

Evidências da Evolução

AULA

2

objetivos

Ao final desta aula, você deverá ser capaz de:

- Interpretar fenômenos da Natureza como evidências da evolução.
- Relacionar a sucessão estratigráfica de fósseis com sucessão temporal.
- Diferenciar os efeitos da descendência e da convergência evolutiva na produção ou manutenção de semelhanças entre organismos.
- Enumerar as principais evidências morfológicas e moleculares da evolução.

INTRODUÇÃO

Na aula passada, fizemos uma série de 12 perguntas relacionadas à observação de fatos da Natureza. Pedimos que você pensasse bem sobre o maior número possível de explicações – dentro e fora da evolução – para aqueles fatos. Como você verá na próxima aula (Um histórico da Evolução), o reconhecimento da evolução como processo gerador da biodiversidade aconteceu muito recentemente na história da civilização ocidental. Somente nos últimos 200 anos, os filósofos e cientistas começaram a se dar conta de que os fósseis resultavam de seres que viveram no passado (e não apenas de pedras parecidas com animais ou plantas); de que muitos deles eram de espécies que não existem hoje em dia (e não apenas animais que sempre existiram e que foram petrificados recentemente); e de que a Terra tinha uma história geológica antiga (e não apenas os cinco ou seis mil anos de história humana).

Vamos apresentar aqui, brevemente, as evidências que permitiram aos cientistas concluir que a evolução ocorreu e ainda ocorre. Serão apresentadas as constatações factuais, cuja explicação mais evidente é a evolução. Os processos responsáveis pela evolução, ou seja, os modos como a evolução ocorre, serão apresentados ao longo do curso. Após cada evidência da existência da evolução, também apresentaremos evidências alternativas que serviriam para demonstrar o contrário, ou seja, para provar que a evolução não existiu. Em ciência, freqüentemente devemos nos perguntar: que resultados fariam com que se **tornasse falsa** minha hipótese? Esse tipo de abordagem chama-se **teste da falseação**, e foi introduzido por Karl Popper (você leu sobre ele no início do curso de Genética). De maneira geral, dizemos que uma teoria se fortalece quando estão claras, na sua formulação, as maneiras de falseá-la. Nesse contexto, teorias científicas permanecem válidas enquanto não são refutadas/falseadas.

EVIDÊNCIA 1 – O REGISTRO FÓSSIL

Duas informações do registro fóssil constituem importantes evidências da evolução da vida. A primeira é a ordem cronológica em que os fósseis se encontram, nas várias camadas geológicas. A segunda é a existência de formas intermediárias entre grupos considerados aparentados evolutivamente.

Para entender a importância da primeira evidência, vamos considerar que você, por acaso, não goste muito de arrumar sua mesa de trabalho (o mesmo raciocínio pode ser usado para o chão do seu quarto!). Dessa forma, ao longo dos dias, você vai colocando toda a correspondência que chega em uma pilha em cima da mesa (ou as roupas usadas em várias camadas em algum canto do chão do quarto). Depois de duas semanas (**Figura 2.1**), você se lembra de que precisa pagar uma conta de telefone que chegou há dez dias e está para vencer. Onde você vai procurá-la? No topo da pilha?



Figura 2.1: Pode existir ordem cronológica no meio da bagunça em uma mesa de trabalho.



É provável que ela não esteja no topo, mas se encontrar mais próxima, ao fundo da pilha. Quando começa a procurar, você se lembra de que, na mesma época em que chegou a conta do telefone, você também havia recebido um convite para um casamento que iria acontecer na semana seguinte. Você continua procurando, sabendo que, quando encontrar a conta, o convite também vai estar por perto (na mesma localização na pilha de papéis). De maneira geral, podemos dizer que os documentos mais antigos estarão mais para o fundo da pilha e os mais recentes, mais para o topo; existirá uma relação entre **estratigrafia** (isto é, a posição nos vários estratos ou camadas da sua pilha) e tempo. Se a evolução não existisse, fósseis de todos os tipos deveriam encontrar-se em todas as camadas. No entanto, o que se observa é que, nas camadas mais profundas encontram-se os organismos estruturalmente mais simples, e a complexidade estrutural aumenta conforme se investigam as menos profundas. Assim, em rochas de três bilhões de anos, que normalmente se encontram nas regiões fossilíferas mais profundas, nós só observamos fósseis de bactérias. Já em rochas de dois bilhões de anos, aparecem os primeiros eucariotos, embora estes

não sejam os que conhecemos hoje em dia, pois são organismos muito simples, unicelulares. Organismos multicelulares levam outro bilhão de anos para aparecer (e mais vários metros de rocha para cima da pilha). Os primeiros animais só vão aparecer em rochas de cerca de meio bilhão de anos (580 milhões) e são exatamente o que esperaríamos encontrar nas partes mais profundas: esponjas e anêmonas do mar. A partir daí, o processo se acelera: em rochas com apenas 20 milhões de anos a mais do que aquelas em que estão as esponjas e anêmonas, já encontramos os primeiros moluscos e equinodermas. Até hoje não foi encontrada nenhuma rocha com mais de 500 milhões de anos que apresentasse animais terrestres. Tais animais (principalmente insetos) só vão aparecer em rochas de 400 milhões de anos, e os primeiros répteis e aves só apareceram nas camadas mais superficiais, de 300 milhões de anos. Os mamíferos, então, só vão aparecer em rochas de 100 milhões de anos.

A mesma estratigrafia é observada com as plantas. Nenhuma rocha estudada até hoje, de mais de 200 milhões de anos, tem fósseis de plantas de flores, apesar de essas rochas apresentarem fósseis de samambaias, cuja resistência à fossilização é a mesma que a das fanerógamas. Apesar de as plantas que se reproduzem por flores serem predominantes hoje em dia, no registro fóssil elas só vão aparecer nas camadas mais superficiais, com menos de 70 milhões de anos. Quer dizer, então, que a maioria dos dinossauros nunca viu uma flor?



De fato, se considerarmos que os dinossauros apareceram na Terra cerca de 300 milhões de anos atrás, e se extinguiram há cerca de 50 milhões de anos, então somente os das épocas mais tardias conviveram com fanerógamas. Assim, florestas, como as que conhecemos atualmente, formadas por árvores lenhosas, não possuem representantes fósseis em camadas com mais de 100 milhões de anos. A relação entre posição estratigráfica e complexidade estrutural é uma evidência muito forte de que a evolução aconteceu. Se encontrássemos fósseis de todas as formas de vida juntos, nos mesmos estratos, nós falsearíamos a teoria evolutiva atual. Se encontrássemos, por exemplo, fósseis de dinossauros misturados com fósseis de macacos, ou se encontrássemos fósseis de mamíferos nas rochas de mais de dois milhões de anos, ou de plantas lenhosas em estratos mais antigos do que os fósseis de pteridófitas, nós teríamos uma evidência de que a teoria evolutiva, como a conhecemos, seria falsa.

Agora responda: Por que as camadas de rochas mais antigas apresentam fósseis geralmente diferentes dos encontrados nas camadas mais recentes?



Porque os organismos da Terra foram mudando ao longo do tempo, e os encontrados nas rochas mais profundas representam vestígios da fauna mais antiga.

A segunda evidência fóssil importante é a existência de formas intermediárias na evolução dos organismos. Se a evolução não tivesse ocorrido, e todas as espécies tivessem surgido há alguns bilhões de anos, extinguindo-se com o tempo, não esperaríamos encontrar formas intermediárias entre fósseis mais antigos e fósseis mais recentes. No entanto, apesar de o processo de fossilização ser muito raro, de maneira que a maioria das espécies acaba não deixando nenhum registro, temos vários exemplos dessas formas intermediárias, como aquelas entre dinossauros e aves (o *Archaeopterus*, veja **Figura 2.3**), entre mamíferos terrestres e baleias e entre macacos e homens. Você já viu vários desses exemplos em outros cursos (Diversidade dos Seres Vivos e Grandes Temas em Biologia) e verá ainda melhor na aula sobre fósseis e evolução humana.

EVIDÊNCIA 2 – A UNIDADE DA VIDA

Se todas as espécies tivessem aparecido simultânea e independentemente, elas poderiam ter encontrado soluções semelhantes para problemas semelhantes, mas não deveriam apresentar uma homogeneidade estrutural, bioquímica e fisiológica; alguns animais poderiam não ter a célula como sua unidade básica, por exemplo. Da mesma forma, a não ser a descendência de um ancestral comum, não existe razão para explicar por que organismos tão diferentes, como bactérias, fungos, bananeiras, ostras, macacos e peixes tivessem, todos, o DNA como molécula carregadora da informação genética. Nem seriam os códigos genéticos responsáveis pela tradução dos genes em proteínas praticamente idênticos em todos esses organismos.



Figura 2.2: Sucessão estratigráfica de fósseis. Os fósseis mais antigos se encontram nas camadas mais profundas.



Figura 2.3: Fóssil de *Archaeopteryx*, uma forma intermediária entre os dinossauros e as aves atuais.

Então, pense bem e responda: por que é o ATP a principal molécula transmissora de energia em todos os seres vivos, se outros nucleotídeos, como o GTP, o CTP e o TTP têm propriedades que os tornam igualmente eficazes para esse processo? Por que a meiose de todos os animais é praticamente idêntica? Por que, dos mais de 200 aminoácidos conhecidos, apenas os mesmos 10% são usados para fazer as proteínas de todos os seres vivos? Por que, das centenas de alternativas termodinamicamente equivalentes para a degradação da glicose produzindo energia (a glicólise, como você já estudou em Bioquímica), apenas uma está presente em praticamente todos os seres vivos?



A resposta é simples: essas semelhanças moleculares entre todos os seres vivos ocorrem porque eles são descendentes dos mesmos ancestrais que encontraram soluções originais eficazes desde o início da evolução. Essas soluções foram selecionadas e mantidas em todos os seus descendentes, ao longo da evolução.

A cada ano são descobertas cerca de 4.000 novas espécies de animais e plantas. Se, em uma delas, os ácidos nucléicos não forem a base da hereditariedade, ou ainda se o seu código genético for completamente diferente daquele dos outros seres vivos, ou ainda se o seu ciclo de Krebs for completamente substituído por outra via de produção aeróbica de energia, teremos uma boa evidência para falsear a teoria evolutiva.

EVIDÊNCIA 3 – ÁRVORES FILOGENÉTICAS

Uma das características de nossa espécie é a capacidade de organizar as coisas. Assim, dado um grupo de objetos, podemos facilmente construir uma classificação para eles. Podemos, por exemplo, classificar uma coleção de figurinhas, livros ou camisas, em grupos, de acordo com o tipo, cor etc.

Uma biblioteca é uma coleção organizada de livros. O biblioteconomista pode decidir classificá-los por tipo, por assunto, por nome de autor, por antigüidade ou até por tamanho. Dentro de cada grupo, os livros podem ser rearranjados em subgrupos, e assim por diante. No final, para facilitar o trabalho de localização dos livros, podemos, inclusive, produzir uma árvore de classificação (veja a **Figura 2.4**). Era assim que a taxonomia era vista no princípio, e todos os nomes dos grandes grupos taxonômicos que usamos até hoje (Cnidaria, Insecta, Mammalia, Primatas...) foram criados muito antes de se pensar em evolução.

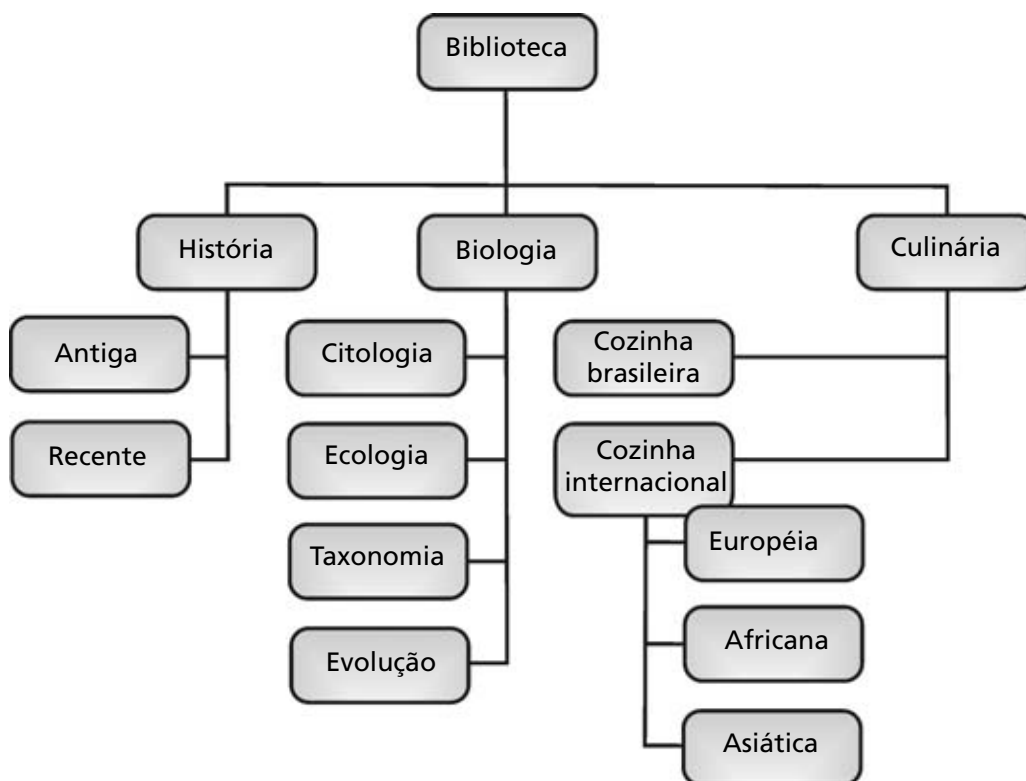


Figura 2.4: Uma árvore possível de classificação de livros em uma biblioteca.

A palavra **primitivo** tem várias conotações no uso diário das pessoas. Alguns associam primitividade a coisa atrasada, de pouco valor. Como na frase “Ventilador é muito primitivo; bom mesmo é ar-condicionado”. Outras pessoas idolatram a idéia de primitivo, acham que o primitivo é o melhor, entendendo aí o primitivo como a Natureza, em oposição ao progresso e suas mazelas. Como na frase “o que eu queria mesmo era ter uma vida primitiva, sem as complicações do escritório”. Quando um evolucionista fala de **primitivo**, ele usa a palavra no seu significado mais puro. *Primus*, em latim, quer dizer “o primeiro”. Então, primitivas são as espécies mais ancestrais, e os caracteres (morfológicos, moleculares etc.) que elas possuem. O oposto de primitivo, para um evolucionista, é **derivado**. Observe que usar a palavra “primitivo” para uma espécie atual, mesmo que ela seja pertencente a um dos primeiros grupos a aparecerem na evolução (como as esponjas, por exemplo) é incorreto. Afinal, se os animais primitivos eram esponjas, isso não significa que uma esponja que existe hoje em dia seja também primitiva. Afinal, ela teve mais de 500 milhões de anos para evoluir até o que ela é agora. E, como todos descendemos de um ancestral comum, isso significa que elas tiveram exatamente o mesmo tempo que nós para evoluir! Só que nós seguimos outros caminhos evolutivos, que provocaram grandes divergências morfológicas em relação aos nossos ancestrais, enquanto que as esponjas atuais permanecem mais parecidas com as esponjas primitivas.

Se a teoria da evolução está correta, e a diversidade do planeta foi produzida por especiações e mudanças, desde as espécies primitivas (veja o boxe sobre o uso da palavra **primitivo**) até as atuais, deve ser possível fazer uma árvore de classificação que não represente apenas as semelhanças e diferenças entre grupos, mas também reflita o padrão filogenético do grupo (*phylum* = grupo; *genesis* = origem).

Suponhamos, então, que você fosse classificar um grupo de animais que contivesse um morcego, uma onça, um pardal e um gambá. Você poderia decidir que a presença de asas é uma característica importante, agrupando, assim, o morcego com o pardal. Pelo que você já conhece de Biologia, esse agrupamento está errado. Por quê?



Apesar de parecer muito simples, essa questão é básica em toda a taxonomia. A chave para responder a essa pergunta é a corroboração dos caracteres. Se os caracteres dos seres vivos estão evoluindo continuamente, então esperamos que classificações construídas com vários caracteres independentes (morfologia, química, genética) sejam, de maneira geral, concordantes, e que as discordâncias eventuais possam ser explicadas dentro do próprio processo evolutivo. Assim, essa classificação de animais em alados e não alados – juntando morcegos e aves em um grupo – conflitaria com classificações baseadas em outros caracteres morfológicos, fisiológicos e moleculares, e poderia ser explicada pelo processo de convergência morfológica causada pela seleção natural.

A corroboração das árvores filogenéticas (árvores de classificação que refletem relações de parentesco entre as espécies) através de vários caracteres independentes é, talvez, a demonstração mais forte da realidade da evolução.

Uma das coisas que tornam uma árvore filogenética diferente de outras árvores de classificação é que as linhas que ligam os grupos representam verdadeiros elos de ancestralidade. Os nós, nos quais as linhas se encontram, representam ancestrais, e a profundidade da árvore pode ser vista como representação do tempo.

Vamos fazer um pequeno exercício. Considere a seguinte lista de animais: esponjas, águas-vivas, insetos, lacraias, camarões, mexilhões, serpentes, lagartos, crocodilos, pardais, baleias, vacas, humanos, chimpanzés, cangurus, sapos, atuns, estrelas-do-mar.

Mostre esses animais a algumas pessoas que não saibam Biologia; procure incluir, no mínimo, uma criança de menos de 10 anos. Se ela não conhecer algum dos animais, procure mostrar, pelo menos, uma figura de um dos livros do curso de Zoologia ou, melhor ainda, mostre o bicho, se possível.

Agora, peça-lhes que tentem juntar esses animais em grupos de dois ou três. Anote os grupos formados. Depois, peça que os reagrupe em grupos maiores. Anote os novos supergrupos. Continue o processo até que todos os animais e grupos formem um único grupo, que seria chamado “animais” (ou, mais corretamente, Metazoa).

Use as informações dos grupos sugeridos por cada pessoa, para construir uma árvore filogenética. Compare as árvores. Elas são parecidas ou diferentes?



Compare as árvores feitas com o apresentado na **Figura 2.5**, que inclui, agora, também outros organismos.

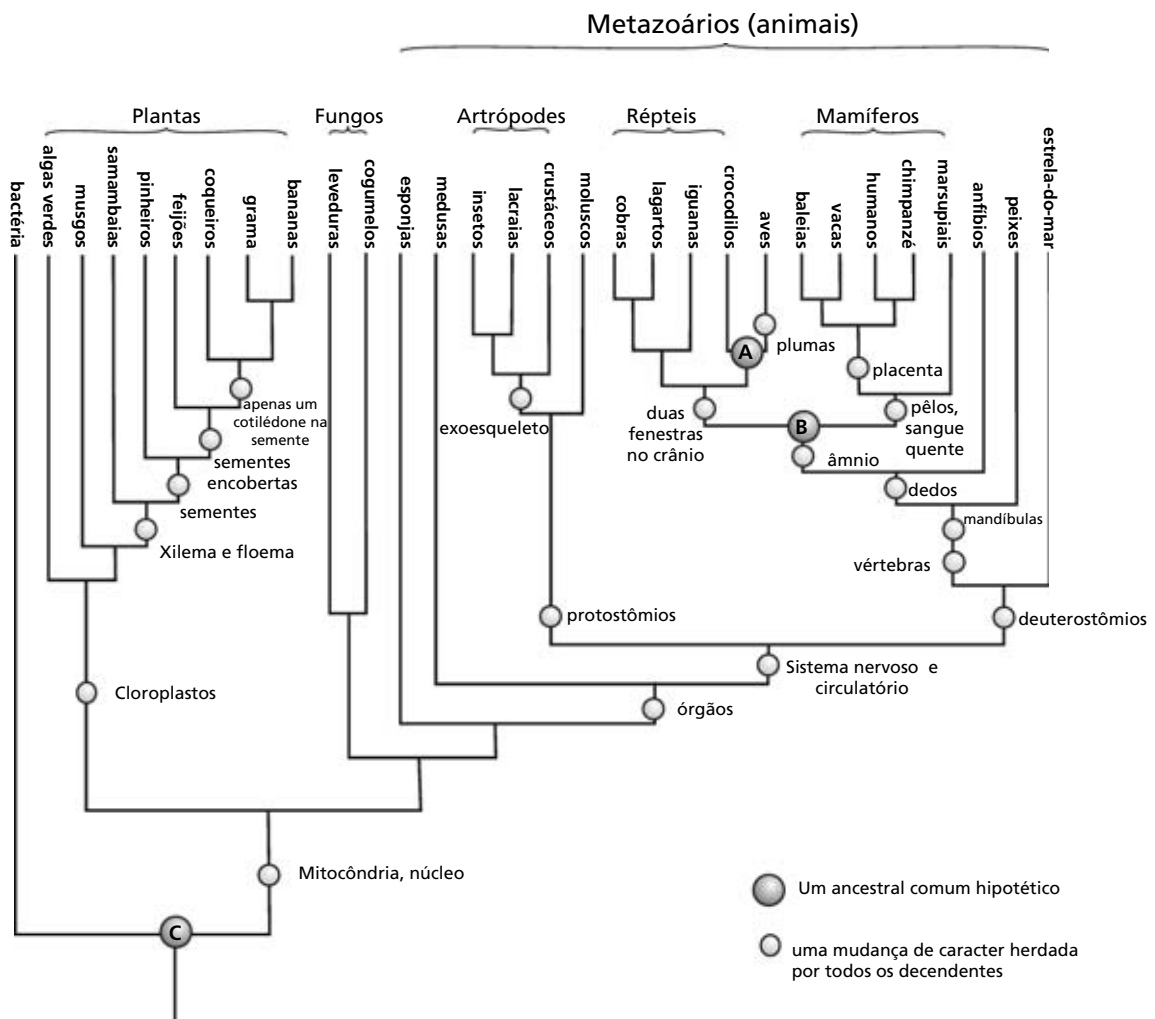


Figura 2.5: Árvore filogenética com representantes dos principais grupos vivos na Terra.

Essa árvore inclui membros de alguns dos grupos de seres vivos da Terra. Existem 10^{41} (1.000.000.000.000.000.000.000.000.000.000.000.000.000) maneiras de se construir uma árvore com essas mesmas 30 espécies. No entanto, os agrupamentos apresentados na árvore são tão naturais que, se déssemos a várias crianças a tarefa de classificar esses organismos por semelhança, elas chegariam a árvores bastante parecidas (compare com as árvores que seus colegas e crianças fizeram). É claro que haveria surpresas, como talvez o grupamento das baleias com os peixes. E a maior parte das pessoas certamente não juntaria aves com crocodilos, apesar de sabermos hoje em dia que eles são aparentados. Mesmo assim, as árvores construídas pelas crianças seriam, estatisticamente, altamente correlacionadas e semelhantes à árvore filogenética da **Figura 2.5**. Essa árvore é corroborada por caracteres morfológicos, fisiológicos e por um número enorme de caracteres moleculares independentes (genes de várias regiões dos genomas dos organismos). Mais importante ainda: a árvore produzida com seqüências de DNA é também corroborada com o registro fóssil, de modo que muitos dos ancestrais hipotéticos (os nós) da árvore são encontrados, e sua posição nas várias camadas de rocha corresponde bem com o esperado, com base na topologia da árvore. Essa corroboração, por métodos independentes, é uma evidência clara da evolução dessas espécies a partir de ancestrais comuns. Se nós tivéssemos, por exemplo, um número grande de genes apoiando a ligação entre aves e morcegos, em vez de apoiar a união desses organismos a seus grupos respectivos, que foram construídos claramente fundamentados na evidência fóssil, estaríamos falseando a teoria evolutiva.

O uso da Genética Molecular tem revolucionado o estudo da evolução. Hoje em dia, seqüências de DNA são usadas intensamente para esclarecer as relações filogenéticas dos seres vivos. Elas foram úteis, inclusive, para “ver” a evolução em ação! Algumas pessoas dizem que, como a evolução acontece tão devagar, nós não podemos vê-la, e que, por não podermos testá-la objetivamente (fazendo uma evolução no laboratório, por exemplo), ela não pode ser considerada uma Ciência de verdade. No entanto, além de o argumento estar errado em princípio (senão também não seriam ciências, por exemplo, a Física Atômica ou a História), ele também está errado na prática, pois a evolução já foi demonstrada em laboratório. Vejamos um exemplo: os vírus evoluem muito rapidamente, podendo haver centenas de gerações em um ano. Assim, em 1992, foi feito um

experimento (HILLIS *et al.*, 1992), em que uma filogenia verdadeira foi construída usando-se vírus bacteriófagos, que são fáceis de cultivar e se multiplicam rapidamente (Figura 2.6).

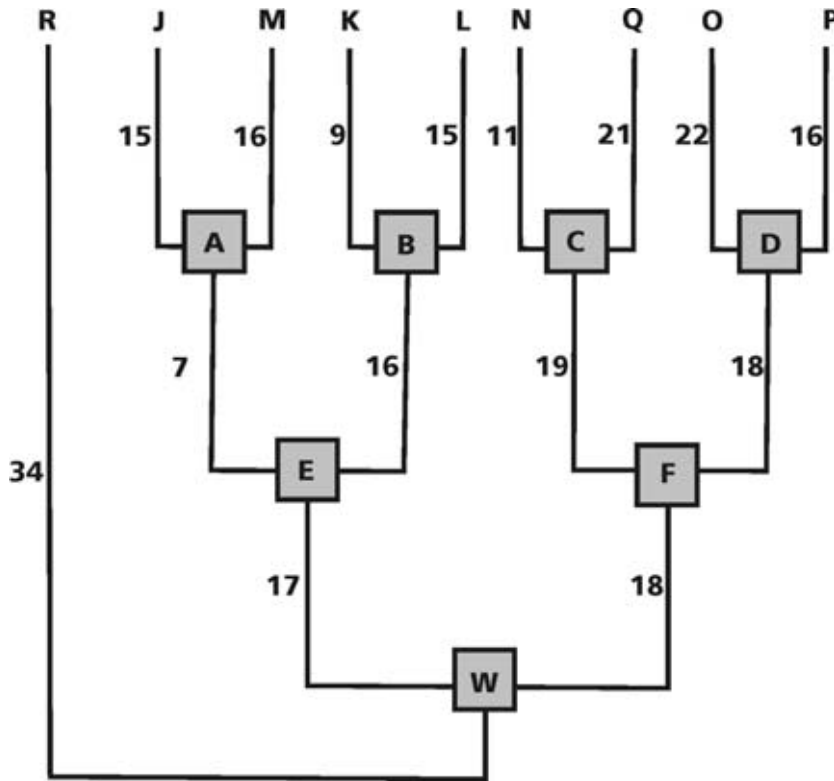


Figura 2.6: Evolução de vírus produzida artificialmente em laboratório. Linhagens de vírus eram separadas e reproduzidas por várias gerações. Depois, cada grupo era separado em dois; esses dois novos grupos eram deixados reproduzir novamente por várias gerações. Por exemplo, o cultivo do ancestral “W” foi dividido em dois, que foram deixados evoluindo independentemente. Um grupo foi reproduzido por 17 gerações, gerando o ancestral “E”. O outro foi reproduzido por 18 gerações, gerando o ancestral “F”. Esse processo simula a evolução de uma espécie com vários eventos de separação geográfica.

Essa filogenia foi feita em laboratório, a partir de uma linhagem original que era subdividida propositamente após um número variável de gerações, de modo a simular eventos de especiação (na árvore é mostrado, ao longo das linhas, o número de gerações de cada uma; foram usados números variáveis para melhor simular a evolução de uma população natural). Como os cientistas tinham controle total sobre essa filogenia, eles puderam também analisar cada um dos ancestrais (as letras A-F e W), além das “espécies atuais” (J-R). O número possível de árvores diferentes com essas nove espécies é maior que 135.000. No entanto, pesquisadores independentes e que não sabiam do padrão evolutivo real (por ter sido feito um exame às cegas) reconstruíram a árvore correta em todos os casos, usando apenas as seqüências gênicas das linhagens terminais (de J a R, na Figura 2.6).

Um outro exemplo foi a reconstrução do ancestral hipotético de todos os vírus da AIDS do tipo HIV-I, feito em 1998, a partir de 111 seqüências de vírus de pessoas contaminadas. A seqüência de DNA

desse ancestral hipotético foi comparada com outra, encontrada em uma amostra de plasma de uma pessoa que morreu em 1959, no Congo Belga, na África (na época, ainda não se conhecia a doença AIDS e a morte havia sido atribuída a algum mal desconhecido). A seqüência hipotética foi extremamente semelhante (com alta significância estatística) à seqüência de 1959 (ZHU *et al.*, 1998).

EVIDÊNCIA 4 – AS RESTRIÇÕES EVOLUTIVAS

Uma das conseqüências da evolução é que as espécies, ao se adaptarem a novas condições, necessariamente usam modificações de estruturas preexistentes. Se todas as espécies houvessem aparecido simultaneamente, suas estruturas estariam adaptadas aos seus ambientes de maneira perfeita e independente. Por exemplo, não seria muito mais vantajoso ter asas além das quatro patas (como aparece na figura mitológica de Pégaso) a ter de escolher entre ter os membros superiores funcionando como braços ou como asas? E não seria muito mais conveniente para as baleias e golfinhos se eles tivessem brânquias, em vez de necessitarem de todas as adaptações complexas para otimizar o uso do oxigênio do ar, mesmo vivendo no mar? No entanto, o que observamos na Natureza é o uso surpreendente de adaptações de estruturas preexistentes, para novas funções. Essas estruturas (como as asas dos pingüins adaptadas à natação, ou as membranas entre os dedos das mãos dos morcegos adaptados ao vôo) são sempre restritas pelas contingências evolutivas dos seus ancestrais e demonstram a freqüente conservatividade morfológica na Natureza (ou, como Linnaeus dizia, *Natura non facit saltum*: “Natureza não faz saltos”). Se a evolução não existisse e as criaturas da Natureza tivessem aparecido simultaneamente, desenhadas perfeitamente para suas funções, poderíamos ver mamíferos com asas verdadeiras ou com penas (que são melhores isolantes térmicos do que pêlos), aves aquáticas com nadadeiras, golfinhos com brânquias e aves corredoras (como o avestruz) com quatro patas, em vez de asas vestigiais. Aliás, as estruturas vestigiais são também uma boa evidência da evolução.

EVIDÊNCIA 5 – FORMAS VESTIGIAIS

Se as espécies evoluem a partir de outras, elas herdam dessas outras os genes que determinam seus caracteres morfológicos e bioquímicos, mesmo que nem sempre esses genes sejam úteis às novas condições de vida. Os caracteres que já não são úteis nas novas condições de vida das espécies deixam de ser mantidos pela seleção natural (como você verá na Aula 5), de modo que as mutações aleatórias que surgem nos genes que os codificam não são mais eliminadas. As formas determinadas por esses genes tornam-se, então, vestigiais.

Lamarck estava plenamente consciente de tais formas vestigiais, mas via nelas uma evolução necessária e conseqüente do desuso. Para Darwin, no entanto, as formas vestigiais seriam apenas uma evidência do que acontece com as características que deixam de ser mantidas pela seleção natural. Existem vários exemplos de formas vestigiais na Natureza. Temos, assim, os olhos de várias espécies fossoriais (que vivem em cavernas onde não existe luz), como algumas variedades do peixe *Astianax mexicanus* e da salamandra *Proteus anguinus* que, apesar de viverem em total escuridão e serem cegas, têm, ainda assim, olhos (no caso de *Proteus*, os olhos, apesar de invisíveis externamente, estão escondidos sob a pele). As jibóias, que são répteis descendentes de animais de quatro patas, apresentam vestígios de quadris, apesar de já não terem nenhum vestígio de pernas. Estruturas vestigiais encontram-se também em plantas. Por exemplo, os dentes-de-leão (*Taraxacum sp.*) possuem sementes, mas elas são produzidas assexuadamente; no entanto, produzem pólen como se fossem plantas sexuadas. No caso do dente-de-leão, o pólen produzido é perdido, e representa, assim, uma estrutura vestigial dos seus ancestrais sexuados.

Existem também formas vestigiais diretas nos genes. No nosso genoma, por exemplo, cerca de 20% das seqüências reconhecíveis como codificantes (as “cadeias de leitura aberta”, que você aprendeu em Genética) são de pseudogenes, que podem ser vistos como vestígios de genes. Os pseudogenes são, em geral, produzidos pela duplicação de genes funcionais. Essa duplicação permite o relaxamento da seleção natural em uma das cópias, que passa a acumular mutações até não produzir mais uma proteína funcional. Os pseudogenes, assim, não exercem sua função original, mas servem como indicadores dos genes que já existiram. Dessa

forma, apesar de não funcionarem, os pseudogenes de espécies próximas são muito semelhantes. Se os nossos pseudogenes fossem mais semelhantes aos das vacas do que aos dos macacos, por exemplo, nós teríamos uma evidência falseadora da hipótese da origem evolutiva comum entre nós e os outros primatas. No entanto, nos cromossomos, nós temos praticamente os mesmos pseudogenes e nas mesmas posições, que os macacos.

EVIDÊNCIA 6 – A HERANÇA COMUM DO INÚTIL

Como vimos anteriormente, na evidência 4, as espécies possuem restrições às possibilidades de adaptação ao ambiente, que são consequência de sua história evolutiva. Essas restrições fazem com que as soluções encontradas pelas espécies, na sua adaptação ao meio, sejam, freqüentemente, imperfeitas. O projeto Genoma Humano (e vários outros projetos genoma, como o de moscas, vermes, fungos e plantas) mostrou uma enorme redundância e a presença de uma quantidade formidável de DNA não codificante. No caso de nossa espécie, por exemplo, apenas 2% de todo nosso DNA serve para produzir proteínas, enquanto 45% do DNA total é composto de transposons que, quase sempre, não têm nenhuma função para o organismo (você leu sobre transposons no curso de Genética). No entanto, apesar de praticamente não terem função, a posição de vários transposons nos cromossomos humanos é praticamente idêntica àquela encontrada nos outros primatas. O mesmo se observa nos íntrons (você viu íntrons no curso de Genética) que, em geral, não têm função específica e apresentam altas taxas de mutação. A posição dos íntrons é bastante conservada evolutivamente, e quase todos os íntrons dos mamíferos encontram-se nas mesmas posições dos genes. Ter coisas em comum com outros organismos, quando elas servem para algo, poderia ser visto como uma evidência não da evolução, mas do encontro de soluções comuns na criação desses organismos. Assim, o fato de nós termos, em comum com os macacos, sangue quente e pêlos, poderia ser visto não como evidência de que somos parentes, mas sim como evidência de que essas características são as melhores para o tipo de vida que nós e os macacos levamos. No entanto, ter em comum coisas que não têm função, que sequer são expressas durante nosso desenvolvimento, é uma evidência clara de nosso parentesco.

EVIDÊNCIA 7 – A HERANÇA COMUM DO ÚTIL

Quando espécies semelhantes têm estruturas ou moléculas semelhantes, uma explicação alternativa à ancestralidade em comum é a convergência evolutiva. Assim, pode ser que o fato de termos cinco dedos nas mãos, como os macacos, não esteja ligado ao fato de sermos descendentes da mesma espécie, mas a alguma vantagem de ter cinco, em vez de quatro ou seis dedos na mão. No entanto, se fosse demonstrado que o número de dedos não era importante para sua função (digamos que, por exemplo, qualquer número entre quatro e dez fosse igualmente útil), então, ter o mesmo número de dedos poderia ser interpretado mais facilmente como evidência de origem comum. No caso dos dedos, não temos essa evidência; no entanto, em alguns caracteres moleculares amplamente estudados, como o gene do citocromo c (que faz parte da cadeia de transporte de elétrons), isso já foi demonstrado. Essa proteína existe em todos os seres vivos que usam oxigênio como aceptor final de elétrons na respiração. Curiosamente, apesar de fundamental, essa proteína aceita ampla variação em sua seqüência, desde que respeitada sua estrutura tridimensional. Assim, foi demonstrado que leveduras nas quais o gene do citocromo c foi retirado conseguem sobreviver usando citocromo c humano, apesar de as duas proteínas terem mais de 40% de diferenças (TANAKA *et al.*, 1989).

Estudos de modelagem em computador e confirmações experimentais mostraram que o número de seqüências de aminoácidos, que são igualmente eficazes em manter a função do citocromo c, é superior ao número de átomos no universo. Assim, não existiria nenhuma vantagem adaptativa que pudesse explicar uma semelhança entre o citocromo c de espécies próximas, de modo que seqüências semelhantes seriam mais bem explicadas pela existência de um ancestral comum. Portanto, se encontrássemos espécies consideradas muito próximas, mas que tivessem seqüências de aminoácidos do citocromo c muito diferentes, teríamos um falseamento da hipótese evolutiva. Quando comparamos as seqüências de aminoácidos do citocromo c de humanos e as dos chimpanzés, no entanto, verificamos que elas são idênticas.

EVIDÊNCIAS 8, 9, 10

Ao longo do curso, novas evidências lhe serão apresentadas. Você também pode encontrar as suas, a partir da observação da Natureza e da releitura do que já aprendeu, por exemplo, em Zoologia ou em Bioquímica. Algumas das evidências que foram apresentadas aqui só puderam ser percebidas a partir do desenvolvimento de técnicas moleculares sofisticadas, como o seqüenciamento de DNA. Outras evidências, como o registro fóssil e o estudo de estruturas vestigiais, já eram conhecidas no século XIX. Na próxima aula, você aprenderá como essas evidências foram interpretadas historicamente por vários pensadores e biólogos, e como Darwin as usou, meticulosamente, para apresentar sua Teoria da Evolução.

RESUMO

A partir de ancestrais comuns, vários fatos da Natureza podem ser explicados, de maneira simples, pela evolução. Existem evidências de vários tipos, como: a) a estratigrafia dos fósseis; b) a existência de fósseis de formas intermediárias entre organismos; c) a presença dos mesmos tipos de estruturas moleculares em todos os seres vivos; d) a corroboração das árvores filogenéticas com evidências moleculares e paleontológicas; e) os experimentos de evolução acelerada em laboratório com vírus; f) as maneiras com que as espécies se adaptam ao meio, levando em conta, cada vez, as estruturas preexistentes (e sendo contingenciadas por elas); g) as formas vestigiais morfológicas e moleculares; h) as heranças comuns do que é útil e do que é inútil. Essas evidências são indicações fortes, mesmo consideradas individualmente, do padrão de ancestralidade comum dos seres vivos. Tomadas em conjunto, elas constituem prova clara do fato da evolução biológica.

ATIVIDADES FINAIS

1. Qual seria o impacto, para a teoria evolutiva, se fossem encontrados, em todos os estratos geológicos, fósseis idênticos de todos os tipos de animais e plantas?

RESPOSTA

Seria muito difícil sustentar a teoria evolutiva se não existisse diferenciação estratigráfica entre os vários fósseis. Se encontrássemos fósseis de seres humanos junto a fósseis de dinossauros, por exemplo, teríamos de rediscutir o conhecimento atual da evolução dos vertebrados.

2. A glicólise é uma via metabólica importante para a geração de energia. Existem várias maneiras de se gerar energia a partir da degradação da glicose. No entanto, a maior parte dos animais usam as mesmas enzimas, na mesma ordem, para produzir piruvato a partir da glicose. Por quê?

RESPOSTA

Porque essas vias metabólicas foram estabelecidas no início da evolução da vida e foram mantidas com poucas alterações pela seleção natural nos vários organismos.

3. Por que o compartilhamento de características inúteis pode ser uma evidência mais forte do que o de características úteis para inferir relações evolutivas entre os organismos?

RESPOSTA

Porque o compartilhamento de características úteis pode ser o resultado de convergência evolutiva. Assim, o fato de morcegos e pardais terem asas ocorreu porque, em suas evoluções, houve a convergência para uma estrutura (a asa) que era extremamente útil na sua biologia (uma maneira mais correta de descrever essa convergência é dizer que, dentro das linhagens das aves e dos morcegos, organismos que tinham capacidade de vôo foram selecionados).

4. Cite uma evidência morfológica, uma evidência bioquímica e uma evidência genética da Evolução.

RESPOSTA

Evidências morfológicas: estruturas vestigiais, evolução de características como modificação de outras preexistentes (asas do morcego); **evidências bioquímicas:** vias metabólicas comuns, uso do ATP como fonte de energia; **evidências genéticas:** padrões filogenéticos concordantes com o uso de genes diferentes, posição igual de íntrons e pseudogenes.

5. Em 1999, um professor dinamarquês, de Educação Física, foi acusado de ter abusado sexualmente de alguns de seus alunos. Além dessa acusação, também foi incriminado por tentativa de homicídio, pois sabia que era portador do vírus da AIDS e nada fez para proteger suas vítimas da contaminação. Ele negou as acusações, argumentando que uma de suas possíveis vítimas, um garoto de 15 anos, que também apresentava o vírus, havia sido contaminado por alguma outra pessoa. Como a contaminação do garoto teria ocorrido três anos antes de o caso ter vindo ao conhecimento da Justiça (quando o garoto tinha 12 anos), e como o vírus HIV tem uma taxa de mutação muito elevada, de modo que a população viral de cada pessoa é diferente, o tradicional argumento forense de encontrar uma identidade total entre criminoso e vítima não podia ser usado. No entanto, a acusação pôde, ainda assim, usar evidências moleculares nas seqüências de dois genes do vírus, e isso foi decisivo na condenação do acusado (MACHUCA *et al.*, 2001). Eles determinaram as seqüências desses genes nos vírus do acusado, da criança e de 16 outras pessoas infectadas residentes na mesma cidade, e as compararam, também, com seqüências de bancos de dados. Que tipo de resultado eles devem ter tido que tenha servido para convencer o júri de que o acusado era, de fato, culpado?

RESPOSTA

Se o acusado fosse inocente, seria esperado que, ao se fazer uma árvore filogenética com as seqüências dos vírus, as seqüências do rapaz de 15 anos se juntariam com as das outras 16 pessoas, em alguma posição aleatória na árvore. No entanto, as seqüências do vírus do rapaz e do acusado ficaram mais próximas umas das outras do que daquelas dos vírus de 16 pessoas da população local. Isso demonstrou que o vírus do rapaz e o vírus do acusado tinham origem comum.

AUTO-AVALIAÇÃO

Existe uma quantidade enorme de evidências na Natureza para o fato da Evolução. No entanto, frequentemente essas evidências são negadas ou confundidas, como você verá na aula sobre creacionismo (Aula 29 de nosso curso). Esperamos que você, nesta aula, tenha concluído que a quantidade enorme de evidências pode ser explicada, de maneira simples e lógica, pela evolução da vida na Terra. Se você entendeu bem essas evidências, e é capaz de usá-las até em um bate-papo informal sobre evolução, parabéns! Algumas das evidências apresentadas são mais simples de entender, como o registro fóssil ou as restrições evolutivas à evolução da forma. Outras são um pouco mais difíceis, pois exigem conhecimentos prévios sobre filogenia ou biologia molecular, como as evidências na evolução dos pseudogenes e dos íntrons. Talvez seja interessante você dar uma revisada nessas partes, se tiver dificuldade em entender essas evidências. O exercício 5 é importante, pois mostra como o conhecimento de Evolução pode ter aplicações nas áreas mais improváveis, como numa Corte de Justiça. Mas ele também é difícil de responder. Se você não conseguiu respondê-lo na primeira tentativa, leia-o agora que você já viu a resposta e procure seguir a explicação dada.