais têm dificuldade em compreender um diagrama em forma de árvore como representação de histórias evolutivas. Por exemplo, é muito comum que uma pessoa apresentada a uma árvore filogenética particular (como a da figura à esquerda), erroneamente conclua que uma rã é mais próxima a um peixe do que a um homem. Na verdade, uma rã é mais proximamente relacionada a um homem do que a um peixe porque o último ancestral comum entre uma rã e um homem (veja figura da esquerda, ponto indicado por "x") é descendente do último ancestral compartilhado por homens e peixes (figura, ponto indicado por "y") e, portanto, viveu mais recentemente.

Por que é tão comum interpretarmos árvores filogenéticas erroneamente? Alguns biólogos evolutivos propuseram que não especialistas tendem a ler as árvores seguindo a ordem linear dos terminais, o que nesse caso leva a uma sequência ordenada de peixes a rãs e, finalmente, a seres humanos. Essa forma incorreta de ler uma filogenia pode explicar a interpretação equivocada, porém bastante comum, de que a evolução é uma progressão linear de espécies mais primitivas em direção a espécies mais avançadas. Uma breve reflexão mostrará, no entanto, que uma rã vivente não pode ser ancestral de um homem vivente. A forma correta de ler uma filogenia é em relação ao arranjo de grupos organizados hierarquicamente, conhecidos como clados. A diferença entre ler ordem linear de ramos terminais e ler clados fica bastante evidente quando os ramos são rotados, de forma a alterar a ordem dos terminais (veja figura da direita). Embora a ordem ao longo dos terminais seja diferente, o padrão de ramificação que representa as descendências evolutivas e a composição dos clados, são idênticos. Focar a atenção na estrutura do clado ajuda a enfatizar que não há uma narrativa linear única de progresso evolutivo.

Há outros problemas relacionados à leitura das relações em árvores. Por exemplo, é muito comum pensarmos que a evolução dos caracteres acontece apenas nos nós. No entanto, os nós representam apenas o momento em que populações tornaram-se geneticamente isoladas, permitindo que cada uma delas acumulasse diferenças na evolução subsequente. De forma semelhante, é bastante comum interpretarmos espécies viventes como se tivessem ocorrido no passado, nos nós internos de uma árvore. É também incorreto entender uma filogenia como representação de que os homens descendem dos ratos quando, na verdade, o que a filogenia mostra é que homens e ratos compartilharam um ancestral comum. Assim, com toda sua importância, compreender uma árvore filogenética é, na verdade, tarefa repleta de desafios.

A leitura de árvores filogenéticas, assim como o conceito de seleção natural, é um tema central, muito importante em estudos evolutivos. Com isso, árvores poderiam ser usadas no ensino de biologia como um modo eficiente de apresentar informações sobre distribuição de caracteres nas diferentes espécies. O que falta para isso são mais recursos: programas de computador, estratégias educacionais, e apresentações acessíveis sobre o conhecimento atual em filogenia.

Árvores filogenéticas são as representações mais diretas do princípio de ancestralidade comum - o cerne da teoria evolutiva - e, por isso, deveria ocupar uma posição mais relevante na compreensão do tema "evolução". Robert O'Hara, um filósofo da ciência disse, "da mesma forma como estudantes iniciantes de geografia precisam ser ensinados a como ler mapas, estudantes de biologia deveriam ser ensinados a como ler árvores e compreender o que elas comunicam." Entre outros benefícios, com uma melhoria na leitura de árvores filogenéticas, podemos esperar que um segmento maior da sociedade reconhecerá a evidência fantástica da ancestralidade comum e o rigor científico da biologia evolutiva.