

CAPÍTULO 2



Classificação Biológica

*Ao estudar este capítulo poderemos **definir** classificação biológica, **reconhecendo** sua importância para os estudos biológicos. Vamos descrever o processo classificatório, **comparando** os conceitos e postulados das principais escolas de classificação, **destacando** as contribuições de cada escola para o conhecimento da biodiversidade.*

2.1 Classificação biológica

A Zoologia é uma disciplina dentro do campo da Biologia Comparada (ciência da diversidade). A biologia comparada tem três elementos: 1) a descrição dos organismos, suas similaridades e diferenças; 2) a história dos organismos no tempo e 3) a história da distribuição espacial dos organismos no tempo.

A Classificação Biológica é o agrupamento dos organismos vivos com base na descrição de suas características e similaridades encontradas. Basicamente é composta pelo primeiro elemento da biologia comparada. Com o surgimento das escolas evolutivas, a classificação incorpora a história dos organismos no tempo (filogenia). O terceiro elemento, a história da distribuição espacial dos organismos no tempo, é incorporado à classificação biológica pela biogeografia moderna, que transcende o âmbito de uma zoologia introdutória.

A Classificação Biológica compreende duas disciplinas, a Taxonomia e a Sistemática, que muitas vezes são tratadas como sinônimos. Segundo Simpson (1971), a taxonomia “é o estudo teórico da classificação, incluindo as respectivas bases, princípios, normas e regras”. O organismo é a matéria prima da classificação, que por sua vez é a matéria prima da taxonomia (Gregg, 1954 *apud* Simpson, *op.cit.*). Desta forma, a taxonomia inclui toda e qualquer generalização sobre a classificação. Já a sistemática, é definida por Simpson (*op. Cit.*) como “o estudo científico das formas de organismos, sua diversidade e toda e qualquer relação entre eles”. A Sistemática tem, na atualidade, transcendido o campo da classificação biológica e incluído outras áreas da biologia comparada como a genética, a biologia de populações, a filogenia e a biogeografia.

2.1.1 Por que classificar os organismos?

Partindo-se do princípio de que o mundo natural tem uma estrutura objetiva (isto é, tem algum tipo de ordem natural) que pode ser empiricamente documentada, descrever esta estrutura é um dos objetivos da ciência. Classificar é uma forma de descrever tal estrutura. Executar o processo de classificação é tarefa da taxonomia e da sistemática, na pessoa do taxonomista ou sistemata. Atualmente, a classificação biológica procura agrupar as unidades evolutivas (espécies) e as unidades históricas (táxons supraespecíficos). Além de facilitar a organização do conhecimento da grande biodiversidade, a classificação separa entidades biológicas diferentes, ao mesmo tempo em que busca hipóteses de relação evolutiva para explicar esta diversidade. Muitas vezes o grau de semelhança superficial é tão grande que pode induzir o pesquisador ao erro! Assim, a classificação contribui para identificar (determinar) e distinguir de forma precisa cada grupo biológico, através do estudo de suas propriedades.

2.1.2 Processo de classificação biológica

Toda classificação biológica é feita com base no estudo dos caracteres dos organismos. Entende-se por **caráter** (no plural: **caracteres**) toda e qualquer característica ou atributo de um organismo ou conjunto destes. Os caracteres podem ser qualitativos ou quantitativos. Quando podem ser descritos e codificados são caracteres qualitativos (forma do corpo, posição de um órgão determinado, cor de uma estrutura etc.). Já os caracteres quantitativos, como diz o nome, são quantidades inteiras (número de ocelos, número de segmentos, etc.) ou quantidades mensuráveis (comprimento do corpo, largura da cabeça, diâmetro do olho etc.). Os caracteres se manifestam em estados diferentes. O caráter **apêndice intestinal** pode estar em dois estados: ausente ou presente. O caráter **tipos de simetria radial corporal** manifesta-se nos seguintes estados: birradial, tetrarradial, pentarradial ou multirradial.

Os caracteres que podem servir de base para estudos de classificação podem ser de origem diversa. Os **caracteres morfoanatômicos** são aqueles de origem externa (morfológicos), de origem

interna (anatômicos), incluindo aqueles encontrados no desenvolvimento embrionário (embriológicos ou ontogenéticos), ou ainda ultraestruturais (citológicos). Outro tipo são os **caracteres bioquímicos** que podem ser originados através de eletroforese de proteínas e aminoácidos em gel de amido, através de hibridização de DNA ou através de índice de similaridade imunológica. Os **caracteres** podem ser também de origem **fisiológica** (funcionamento), **etológica** (caracteres comportamentais), **ecológica** (hábitat, simbiose, alimentação, variação sazonal etc.), **geográfica** (distribuição espacial), **biogeográfica** (distribuição espaço-temporal), **genética** etc.

Os organismos onde estudamos os caracteres são indivíduos. Estes são denominados de **espécimes**. Cuidado para não confundir espécimes (indivíduos) com espécies (agrupamento mais restrito de indivíduos em uma classificação biológica).

O **processo classificatório** consiste na análise dos padrões na distribuição dos caracteres entre os organismos, isto é, na observação das semelhanças entre os organismos. Da análise destes padrões resulta o agrupamento de espécimes em grupos (**táxons**) no nível de espécie. Os **táxons** ao nível de espécie, que possuem relação de semelhança, são agrupados em táxons em níveis cada vez mais abrangentes. Os níveis mais conhecidos em ordem crescente são: Gênero, Família, Ordem, Classe, Filo e Reino.

Como resultado do processo classificatório, temos o conjunto de agrupamentos de espécimes e de grupos de espécimes (táxons). Desta forma, o **produto** da atividade classificatória é o sistema classificatório, um conjunto hierárquico de **táxons** subordinados.

“Define-se como **Táxon** (do grego taxi, disposição, boa ordem, ordenação) qualquer agrupamento de organismos biológicos, construído com base em uma definição” (AMORIM, 1994).

A primeira edição da obra **Sistema Naturae (Linné)** funda a escola lineana e inicia a classificação biológica científica. A partir deste momento vão se formando escolas de classificação biológica de acordo com princípios e métodos de classificação.

2.1.3 Diferenças entre classificar e determinar um organismo

Muita gente confunde classificação com determinação taxonômica. Como vimos anteriormente, **classificar** é agrupar espécimes (indivíduos) em táxons de categorias taxonômicas subordinadas. Já a **determinação taxonômica** é a identificação de um espécime. **Determinar** é decidir, com base em seus caracteres, a qual táxon pertence um espécime, dentro de um determinado sistema classificatório.

Imaginemos que pegamos uma **estrela do mar**:

Observamos seus caracteres, comparamos com descrições de um sistema de classificação ou comparamos com uma coleção zoológica;

1. Concluimos se tratar de um animal (Reino Animalia);
2. Filo Echinodermata;
3. Subfilo Eleutherozoa;
4. Classe Asteroidea;
5. Ordem Forcipulatida;
6. Família Asteroidea;
7. Gênero *Pisaster*;
8. Espécie *Pisaster giganteus* (STIMPSON, 1857).

Então acabamos de realizar uma determinação taxonômica, isto é, identificamos os táxons aos quais este animal pertence. Isto não é classificar, isto é determinar.

2.2 Taxonomia Lineana (Escola Lineana, Essencialista ou Tipológica)

“A escola lineana original fundamenta-se na lógica e na visão de mundo do filósofo grego Aristóteles - ou seja, em sua ontologia **essencialista**” (AMORIM, 1994).

• O essencialismo prega a
 • existência de essências
 • exclusivas de uma espécie
 • ou compartilhadas por
 • duas ou mais espécies. Na
 • taxonomia lineana procuram-
 • se caracteres essenciais que
 • definam espécies e grupos de
 • espécies.

Dentro da visão essencialista, Linné cria o **conceito tipológico de espécie**:

“Toda diversidade observada no universo reflete a existência de um número limitado de “universais” ou tipos; indivíduos são meramente expressões do mesmo tipo, variações resultam de manifestações imperfeitas da ideia implícita em cada espécie” (CAIN, 1958; apud MAYR, 1971).

Espécie vem da palavra latina *specere* e significa aquilo que é distinguível. Na prática as espécies tipológicas são grupos de indivíduos (espécimes) que não são distinguíveis facilmente, isto é, são muito semelhantes. Indivíduos da mesma espécie compartilham caracteres essenciais que caracterizam um nível de semelhança muito elevado.

Linné criou uma série de **categorias taxonômicas** que definem níveis hierárquicos de agrupamento. A categoria taxonômica de menor abrangência cria agrupamento de indivíduos e foi chamada de **espécie**. Um conjunto de espécies semelhantes forma um novo táxon (grupo) na categoria de **Gênero**. Numa ordem crescente de abrangência (ou nível de universalidade) Linné criou originalmente mais três categorias taxonômicas: **Ordem, Classe e Reino**.

Segundo Amorim (1994), as **categorias taxonômicas** criadas por Linné originalmente são: *Spécie, Ordo, Classis, Regnum*. Estas categorias correspondem à **Espécie, Ordem, Classe e Reino**. Entretanto, com o aumento do conhecimento sobre a diversidade de organismos, houve a descoberta de um número muito maior de relações de inclusão entre táxons do que havia previsto o sistema lineano original. Assim, foram criadas novas categorias taxonômicas para os níveis intermediários de inclusão que foram surgindo. Atualmente, são reconhecidas as seguintes categorias taxonômicas: espécie, Gênero, Tribo, Família, Ordem, Classe, Coorte, Filo e Reino. Existem também categorias intermediárias formadas pela adição dos prefixos: Super, Sub e Infra.

Aqui cabe ressaltar a diferença entre **Táxon** e **Categoria Taxonômica**. **Táxon** é um agrupamento, um conjunto. **Táxon** pode ser um agrupamento de espécimes (indivíduos) ou um conjunto de táxons menos abrangentes. **Categoria taxonômica** é o nível hie-

rárquico a que um determinado **Táxon** pertence. **Categoria taxonômica** é o grau de abrangência, nível de universalidade a que pertence um determinado **Táxon**.

“**Táxon** é definido como sendo um grupo de organismos reais, reconhecidos formalmente dentro de uma classificação hierárquica” (SIMPSON, 1971).

“Define-se como **Táxon** (do grego *taxi*, disposição, boa ordem, ordenação) qualquer agrupamento de organismos biológicos, construído com base em uma definição” (AMORIM, 1994).

A taxonomia lineana, em sua origem, só considerava caracteres morfoanatômicos como base para a classificação biológica. Caracteres de origem ecológica e embriológica só passaram a ser utilizados a partir da escola evolutiva no século XIX.

O sistema lineano também inaugura a **nomenclatura binomial**. Como existem muitos nomes populares para a mesma espécie de animal, dependendo da região ou país, Linné propôs que o nome científico de uma espécie deve ser composto por dois epítetos: o nome genérico seguido do nome específico. Como exemplo, a espécie humana passou a ser reconhecida formalmente como *Homo sapiens*.

2.2.1 A nomenclatura biológica

As regras de nomenclatura são um conjunto de normas e recomendações, que governam a criação dos nomes científicos. Visam à estabilidade dos nomes científicos. Nesta ótica, é recomendado que: 1) um determinado tipo de organismo tenha somente um nome correto; 2) dois tipos diferentes de organismos não possuam o mesmo nome. As exceções são sempre propostas ao Comitê de Nomenclatura Zoológica.

Há um código de nomenclatura zoológica baseado na 10ª edição do **Systema Naturae** (Linné, 1758 *apud* Simpson, 1971). A moderna nomenclatura zoológica teve início em 1901 no 1º Congresso Internacional de Nomenclatura Zoológica com a criação

do **Código Internacional de Nomenclatura Zoológica** (“**International Code of Zoological Nomenclature – I. C. Z. N.**”). A adesão ao código é estritamente voluntária e a grande maioria dos sistematas tem aderido a ele em nome da estabilidade e universalidade da nomenclatura.

2.2.2 Algumas regras mais utilizadas da nomenclatura

- **Nomes científicos são latinos ou latinizados.** Em decorrência disso, os nomes científicos nunca são acentuados. Como exemplo, os cnidários formam o Filo **Cnidaria**.
- **Lei da homonímia.** Dois Gêneros diferentes não podem ter o mesmo nome. Esta norma é estendida aos táxons superiores, isto é, táxons das categorias de Família, Ordem etc. Da mesma forma duas espécies do mesmo gênero também não podem ter o mesmo nome. No entanto, como os nomes das espécies são binomiais, espécies pertencentes a Gêneros diferentes podem ter o mesmo nome específico, pois não será uma homonímia. Como exemplo, podemos citar: *Aspidosiphon brasiliensis* (uma espécie de verme marinho do Filo Sipuncula), *Megacephala brasiliensis* e *Hoplopyga brasiliensis* (duas espécies de insetos coleópteros).
- **Lei da prioridade ou sinonímia.** Segundo Martins (1983) esta lei assevera que “dentre todos os nomes propostos para um mesmo táxon” (denominados sinônimos) “o mais antigo é que tem validade” (sinônimo Sênior). Os demais nomes são considerados sinônimos juniores e não serão nomes válidos. Assim, se uma espécie for descrita, em dois momentos diferentes, com nomes diferentes o nome que terá validade será o mais antigo. Exemplo: em 1865 Quatrefages descreveu uma espécie de verme marinho como *Aspidosiphon laevis*; em 1952 Cordero & Mello-Leitão descreveram, sem se darem conta, a mesma espécie como *Aspidosiphon brasiliensis*. Quando ficou demonstrado que esses dois nomes se tratavam da mesma espécie, *Aspidosiphon laevis* Quatrefages, 1865 passou a ser o nome válido para esta espécie e *Aspidosiphon brasiliensis* Cordero & Mello-Leitão, 1952 seu sinônimo júnior.

- **Tipos.** Toda espécie deve possuir um **espécime tipo** ou **holótipo** depositado em um museu. O holótipo é o exemplar de referência e a ele está “amarrado” o nome da espécie. Em grande parte dos casos, o material tipo é composto por mais de um indivíduo da mesma espécie, coletados no mesmo local (**localidade tipo**) e na mesma data. Esses exemplares formam a chamada **série sintípica**. Quando isto ocorre, designa-se um dos exemplares para ser o **holótipo** sendo os exemplares remanescentes denominados de **parátipos**.
- **Tipificação dos nomes científicos.** É recomendado que os táxons, especialmente dos níveis de Infratribo a Superfamília sejam tipificados, isto é, seus nomes baseados no nome de seu Gênero tipo. Assim, o nome da Família Aspidosiphonidae foi tipificado a partir do nome de seu Gênero tipo: *Aspidosiphon* + idae (terminação proposta para o nível de Família).
- **Sufixos indicativos da categoria taxonômica.** Recomenda-se o uso de sufixos para cada categoria taxonômica especialmente nas seguintes categorias: Superfamília - **oidea**; Família - **idae**, Subfamília - **inae**, Tribo **ini**. No nível de Ordem são comumente utilizados os sufixos **ida** para invertebrados e **formes** para vertebrados. Ainda existem recomendações para Filo – **a** e Classe – **ea**. Como exemplo de algumas modificações de nomes baseados nesta regra, podemos citar o Filo Nemata, antes denominado de Nematoda ou Nemathelminthes. Exemplos onde a regra foi aplicada há mais tempo são: Filo Arthropoda; Classe Crustacea; Ordem Tricladida; Família Teredinidae; Família Rhizostomatidae. Como todo do código de nomenclatura estas são apenas recomendações e como foram definidas somente no século XX muitos nomes por serem mais antigos não seguem esta regra e não são mudados, pois já fazem parte de uma tradição. Atenção! Na botânica as terminações seguem outro código.
- **Hierarquia lineana.** As categorias básicas aceitas pelo código de nomenclatura zoológica são: **Reino, Filo, Classe, Coorte, Ordem, Família, Tribo, Gênero** e **espécie**, sendo aceitos táxons intermediários acrescentando-se os prefixos **Super, Sub** e **Infra**. Assim, entre as categorias de Reino e Filo podem ser criados táxons nos níveis de **Subreino, Infrareino** e **Superfilo**;

entre as categorias de Filo e Classe podem ser criadas as categorias de **Subfilo**, **Infraclass** e **Superclasse** e assim por diante até o nível de **subespécie**.

- **Nome da categoria da espécie.** Oficialmente, a partir de 1901, adotou-se a **nomenclatura binomial** proposta por Linné. As espécies são designadas por dois nomes (binomes): o **epíteto genérico** (inclusivo) e o **epíteto específico** (restritivo). O nome genérico é um nome próprio enquanto o nome específico é comum. Os dois nomes devem ser destacados no texto (sublinhados isoladamente ou escritos em itálico ou ainda negrito). Nunca se deve referir a uma espécie apenas pelo nome específico isoladamente. Seguem exemplos de nomes de espécies: *Ursus arctos* (urso pardo); *Ursus maritimus* (urso polar).
- **Nome da categoria de subgênero.** Quando necessitamos nomear uma espécie com seu subgênero forma-se um trinome: *Phascolosoma (Edmondsius) pectinatum*. Há neste trinome dois nomes próprios. Para destacar o Subgênero e não confundir com o nome genérico, coloca-se o nome subgenérico entre parênteses.
- **Nome da categoria da subespécie.** Quando nos referimos a subespécies, também formam-se trinomes: *Mysis oculata relicta*. O nome próprio é do Gênero, o primeiro nome comum sempre será o da espécie e o segundo nome comum sempre será da subespécie. Não há como confundir pois, para escrever **o nome de uma subespécie sempre usaremos um trinome**. Nunca poderemos nos referir a uma subespécie como *Mysis relicta*, pois esta forma binomial é para espécie; se isto fizer estamos dizendo que a subespécie foi elevada ao status de espécie. Há casos onde o nome da subespécie cria um tetranome. Isto ocorre quando citamos também o nome do Subgênero: *Phascolosoma (Edmondsius) pectinatum pectinatum*, na seqüência temos nome Genérico, Subgenérico, específico e subespecífico.

Em relação as categorias da espécie, de subgênero e de subespécie, podemos escrever o nome de um Gênero: *Phascolosoma*; o nome de um Subgênero: *Phascolosoma (Edmondsius)*; o nome de uma espécie: *Phascolosoma (Edmondsius) pectinatum* ou (sem citar o Subgênero) *Phascolosoma pectinatum*; o nome de uma su-

bspécie: *Phascolosoma (Edmondsius) pectinatum pectinatum* ou (sem citar o Subgênero) *Phascolosoma pectinatum pectinatum*.

- **Nome do autor de um táxon.** Em trabalhos taxonômicos, é usual acrescentar-se ao nome de um táxon o nome do autor e o ano de publicação de sua descrição original. Como exemplo, Quatrefages em 1865 publicou um artigo onde descreve, pela primeira vez, a espécie *Aspidosiphon laevis*. Para colocarmos esta informação no nome da espécie devemos escrever da seguinte forma: *Aspidosiphon laevis* Quatrefages, 1865. Note que apenas o binome está grifado em itálico. O nome do autor e data funciona como uma referência bibliográfica, porém, note que não há parênteses, pois estes indicam mudança de Gênero, veja próximo item.
- **Mudança de Gênero.** No caso de uma espécie ser descrita originalmente dentro de um determinado Gênero e após uma revisão mudada de Gênero. Por exemplo: *Physcosoma stephensi* Stephen, 1942 foi o nome citado na descrição original; entretanto estudos taxonômicos realizados por Wesenberg-Lund em 1963 invalidaram o gênero *Physcosoma*, sendo todas suas espécies transferidas para o Gênero *Phascolosoma*. Então, esta espécie passa a ser chamada de *Phascolosoma stephensi* (Stephen, 1942). Neste exemplo observe que seguindo o nome atual, quando citado o autor e data, estes vão entre parênteses, assinalando que houve mudança de Gênero. Pode-se também adicionar o autor da mudança: *Phascolosoma stephensi* (Stephen, 1942) Wesenberg-Lund, 1963.
- **Tautonímia.** Quando utilizamos o mesmo nome para duas categorias taxonômicas diferentes e subordinadas usamos de **tautonímia**. As tautonímias são permitidas desde que respeitadas as normas de homonímia e sinonímia. São comumente utilizadas as tautonímias em: 1) Gênero e Subgênero: *Phascolosoma (Phascolosoma)*; 2) Gênero e espécie: *Guira guira*; 3) espécie e subespécie: *Homo sapiens sapiens*.

to auto = o mesmo +
nímia = nome

Abreviaturas mais utilizadas:

- **Espécie.** Quando se escreve sobre uma espécie indeterminada da qual só conseguimos determinar o Gênero, se utiliza a abre-

viatura “sp.” seguida ao nome genérico – exemplo: *Lithacrosiphon* sp. Se a referência for feita para várias espécies indeterminadas de um mesmo Gênero escreve-se a abreviatura no plural, “spp.” – exemplo: *Basilosaurus* spp.

- **Subespécie.** Para designar uma subespécie não determinada utiliza-se a abreviatura “ssp.” Para várias subespécies indeterminadas utiliza-se a abreviatura no plural, “sspp.” – exemplos: 1) *Homo sapiens* ssp. – refere-se a uma das subespécies do ser humano; 2) *Homo sapiens* sspp. – refere-se a várias subespécies de humanos conjuntamente mas, sem determiná-las.

2.3 Escola Fenética (Taxonomia Numérica)

Segundo La Sota (1973), foi Michael Adanson (contemporâneo a Linné) quem, em 1763, propôs um sistema de classificação baseado no maior número de caracteres observados nas plantas. Adanson deu o mesmo peso, isto é, a mesma importância para todos os caracteres observados, descartando qualquer ponderação, tradicionalmente feita pela taxonomia lineana. Foi também Adanson quem pela primeira vez, desmembrou os caracteres em estados.

2.3.1 Estados de caráter

Ao observar o caráter **disposição dos ramos de uma planta (filotaxia)** Adanson distinguiu dois estados: disposição **oposta** e disposição **alterna**. Assim, verificou que um caráter pode apresentar-se de formas diferentes ou **estados**. Da mesma maneira, quando observamos um caráter de um animal, como a **cor do pelo** de uma espécie de mamífero, podemos, por exemplo, concluir que existem dois estados: pelos **marrons** e **brancos**. Esta é uma forma objetiva de observarmos as diferenças que ocorrem dentro de cada caráter. O conceito de **estado de caráter** transcendeu a escola da taxonomia numérica e passou a ser utilizado, mais tarde, nas escolas evolutivas.

Outra novidade que Adanson criou, foi a codificação dos estados de caráter, tabulando-os em uma matriz do tipo táxon X caráter (TxC) (Tabela 2.1).

Caracteres	Táxons		
	A	B	C
1	+	+	-
2	+	-	+
3	+	+	-
4	+	+	-
5	-	-	+
6	+	+	-
7	+	+	-
8	-	+	+
9	+	+	+
10	-	-	+

Tabela 2.1 – Matriz TXC. As colunas representam os táxons designados como A, B e C. As linhas representam os caracteres designados pela numeração de 1 a 10. Os estados de carácter foram codificados como + e -.

Na matriz acima (tabela 2.1), os caracteres estão representados nas linhas e foram codificados em números de 1 a 10. Os estados de carácter foram codificados como “+” ou “-“. Como exemplo o carácter nº 3 diz respeito à disposição das folhas no caule; neste caso, dois estados foram observados: folhas com disposição oposta (estado codificado como “+”) e folhas com disposição alterna (estado codificado como “-“). Já os Táxons são representados pelas colunas e identificados pelas letras “A”, “B” e “C”. A matriz TxC passou a ser utilizada, mais recentemente, pela escola Cladista (vista mais adiante).

Com base na matriz de dados (TxC) monta-se uma matriz de semelhança ou Táxon X Táxon (TxT) (Tabela 2.2). Isto é obtido através do registro do número de semelhanças entre os táxons observados dois a dois, isto é, o número total de semelhanças encontradas entre A e B, A e C, e B e C.

	A	B	C
A	-		
B	8	-	
C	2	2	-

Tabela 2.2 – Matriz (TxT). Os táxons são representados pelas letras A, B e C. Os números na matriz representam o número de semelhanças contadas na matriz TXC (tabela 1). Está assinalado o nível de 8 semelhanças entre os táxons A e B.

Dendograma

Diagrama arborescente na forma de dedos numa mão.

Utilizando-se o maior número de semelhanças encontrada na matriz TxT, agrupa-se os dois táxons mais próximos (A e B) com base nas oito (8) semelhanças encontradas. Depois se agrupa este grupo (A + B) com um terceiro (C) e assim por diante, sempre se respeitando a hierarquia apontada pelo grau de semelhança. Este agrupamento é representado na forma de um **dendograma** denominado **fenograma** (figura 2.1).

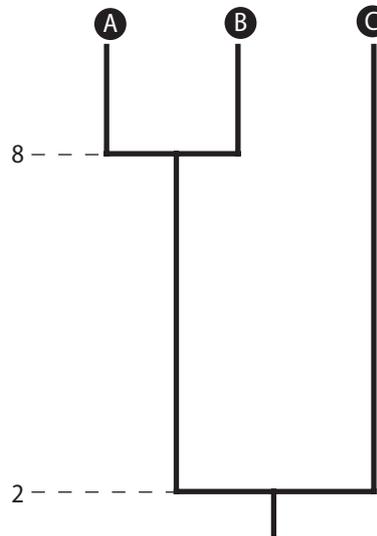


Figura 2.1 – Fenograma mostrando uma relação fenética de oito (8) semelhanças unindo os táxons A e B; e uma relação fenética de duas (2) semelhanças unindo o táxon (A+B) com o táxon C

A taxonomia numérica sofreu seu maior desenvolvimento a partir da década de 1950 com o desenvolvimento dos computadores. No século XX, seus maiores expoentes são Sokal & Sneath.

Enfoque empírico

Com base na observação ou experimentação.

O objetivo original da fenética foi a redução da subjetividade lineana. No século vinte o objetivo passou a ser a redução da subjetividade das escolas evolutivas. Este objetivo cumpre os clamores do **enfoque empírico** e **operativo** levados pelo feneticismo à classificação biológica.

Enfoque operativo

Com base em operações padronizadas.

Decorrente de exigências empíricas, a semelhança deixou de ser medida por si mesma e passou a ser expressa como o inverso da diferença (semelhança = 1/diferença). Assim, no século vinte, todos os estados de caráter passaram a ser observados e medidos pela **diferença**, a qual é menos subjetiva (CRISCI; ARMENGOL, 1983).

2.3.2 Utilização do estudo fenético na classificação

Para a fenética, a classificação biológica deve seguir os agrupamentos propostos pelo fenograma. Se os táxons A, B e C forem três espécies estudadas, observando o fenograma da figura 2.1, poderemos criar a seguinte classificação (tabela 2.3): os táxons A e B deverão formar um táxon mais abrangente que denominaremos aqui de Gênero *Alpha*. Assim o Gênero será composto pelas espécies *Alpha a* (A) e *Alpha b* (B). Teremos que criar um Gênero *Beta* para acomodar a espécie C que será então chamada de *Beta c*. Os Gêneros *Alpha* e *Beta* serão reunidos formando outro táxon ainda mais abrangente, a Família Alphidae.

Família Alphidae	
Gênero <i>Alpha</i>	Espécie <i>Alpha a</i>
	Espécie <i>Alpha b</i>
Gênero <i>Beta</i>	Espécie <i>Beta c</i>

Tabela 2.3 – Classificação criada baseada no fenograma da figura 2.1.

2.4 Escola Gradista (Evolutiva Clássica)

A visão evolutiva passou a fazer parte da classificação biológica a partir da Teoria da Evolução por Seleção Natural de Darwin & Wallace no século XIX. Com a descoberta dos trabalhos de Mendel, no início do século XX, desenvolveu-se a genética. A teoria de evolução por seleção natural aliada à genética fundamenta o Neodarwinismo (Teoria Sintética). No campo da sistemática biológica, o neodarwinismo foi o principal embasamento da Escola Evolutiva Clássica.

2.4.1 Postulados do Gradismo

Segundo Brusca & Brusca (2003) os principais **postulados** assumidos por esta escola de classificação são: **isolamento reprodutivo** e **divergência morfológica**.

Aquisição do isolamento reprodutivo

O isolamento reprodutivo, provocado por uma barreira reprodutiva é o principal fator que leva à **cladogênese**. A cladogênese é definida como processo evolutivo formado pela ruptura de um táxon ancestral em dois ou mais táxons descendentes (figura 2.2). As barreiras reprodutivas podem ser barreiras físicas, climáticas, ou biológicas. As barreiras físicas mais comuns são barreiras geográficas como montanhas, mares, lagos, rios e desertos que ficam entre duas populações e impedem o fluxo gênico, isto é, impedem a reprodução entre elas.

Se o isolamento reprodutivo leva a cladogênese, podemos deduzir que a cladogênese forma, em primeira ordem, novas espécies a partir de uma ancestral. Assim surge o **conceito biológico ou genético de espécie**.

Conceito biológico ou genético de espécie

Espécies são “grupos de populações naturais potencial ou realmente interfecundáveis e reprodutivamente isolados de outros grupos semelhantes”. (MAYR, 1971)

As cladogêneses vão separando grupos que são chamados de **clados**. Os clados podem ser definidos como grupos de táxons descendentes de um mesmo ancestral a partir de uma cladogênese (figura 2.3). Observe que cada clado inclui seu ancestral.

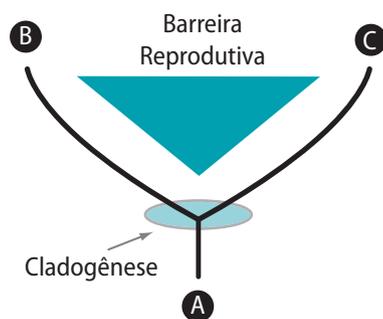


Figura 2.2 – Árvore Evolutiva mostrando uma cladogênese. A linha filética “A” representa a espécie ancestral; as linhas filéticas “B” e “C” representam as espécies descendentes já isoladas reprodutivamente. O triângulo representa a barreira reprodutiva.

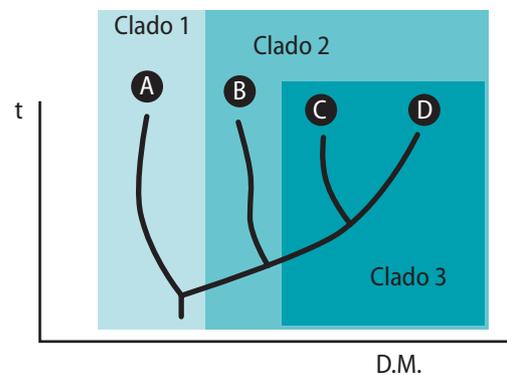


Figura 2.3 – Filograma mostrando os clados formados a partir das cladogêneses. O clado 1 é formado pelos táxons A, B, C, D e seus ancestrais diretos; o clado 2 é formado pelos táxons B, C, D e seus ancestrais diretos; o clado 3 é formado pelos táxons C, D e seus ancestrais diretos. Note que um clado inclui o ancestral e todos seus descendentes.

Divergência morfológica

A aquisição de diferenças de nichos leva à divergência de caráter ou **divergência morfológica**. A divergência morfológica leva a **anagênese**. A anagênese é um processo evolutivo que tem origem na mutação e recombinação gênica. Observe a figura 2.4 e veja que a linha filética (que representa uma espécie) vai sofrendo uma divergência morfológica, isto é, modificações em seus caracteres com o passar do tempo. É este acúmulo de modificações que caracteriza a anagênese.

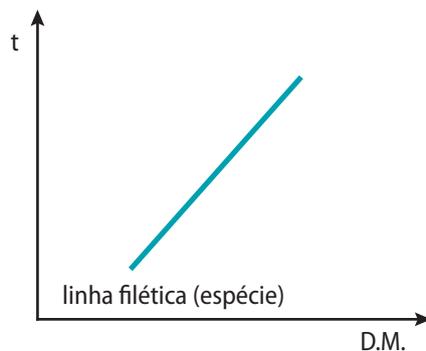


Figura 2.4 – Diagrama gradista representando a anagênese. A linha filética inclinada representa que há mudanças evolutivas neste grupo durante um determinado período de tempo. Legenda: **t** – tempo; **D.M.** – divergência morfológica (representando as mudanças evolutivas).

Quando árvores evolutivas (ou filogramas) são montadas com base em divergência morfológica, verificam-se lacunas entre alguns táxons. A escola evolutiva postula que diferenças no tamanho de tais lacunas são resultados de taxas diferenciais de evolução e/ou extinção de formas intermediárias. Observe a figura 2.5 e verifique que existe uma lacuna entre os táxons **A, B, C** e **D, E, F**.

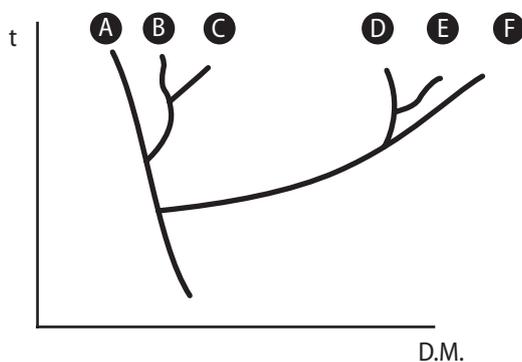


Figura 2.5 – Filograma ou Árvore Evolutiva representando as relações entre os táxons A, B, C, D, E e F. Legenda: **t** – tempo; **D.M.** – divergência morfológica.

Grau Acoelomata

a + *coeloma* = sem +
cavidade.

Grau Eucoelomata

eu + *coeloma* = verdadeira
+ cavidade, isto é cavidade
verdadeira.

Quando esta lacuna é muito acentuada e caracterizada pela formação de dois níveis de complexidade estrutural (morfológica ou funcional) distintos (figura 2.6) separam-se dois **graus** (da palavra inglesa “grade”). Neste caso, os táxons **A**, **B** e **C** não apresentam uma cavidade do corpo do tipo celoma, formando o **Grau Acoelomata**. Já os táxons **D**, **E**, **F**, **G**, **H** e **I** possuem uma cavidade celomática verdadeira, portanto formam o Grau **Eucoelomata**.

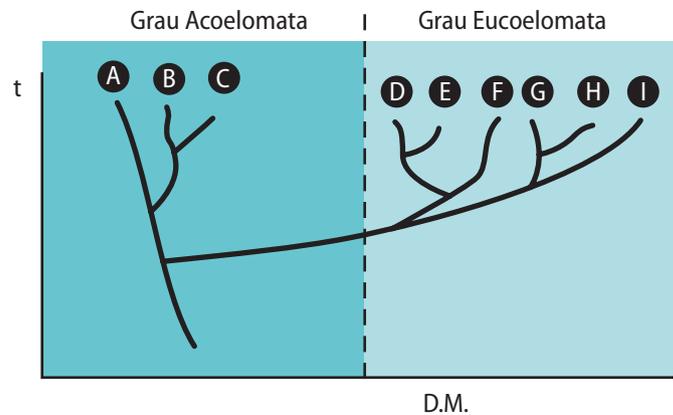


Figura 2.6 – Filograma mostrando a formação de dois graus.

2.4.2 Como o gradismo agrupa os indivíduos?

Como descrevemos no início deste capítulo, toda a escola de classificação tem como elemento básico a observação dos caracteres. Ao se comparar os caracteres de um grupo estudado procura-se por semelhanças que representem uma herança de um ancestral comum. Este tipo de semelhança é chamado de **homologia**. Toda **homologia** é uma semelhança herdada ou que parece ser herdada de um ancestral comum. Mas como inferir se existia um ancestral comum? Os evolucionistas clássicos destacaram dois critérios para reconhecer uma **homologia**: 1) o caráter tem que ter a mesma origem, isto é, surgir do mesmo tecido embrionário; 2) o caráter tem que ter a mesma inserção e posição, isto é, estar ligado ao mesmo órgão ou estrutura. Cumprindo-se estes dois critérios se aceita que um caráter seja **homólogo**.

Se tivermos caracteres homólogos, temos então a formação de **grupos naturais** ou **monofiléticos**. Então **grupos monofiléticos** são aqueles formados por um ancestral e seus descendentes e têm em comum, caracteres **homólogos**.

Entretanto, os evolucionistas gradistas verificaram que existem semelhanças que não são herdadas de um ancestral comum, denominando-as de **homoplasias**. Como detectar uma **homoplasia**? Sempre que uma semelhança em um determinado caráter não cumprir um dos dois critérios de **homologia** deve ser considerada uma **homoplasia**. O tipo mais comum de **homoplasia** é a **convergência** (figura 2.8). Na convergência, grupos diferentes podem sofrer a mesma pressão seletiva e desenvolverem caracteres semelhantes, como as semelhanças na forma do corpo do tubarão, do golfinho e do ictiossauro (figura 2.7).

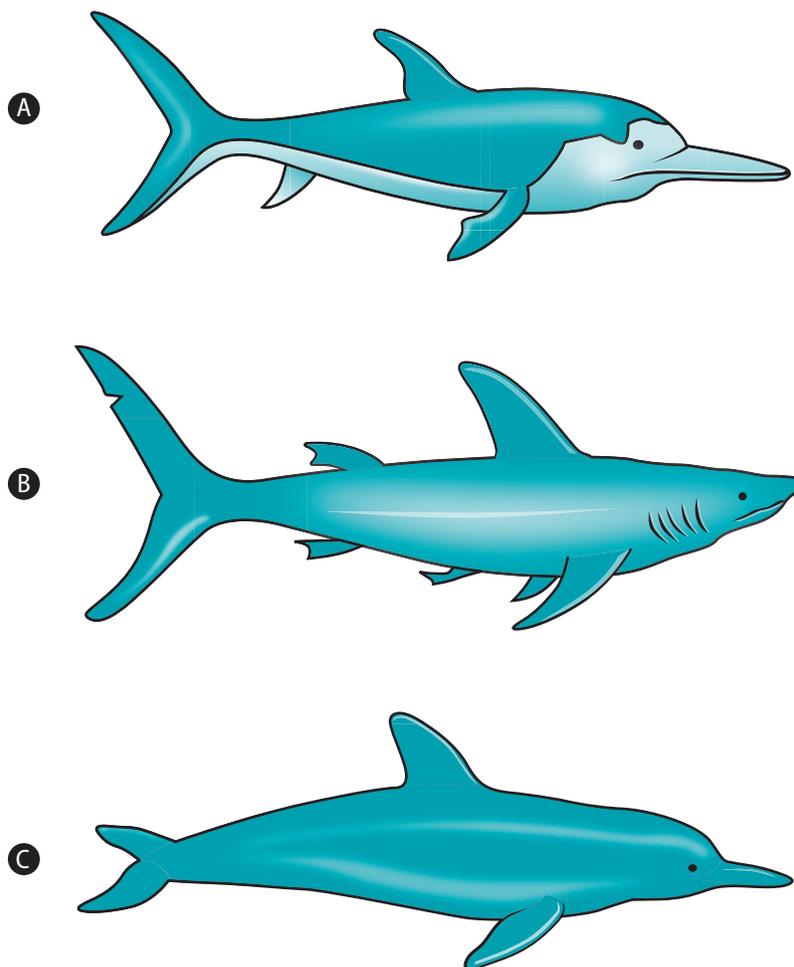


Figura 2.7 – O formato hidrodinâmico do Ictiossauro (A), tubarão (B) e golfinho (C) é um exemplo de convergência.

Classificações que juntaram grupos com base em **homoplasias** formaram **grupos polifiléticos** (figura 2.8), isto é, grupos que não

têm um ancestral comum. **Grupos polifiléticos** não são grupos naturais. Os **grupos polifiléticos** foram eliminados das classificações biológicas pelos evolucionistas clássicos.

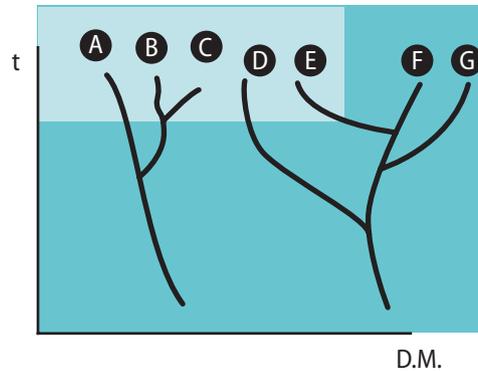


Figura 2.8 – Filograma representando uma convergência. O grupo formado pelos táxons A, B, C, D e E é polifilético, pois D e E não tem o mesmo ancestral de A, B e C. Os caracteres semelhantes devem ser homoplasias.

2.4.3 Filograma ou árvore evolutiva

O dendograma utilizado na escola evolutiva clássica ou gradista é chamado de **filograma** ou **árvore evolutiva**. Observe a figura 2.9. As linhas representam os táxons (linhas filéticas). As linhas podem ter espessura variável representando a abundância do táxon. O tempo é normalmente representado de baixo para cima (eixo y) e a **divergência morfológica (D.M.)** é a distância entre os táxons em cada momento e é representada horizontalmente (eixo x).

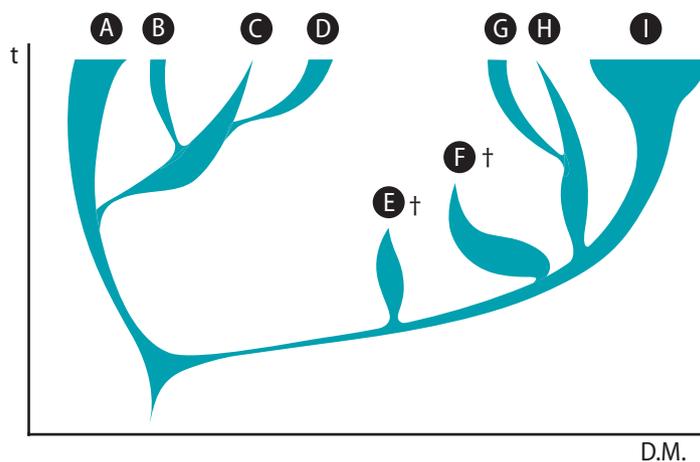


Figura 2.9 – Filograma ou Árvore Evolutiva. Observe que os táxons A e I são os grupos atuais mais abundantes. Os táxons E e F são extintos e por isso marcados com uma cruz.

2.4.4 Montagem de filogramas

Os filogramas são montados intuitivamente, baseados na experiência do sistemata. Não foi desenvolvido nenhum método para medir a divergência morfológica. A abundância (apontada pela espessura das linhas filéticas) também é intuitiva. A crítica aos filogramas reside exatamente na imprecisão de seus elementos o que os torna tecnicamente frágeis.

2.4.5 Padrões evolutivos mais comuns encontrados pelo Gradismo

Os padrões evolutivos mais comuns são: **divergência**, **radiação**, **convergência** e **paralelismo** (figura 2.10). A **divergência** é um padrão verificado quando dois táxons acumulam divergência morfológica. A **radiação** ocorre quando uma espécie ancestral sofre um processo de especiação que origina um número muito grande de espécies que divergem entre si em pouco tempo. A **convergência**, como já descrita anteriormente é um tipo de **homoplasia** onde duas espécies não relacionadas filogeneticamente (sem parentesco próximo) desenvolvem características semelhantes (redução da divergência morfológica) devido a pressões seletivas idênticas. O **paralelismo** é um padrão evolutivo onde duas espécies variam morfológicamente, mas mantém a mesma distância morfológica entre si, com base em uma base genética herdada de um parentesco não muito distante.

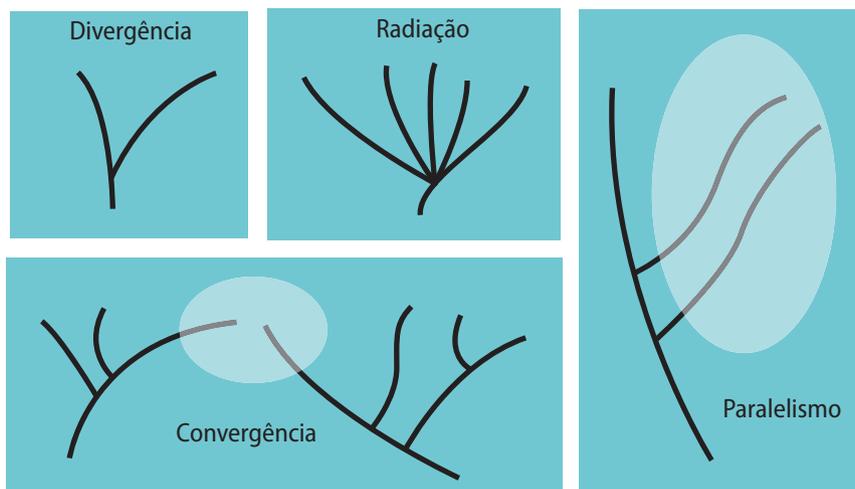


Figura 2.10 – Padrões evolutivos mais comuns apontados pelo gradismo.

2.4.6 Classificação biológica com base no estudo Gradista

A classificação evolutiva clássica ou gradista é baseada no estudo evolutivo de maneira pouco rígida. O arranjo de táxons é feito de acordo com conveniências de cada autor. Alguns evitam formar táxons muito grandes, desmembrando-os em grupos menores. Já outros preferem formar um menor número de táxons e para tanto fundem os táxons formando grandes agrupamentos. Baseado no filograma da figura 2.9, uma das possibilidades de classificação pode ser vista na figura 2.11.

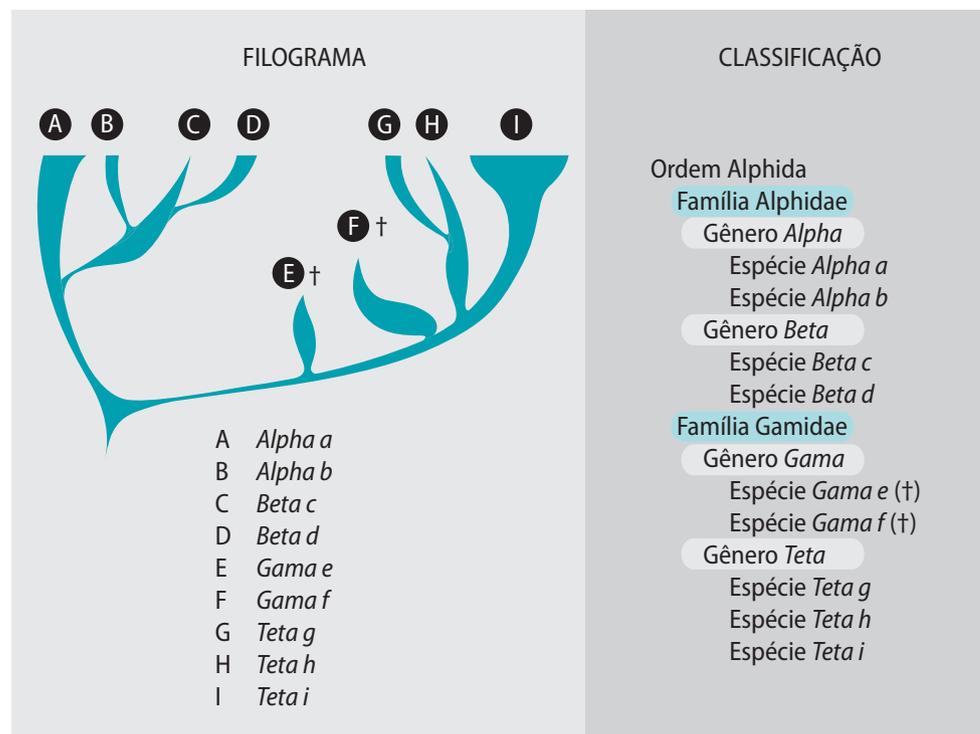


Figura 2.11 – Filograma e um dos sistemas de classificação possíveis.

2.5 Escola Cladista (Cladística)

Na busca de um método que fosse mais preciso e que representasse uma técnica que criasse hipóteses de relação de parentesco num sentido mais estrito, o entomólogo Willi Hennig, em 1950, desenvolveu um trabalho intitulado “Grundzüge einer Theorie der Phylogenetischen Systematik” (Wiley, 1981). A partir das publicações em inglês, esta escola passou a ser mais conhecida e divulgada

no mundo inteiro (Hennig, 1965; Wiley, 1981). Hennig procura nos processos evolutivos a **cladogênese** (figura 2.2) e **anagênese** os elementos de um método de reconstrução da **filogenia** dos organismos fundamentado no **empirismo lógico**.

2.5.1 Objetivo da Cladística

O objetivo desta escola de classificação é produzir hipóteses testáveis de relações genealógicas entre **grupos monofiléticos** de organismos.

2.5.2 Porque a cladística se desenvolveu tanto nos últimos anos?

Destaca-se aqui sua metodologia precisa, embasada no empirismo lógico. A metodologia empregada por esta escola é uma **genealogia estrita**. Para tanto utiliza caracteres dos animais atuais, dispensando a necessidade de fósseis. Através da análise comparativa dos caracteres é estabelecida a **polaridade** entre os estados de cada caráter, isto é, um vetor que indica o sentido da mudança evolutiva. Se um determinado caráter se apresenta em dois estados: um deve ser mais antigo (**plesiomorfia**), sobre o qual ocorrem modificações formando outro estado, o estado derivado (**apomorfia**, a novidade evolutiva). A anagênese cria as novidades evolutivas. Os grupos com suas novidades evolutivas vão sendo separados pelas **cladogêneses** (figura 2.12).

Vamos observar a matriz de dados do cladograma do lado direito da figura 2.12 (veja tabela 2.4). Como o caráter 1 sofre uma mudança no ancestral exclusivo de todo o grupo (A + B + C) ele é herdado na forma apomórfica por todos os descendentes, isto é, uma **sinapomorfia** do caráter 1. Já o caráter 3, permanece em estado plesiomórfico na espécie A, pois a novidade evolutiva (apomorfia) ocorre no ancestral das espécies B e C, que foi separado de A por uma cladogênese (figura 2.12 cladograma direito). Assim, o caráter 3 é uma sinapomorfia de B e C. Os caracteres 2, 4 e 5 são apomorfias respectivamente em A, B e C. Como estes últimos não são compartilhados, estes estados apomórficos exclusivos das espécies são denominados **autapomorfias**.

Anagênese

Para os cladistas, é definida pelo acúmulo de novidades evolutivas em cada linha filética.

Empirismo lógico

Filosofia da ciência que prega que o conhecimento científico é estruturado na forma de hipóteses temporárias; para uma hipótese ser científica, ela deve ser corroborada logicamente por dados empíricos.

Grupos monofiléticos

No cladismo, significa um grupo descendente de um ancestral exclusivo.

Genealogia estrita

Cada grupo deve ser composto pelos descendentes de um ancestral próximo exclusivo.

Sinapomorfia

sin = junto + *apomorfia*, apomorfia compartilhada.

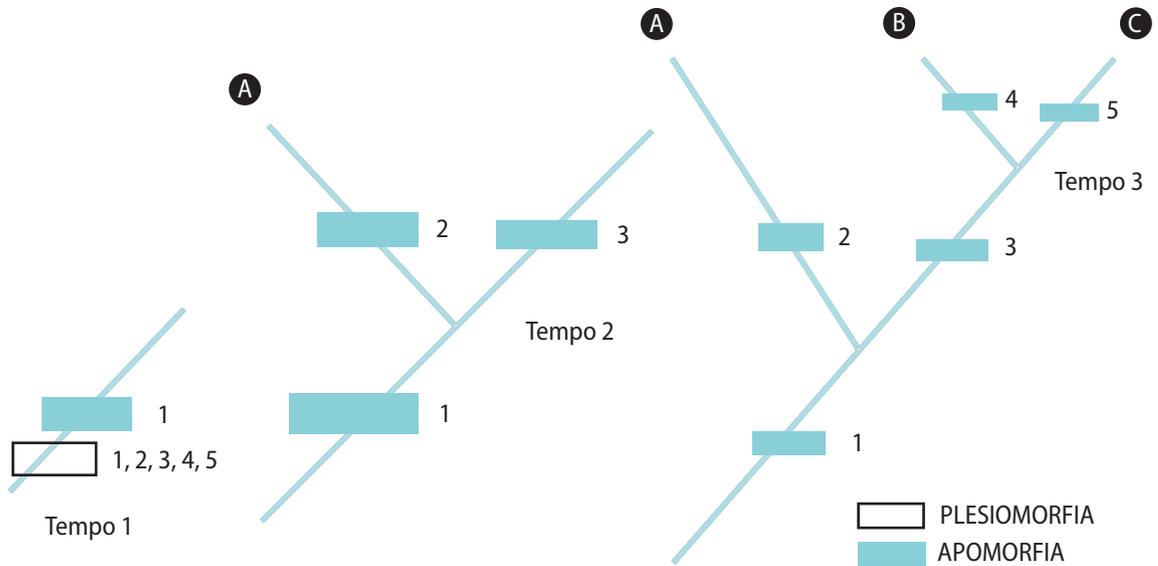


Figura 2.12 – Observação da evolução de três espécies hipotéticas através de cladogramas. No primeiro momento (tempo 1) existe uma espécie com cinco caracteres plesiomórficos onde o caráter 1 sofre uma mudança (torna-se uma apomorfia – processo de anagênese). No tempo 2 há uma cladogênese formando duas espécies descendentes (A e a ancestral de B e C); estas duas espécies sofrem mudanças evolutivas: uma no caráter 2 e outra no caráter 3, os quais tornam-se apomorfias. No tempo 3 há uma nova cladogênese que forma mais duas espécies (B e C), as quais sofrem mudanças nos caracteres 4 e 5. Observe que as novidades evolutivas (2, 3, 4 e 5) são independentes, pois as espécies foram separadas pela cladogênese e a mudança evolutiva de uma não passa para a outra espécie.

	A	B	C
1	Plesiomorfia	Plesiomorfia	Plesiomorfia
2	Apomorfia	Plesiomorfia	Plesiomorfia
3	Plesiomorfia	Apomorfia	Apomorfia
4	Plesiomorfia	Apomorfia	Plesiomorfia
5	Plesiomorfia	Plesiomorfia	Apomorfia

Tabela 2.4 – Matriz de dados do cladograma da figura 2.12. A, B e C são três espécies que compõem um grupo monofilético pois tem uma sinapomorfia no caráter 1. Internamente os táxons B e C também formam um grupo monofilético incluído, pois tem uma sinapomorfia no caráter 3. Todas as espécies são monofiléticas pois tem autapomorfias: 2 em A, 4 em B e 5 em C.

Quando observamos as semelhanças surgem dois tipos: 1) as **simplesiomorfias** (sim = junto + plesiomorfias) que são plesiomorfias compartilhadas; e as **sinapomorfias** (sin = junto + apomorfia) que são as apomorfias compartilhadas.

Com base nos estados derivados compartilhados, isto é, com base nas **novidades evolutivas compartilhadas** (ou **sinapomor-**

fias) são reconhecidos os grupos monofiléticos. Após uma cladogênese, todas as novidades evolutivas do ancestral são passadas aos descendentes. Por isso as sinapomorfias são as evidências da cladogênese.

2.5.3 Por que não usar Simplesiomorfias para agrupar?

Apesar das simplesiomorfias serem semelhanças que indicam ancestral comum, este ancestral não é exclusivo, portanto não diz respeito ao grupo estudado. Veja a figura 2.12 novamente. A sinapomorfia no caráter três agrupa B e C, pois identifica um ancestral comum e exclusivo do grupo. Já a simplesiomorfia do caráter 5 (tabela 2.4) não revela um ancestral exclusivo. A plesiomorfia do caráter 5 é compartilhada por A, B e outros grupos que estão fora deste universo de estudo. Assim, se agruparmos A e B ao invés de B e C, estaremos formando um grupo incompleto denominado grupo Parafilético. A cladística propõe a eliminação dos grupos parafiléticos das classificações zoológicas.

2.5.4 Espécies filogenéticas

As autapomorfias são caracteres apomórficos exclusivos de espécies, isto é, não são compartilhados com nenhuma outra espécie. Se não é um estado compartilhado parece não servir para a classificação biológica, pois não agrupa táxons. Entretanto, é um estado de caráter apomórfico (apomorfia ou novidade evolutiva) que agrupa os espécimes (indivíduos) que formam a espécie. Então a autapomorfia é um caráter diagnóstico de uma espécie, é também, o dado empírico que sustenta a espécie em questão como uma unidade evolutiva. Uma unidade evolutiva tem sua história independente de outras espécies, não há fluxo gênico entre elas.

É a autapomorfia que serve de base para um novo conceito de espécie, o **conceito Filogenético de Espécie**:

“Espécie é uma linhagem ancestral-descendente única de populações a qual mantém sua identidade separada de outras linhagens e que tem suas próprias tendências evolutivas e características históricas”. (WHILEY, 1981)

Devido à dificuldade prática da utilização do conceito biológico de espécie criado por Mayr da escola gradista, a escola cladista buscou um conceito aplicável à realidade do estudo filogenético. Do ponto de vista prático, uma espécie filogenética (ou evolutiva) é reconhecida através de suas características históricas que lhe conferem uma identidade, a(s) **autapomorfia(s)**.

Resumo

A classificação biológica é a forma científica de descrever a estrutura biológica do mundo natural. A sistemática é o estudo da diversidade dos seres vivos e para tanto inclui a classificação biológica. A escola lineana funda a ciência da classificação, contribuindo com as definições de **caráter, táxon e as categorias taxonômicas**, criando sistemas hierárquicos de classificação biológica. A escola lineana também inicia a nomenclatura biológica, buscando a universalidade e a estabilidade dos nomes científicos, destacando-se o primeiro **conceito de espécie tipológica**. Opondo-se ao subjetivismo lineano, surge a escola fenética, com sua abordagem empírica. No século vinte a fenética, já na forma de taxonomia numérica, opõe-se principalmente ao subjetivismo da escola gradista. A fenética contribui com a distinção dos **estados de caráter** e introduz o conceito matemático de matriz para a análise de caracteres. Com o advento da teoria evolutiva, as classificações são aperfeiçoadas pela escola gradista, emergindo os conceitos de **homologia** que define primeiros **grupos monofiléticos** e de **homoplasia** que identifica **grupos polifiléticos** os quais são eliminados das classificações biológicas. O gradismo destaca dois processos evolutivos, a **anagênese** e a **cladogênese**, criando o **conceito biológico de espécie**. Dentro de uma filosofia do empirismo lógico, surge, da década de 1950 a escola cladista que busca a formulação de hipótese de grupos monofiléticos no sentido estrito. A cladística identifica os estados evolutivos mais antigos (**plesiomorfias**) e as novidades evolutivas (**apomorfias**). Esta última escola destaca que a anagênese é o processo que forma as apomorfias e a cladogênese serve de marco para separar os táxons monofiléticos. Assim, as **sinapomorfias** (apomorfias compartilhadas) servem para de-

finir os grupos monofiléticos ao invés das homologias. A cladística também identifica grupos parafiléticos, que foram definidos pelo gradismo com base em **simplesiomorfias** (plesiomorfias compartilhadas). A cladística propõe a eliminação dos grupos parafiléticos das classificações biológicas. Novidades evolutivas exclusivas (**autapomorfias**) definem as espécies atuais. Desta forma, a cladística propõe um novo conceito de espécie, o **conceito filogenético de espécie**.

Bibliografia

AMORIM, D. de S. **Elementos básicos de sistemática filogenética**. São Paulo: Sociedade Brasileira de Entomologia, 1994.

CRISCI, J. V.; ARMENGOL, M. F. L. **Introducción a la teoría y práctica a la taxonomía numérica**. Washington, D.C.: Organización de los Estados Americanos (O.E.A), 1983.

HENNIG, W. Phylogenetic Systematics. **Ann. Rev. Ent.**, v. 10, p. 97-116, 1965.

LA SOTA, E. R. **La Taxonomía y la Revolución en las Ciencias Biológicas**. Washington, D. C.: Organización de los Estados Americanos (O. E. A.), 1973.

MARTINS, U. R. **A nomenclatura zoológica**. In: N. PAPAVERO (Organizador), Fundamentos Práticos de taxonomia zoológica: coleções bibliografia, nomenclatura. Belém: Museu Paraense Emílio Goeldi / CNPq / SBZ, 1983.

SIMPSON, G. G. **Princípios de taxonomia animal**. Lisboa: Fundação Calouste Gulbenkian, 1971.

MAYR, E. **Principles of systematic zoology**. New Delhi: Tata McGraw-Hill, 1971.

WILEY, E. O. **Filogenetics: teory and practice of phylogentic systematic**. New York: John Wiley & Sons, 1981.