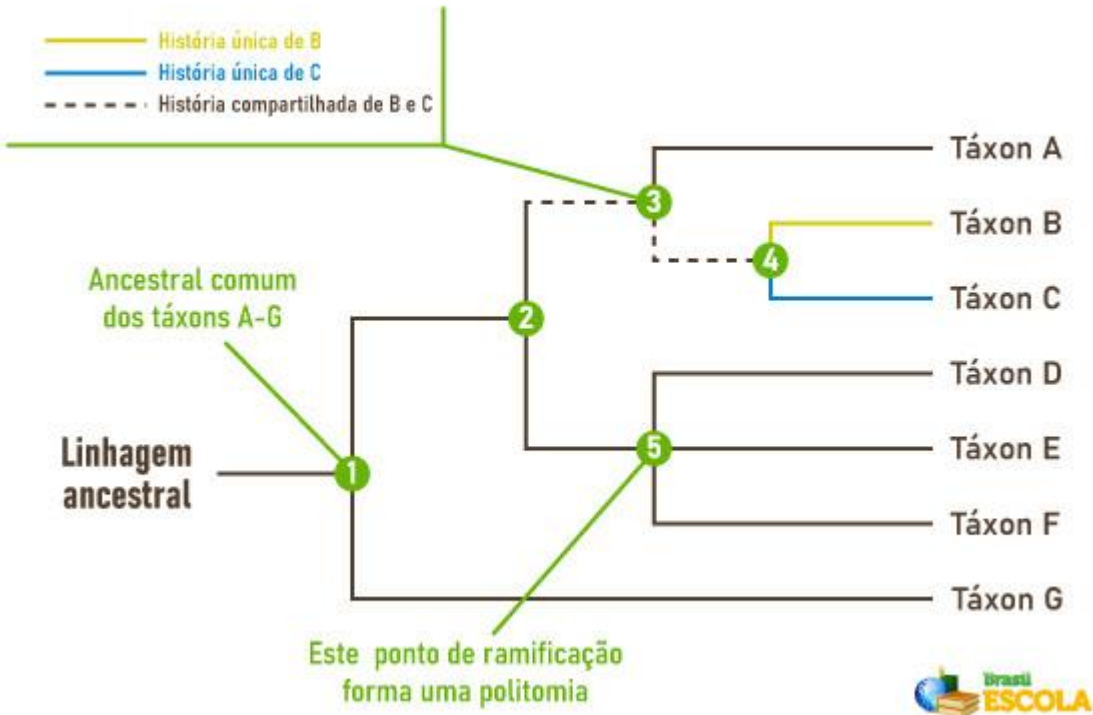


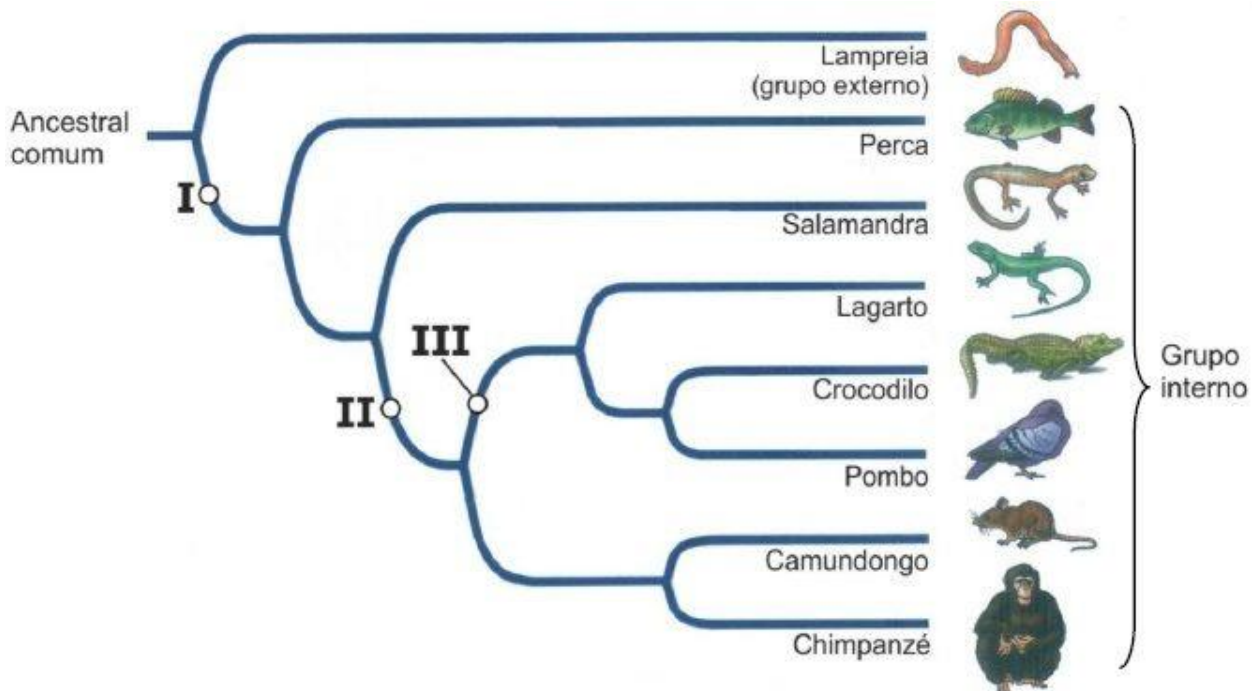
C. E. GERAQUE COLLET - CONTEUDO PROGRAMÁTICO – 2024		
Profº José Marcondes Gomes Felix	DISCIPLINA : BIOLOGIA	
SÉRIE: 1º FG	TURMA: 1001	3º bimestre

Filogenia

Filogenia trata-se da história evolutiva de uma espécie ou de um grupo de espécies. Estudar a filogenia é como estudar uma árvore genealógica.



Observe os pontos de ramificação presentes nessa árvore.



Filogenia pode ser definida, de maneira simplificada, como a história evolutiva de uma **espécie** ou de um conjunto de espécies distintas. Podemos comparar o estudo da filogenia com o estudo de uma **árvore genealógica**. Estudando a filogenia, podemos conhecer os ancestrais de uma espécie e compreender como determinadas características surgiram naqueles organismos.

Por muito tempo, acreditou-se que os seres vivos primitivos eram organismos inferiores, e que eles sofreram modificações até se tornarem organismos mais avançados, uma ideia que leva a crer que a **evolução** ocorre em um esquema de escada, estando os organismos superiores no topo. Hoje sabemos, no entanto, que a evolução é melhor representada por uma árvore, com vários ramos.

Árvore filogenética

ÁRVORE DA VIDA

A ideia de ancestralidade comum a todos os seres vivos é a base da Teoria da Evolução

ANTES

A Teoria da Grande Cadeia dos Seres, proposta por Aristóteles (384 a.C. - 322 a.C.), defendia que a evolução era responsável por aperfeiçoar as espécies e o homem era o ponto mais elevado dessa cadeia - ideia que ainda hoje tem espaço no senso comum.

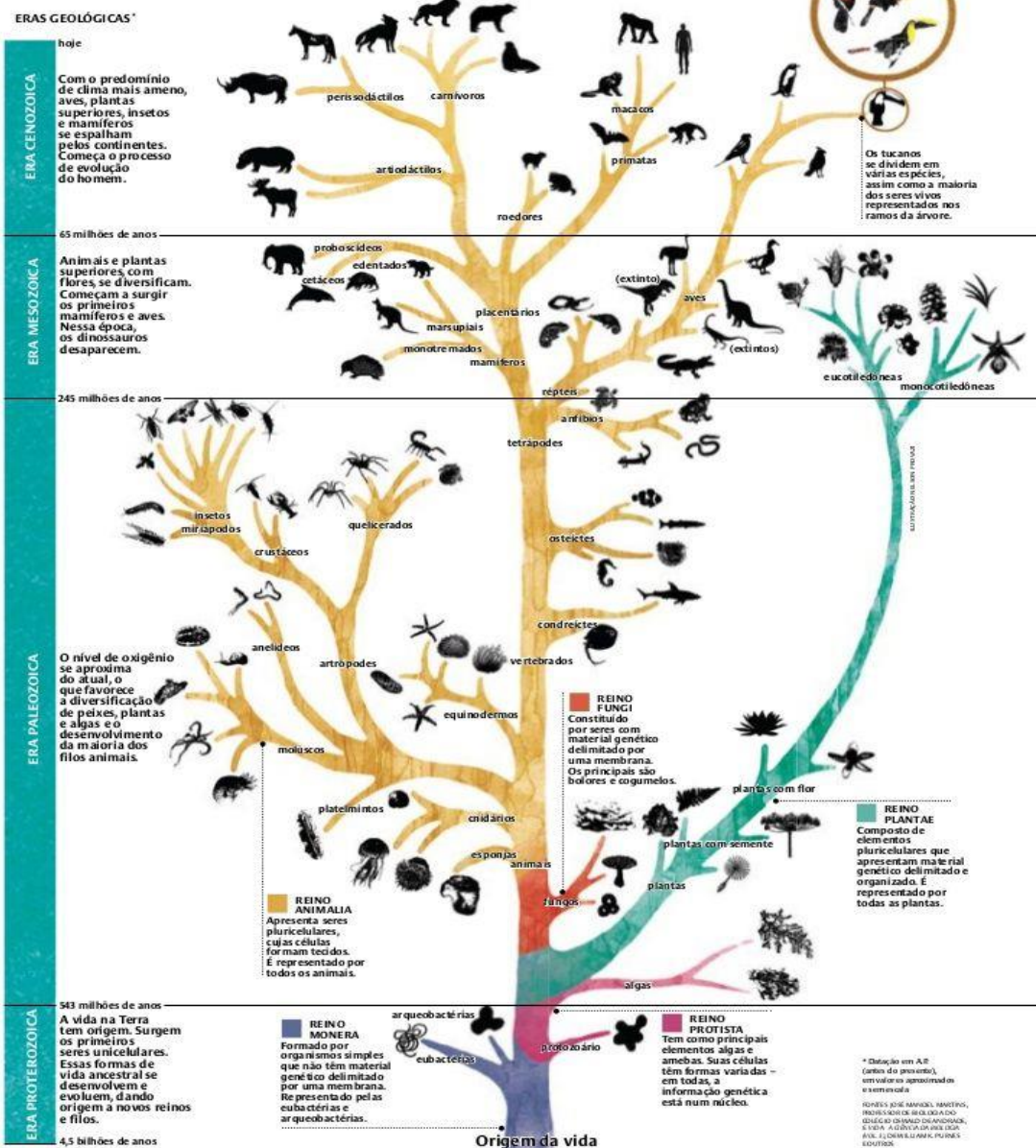
DARWIN

Para expressar melhor suas ideias sobre o processo de descendência e ligação entre os seres, ele escreveu "I think" (Eu penso) e desenhou um diagrama (à direita). Nele, as formas mais antigas de vida ficavam na base, enquanto as espécies se ramificavam de um tronco central.



DEPOIS

A divisão dos seres vivos em cinco reinos - a mais comum nas escolas - foi criada por Robert Whittaker (1920-1980). De lá surgiu a árvore filogenética (abaixo). Com o avanço da Genética, surgiram novas classificações, em até 18 reinos, mas não há consenso sobre isso.



As árvores filogenéticas nada mais são que a **representação da história evolutiva de uma espécie**. Essas representações **devem ser lidas da base para as pontas**, sendo a base a história mais antiga e as pontas a história mais recente daquele táxon.

As árvores filogenéticas são formadas frequentemente por uma série de **dicotomias ou pontos de ramificação** de duas vias, nos quais as linhagens se divergem, ou seja, onde ocorre uma especiação. Se observarmos a figura seguinte, perceberemos que, em cada ponto de ramificação, uma linhagem ancestral dá origem a, geralmente, duas linhagens-filhas. Cada uma dessas linhagens apresenta sua própria história evolutiva, sendo uma parte dessa história compartilhada com outras linhagens.

Quando observamos que de um ponto de ramificação surgem mais de dois grupos de descendentes, temos uma **politomia** (veja ponto de ramificação 5). A presença de uma politomia indica, geralmente, que as relações evolutivas observadas entre os grupos de seres vivos ainda não são bem definidas. Aprofundamento no estudo desses grupos pode fazer com que essa politomia seja resolvida. Outra explicação para as politomias é a ocorrência de especiações rápidas que ocorreram ao mesmo tempo, originando diferentes linhagens.

Em uma árvore filogenética, quando observamos dois organismos que compartilham um ancestral comum imediato, chamamo-los de **táxons-irmãos** (exemplo: táxon B e C). Isso significa que esses organismos são muito próximos entre si. O termo **táxon basal** é usado para se referir a uma linhagem que se originou próximo do ancestral comum do grupo, divergindo-se precocemente na história evolutiva do grupo estudado (exemplo: táxon G).

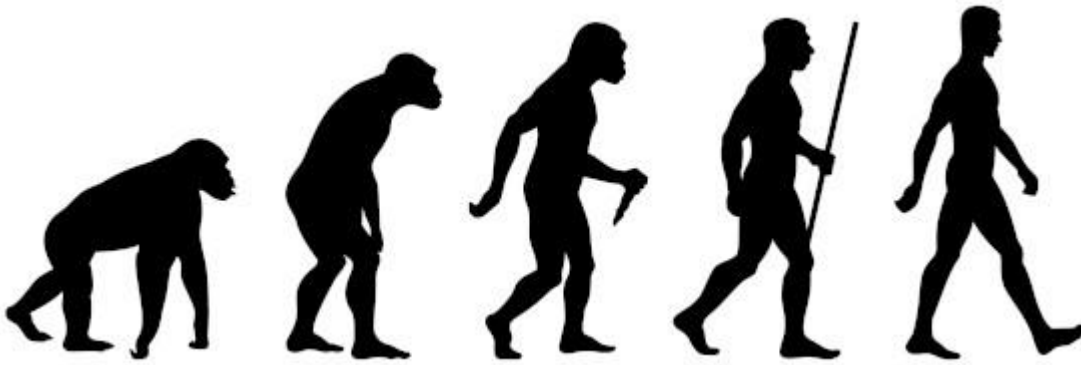
É importante destacar que, quando falamos de árvores filogenéticas, **não estamos nos referindo às semelhanças fenotípicas**, ou seja, os organismos mais próximos não são necessariamente os mais parecidos morfológicamente.

Outro ponto importante a ser destacado é o fato de que **o comprimento dos ramos não está relacionado com o tempo**. Sendo assim, ao interpretarmos uma árvore filogenética, a não ser que informações sobre tempo estejam inclusas, nosso foco deve ser as descendências e não as datas de quando esses eventos ocorreram.

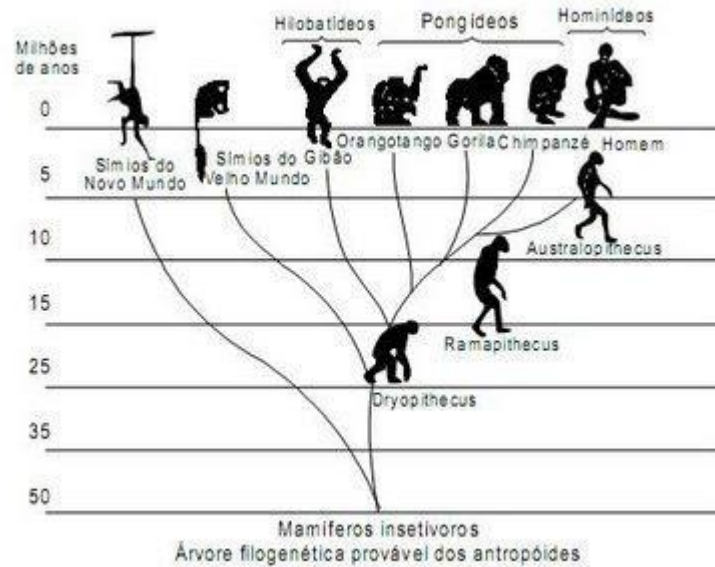
Por fim, não podemos nunca dizer que um ser vivo evoluiu a partir de uma espécie próxima dele, podemos apenas afirmar que **eles possuem ancestral comum**. Além de todos os pontos já destacados, é importante frisar que as árvores filogenéticas **não devem ser interpretadas de modo a considerar que alguns táxons são mais avançados que outros**.

Filogenia da espécie humana

Até os dias atuais, ainda há muita confusão quando o assunto é a evolução da espécie humana. É muito comum ouvirmos que os seres humanos evoluíram de **chimpanzés**. Entretanto, ao observarmos a história evolutiva dessas espécies, percebemos que eles, na realidade, **compartilham um ancestral comum**, apresentando, portanto, um parentesco próximo. Esse ancestral, no entanto, não se trata nem de um humano, nem de um chimpanzé, como muitos pensam.



A figura dá uma ideia incorreta de que a evolução ocorre de maneira progressiva.



Outro ponto importante diz respeito à forma como a história evolutiva da espécie é representada. Apesar de a figura anterior ser muito difundida, está completamente incorreta. Isso se deve ao fato de que o desenho passa uma concepção de que a evolução humana ocorreu com base na mudança de seres inferiores até o surgimento de seres mais avançados, que seriam os seres humanos modernos. A imagem passa uma ideia de superioridade da nossa espécie, uma ideia de progresso, a qual não deve ser disseminada.