

**Pirula**

BIÓLOGO FENÔMENO DO YOUTUBE

**Reinaldo José Lopes**

AUTOR DO LIVRO *1499,  
O BRASIL ANTES DE CABRAL*

# **DARWIN SEM FRESCURA**

*Como a ciência evolutiva  
ajuda a explicar algumas  
polêmicas da atualidade*

 Harper  
Collins

Copyrighted image

**disula**

Copyrighted image

Copyright © 2019 por Paulo Pedrosa e Reinaldo José Lopes

Todos os direitos desta publicação são reservados à Casa dos Livros Editora Ltda.

Nenhuma parte desta obra pode ser apropriada e estocada em sistema de banco de dados ou processo similar, em qualquer forma ou meio, seja eletrônico, de fotocópia, gravação etc., sem a permissão do detentor do copyright.

DIRETORA EDITORIAL

**Raquel Cozer**

GERENTE EDITORIAL

**Renata Sturm**

EDITORA

**Diana Szylit**

PREPARAÇÃO

**Opus Editorial**

REVISÃO

**Bonie Santos**

**Guilherme Bernardo**

CAPA, PROJETO GRÁFICO,

DIAGRAMAÇÃO E PESQUISA ICONOGRÁFICA

**Anderson Junqueira**

IMAGENS DA CAPA

*Archaeopteryx*: ZHAO Chuang/PNSO

*Fósseis*: J. Erxleben/Commons

*Peixe*: Hein Nouwens/Shutterstock.com

*Lírio*: Sundra/Shutterstock.com

*Libélula*: Tania Anisimova/Shutterstock.com

IMAGENS DO LIVRO

metha1819/Shutterstock.com

Alex Rockheart/Shutterstock.com

Puwadol Jaturawutthichai/Shutterstock.com

Catherine Glazkova/Shutterstock.com

Hein Nouwens/Shutterstock.com

Alex Rockheart/Shutterstock.com

ZU\_09/iStock.com

Briseis Painter/Commons

Hermann Schaaffhausen/Commons

Matteo de Stefano/MUSE/Commons

Ernst Haeckel/Commons

James Fergusson/Commons

Gustav Mützel/Commons

P752d

Pirula

Darwin sem frescura : como a ciência evolutiva ajuda a explicar algumas polêmicas da atualidade / Pirula, Reinaldo José Lopes. - Rio de Janeiro : HarperCollins, 2019.

Bibliografia

ISBN: 9788595085145

1. Vida - Origem 2. Evolução (Biologia) 3. Ciências 4. Seleção natural I. Título II. Lopes, Reinaldo José

19-0215

CDD 573.5

CDU 576

---

Os pontos de vista desta obra são de responsabilidade de seu autor, não refletindo necessariamente a posição da HarperCollins Brasil, da HarperCollins Publishers ou de sua equipe editorial.

HarperCollins Brasil é uma marca licenciada à Casa dos Livros Editora LTDA.

Todos os direitos reservados à Casa dos Livros Editora LTDA.

Rua da Quitanda, 86, sala 218 – Centro

Rio de Janeiro, RJ – cep 20091-005

Tel.: (21) 3175-1030

[www.harpercollins.com.br](http://www.harpercollins.com.br)



# SUMÁRIO

*Apresentação*

**O MELHOR DOS DOIS MUNDOS**

*Agradecimentos*

**PIRULA**

*Agradecimentos*

**REINALDO**

*Brevíssima introdução*

**EVOLUÇÃO SEM FRESCURA**

*Capítulo 1*

**AS PEÇAS DE LEGO DA EVOLUÇÃO**

*Capítulo 2*

**ELOS PERDIDOS?**

*Capítulo 3*

**QUANDO A VIDA QUASE SUMIU**

*Capítulo 4*

**COMO A EVOLUÇÃO ADICIONA INFORMAÇÃO AO GENOMA**

*Capítulo 5*

**HOMOSSEXUALIDADE É NATURAL, VIADA!**

*Capítulo 6*

**TROCA DE CASAIS NA PRÉ-HISTÓRIA**

*Capítulo 7*

**A EVOLUÇÃO DO CERTO E DO ERRADO**

*Capítulo 8*

**PASSADO RECENTE, PRESENTE E FUTURO DA EVOLUÇÃO HUMANA**

**SOBRE OS AUTORES**

*Apresentação*

# **O MELHOR DOS DOIS MUNDOS**

*Atila Iamarino*

Copyrighted image



● que um elo perdido e um sacissauro de uma perna só têm a ver com hobbits paleolíticos? Muito, começando pela Evolução. E pela colaboração de dois autores muito complementares. Pirula é um biólogo, mestre e doutor em zoologia, com especialização na paleontologia de crocodilos (aqueles quase dinossauros, mas não tão legais), que discute ciência e em especial Evolução em seu canal em muitos (longos) vídeos. Reinaldo é jornalista, mestre e doutor em linguística, com especialização na obra de J.R.R. Tolkien (aquele do quase *Game of Thrones* que mata menos personagens e não mata a esperança), editor de ciência (por mais tempo que gostaria de admitir) nos principais meios impressos do país, como *Folha de S.Paulo*, *Scientific American*, *Ciência Hoje* e *Superinteressante*.

O resultado é o melhor dos dois mundos, em um livro que vai de uma introdução ao que é a Evolução e a diversificação da vida até o nosso senso de moral, em um contexto com exemplos muito raros em obras científicas – o brasileiro. A cada capítulo, fica fácil reconhecer o preciosismo, o cuidado com conceitos e as explicações claras que sempre espero dos vídeos do Pirula. E a leveza, o bom humor e a abrangência que encontro em cada texto e livro do Reinaldo que leio. Extinções, fossilização, como a Evolução cria

novidades biológicas, cenas picantes do Paleolítico e até temas espinhosos como moral e a moral que esperamos dos nossos vizinhos... tudo isso é tratado por meio de conceitos e explicações que ajudam mesmo quem não tem familiaridade com a biologia a entender como a Evolução colocou o dedo (e muito mais) em todos os cantos da vida. Você vai sair mais informado, mais intrigado e com certeza se perguntando por que raios os dois não explicaram mais assuntos dessa forma antes.



# do **PIRULA**

**S**em sombra de dúvida, a primeira pessoa a quem preciso agradecer é o Reinaldo. Eu fui surpreendido com o convite para escrever um livro ao lado dele, um autor de mão cheia, que já escreveu inúmeros títulos e textos que sempre admirei muito. Nem sei se estou à altura de seu talento e de sua “nerdice”, mas adorei a experiência, e o primeiro livro é sempre algo que emociona. Agora me falta apenas ter um filho e plantar uma árvore. Além disso, o Reinaldo foi um parceiro e tanto na escrita destes capítulos, sempre revisando atentamente, dando sugestões e tendo a paciência necessária para lidar comigo. Em seguida, preciso agradecer enormemente aos amigos André Souza, Caio Gomes, André Rabelo e Ana Arantes pela revisão minuciosa de alguns dos capítulos, tarefa que aceitaram prontamente, de forma desprendida e generosa, e cujos apontamentos foram extremamente relevantes para que este livro ficasse pronto.

Agradeço aos meus pais, especialmente por serem compreensivos com as minhas poucas visitas. E por último, mas não menos importante, meu agradecimento à Carolina Jesper, por sua revisão impecável de todos os textos, pelas sugestões e melhorias, pelo incentivo, pela paciência necessária para lidar comigo, além de seu amor e carinho constantes, sem os quais eu não estaria aqui escrevendo livros. Ou sequer respirando.



**G**ostaria de agradecer, antes de mais nada, a generosidade do meu colega de livro, mestre Pirula, por abraçar a ideia de escrever estas páginas praticamente sem pensar duas vezes, mesmo com a rotina corrida de produzir vídeos, apresentar-se pelo Brasil em teatros e universidades, cuidar daquela barba de Zeus latino e paparicar seu gato. O fato de participarmos juntos da iniciativa Science Vlogs Brasil – o maior “condomínio” de divulgação científica do YouTube brasileiro, para quem não sabe – também ajudou muito, assim como o apoio e o companheirismo dos nossos colegas por lá. No toma lá dá cá de versões de capítulos ao longo de vários meses, ele sempre foi bem-humorado, gentil e um escritor de mão-cheia. Espero poder ler mais livros dele em breve – e fazer outros com ele também.

Agradeço finalmente à minha família – Tania, Miguel e Laura – pela paciência com a minha impaciência enquanto eu escrevia, e a todos os amigos, de longe e de perto, com quem mal tive tempo de bater um papo tranquilo nos últimos tempos. Prometo que daqui para a frente vai ser melhor.

# *Brevíssima introdução*

## **EVOLU** Copyrighted image **D** **SEM FRESCURA**

○brigado, obrigado de coração a você, pessoa que abriu este livro. O.k., a gente sabe que existem zilhões de volumes sobre Evolução por aí — embora ainda haja poucos, relativamente falando, em português do Brasil, e menos ainda escritos originalmente na nossa língua. Por que, então, você deveria comprar e ler este aqui em vez de qualquer coisa escrita pelo velho Richard Dawkins (que, aliás, recomendamos)?

Bem, nós discutimos exatamente isso na primeira conversa por telefone sobre os planos de escrever este livro, em algum momento de 2017. Na época, o Pirula fez uma observação interessante: “Cara, o problema é que o Dawkins é praticamente um lorde, um *Sir*. Embora ele seja muito didático, as referências literárias e até biológicas dele são muito focadas nesse universo inglês. A gente precisa de algo que atinja o pessoal daqui de um jeito mais direto”.

Daí o livro que está nas suas mãos neste momento. Digamos, para simplificar, que o conceito por trás dele seja algo como “Evolução sem frescura”, com referências, raciocínio e lógica que façam sentido para qualquer pessoa alfabetizada deste país. Ninguém aqui quer entrar para a Academia Brasileira de Letras (apesar de que, se convidarem, até aceitamos...): o que queremos é explicar a teoria mais importante da biologia da maneira mais clara, imediata e divertida possível e, o que é

melhor, sem abrir mão da profundidade. Você quer detalhes? Terá detalhes, gentil leitor – de um jeito que conseguirá entender, pode apostar.

Copyrighted image

Uma palavrinha sobre os tópicos do livro antes de seguirmos em frente. É óbvio que o tema é vastíssimo – afinal de contas, literalmente *tudo* o que diz respeito aos seres vivos é impactado pela teoria da Evolução. Para isto aqui não virar uma enciclopédia, tivemos de fazer algumas escolhas com base no que achamos mais interessante, mais inovador ou que talvez toque mais diretamente as pessoas. Por isso, os capítulos iniciais tratam do básico: o que é a seleção natural, quais são os outros processos evolutivos essenciais, como interpretamos os fósseis (especialidade profissional do Pirula, paleontólogo com doutorado e tudo o mais) e as grandes extinções que moldaram a vida na Terra. Depois disso, falamos bastante da genômica, o estudo do DNA, que tem fortalecido ainda mais as bases da biologia evolutiva. E damos, é claro, peso considerável ao que sabemos sobre a evolução do ser humano, incluindo aspectos como a natureza da homossexualidade e o lado biológico das nossas ideias sobre o certo e o errado “morais”. Tem até um pouco de futurologia no finalzinho.

Mais uma vez, a gente agradece o interesse – e deseja boa leitura!



# Capítulo 1

**AS PI**

Copyrighted image

**DE LEGO**

**DA EVOLU**

Copyrighted image



Copyrighted image



Copyrighted image



**S**e você quiser, pode ficar à vontade para ler os capítulos deste livro fora de ordem, do jeito que der na telha – menos este.

Falando sério: comece por aqui, especialmente se esta é a primeira vez que você tenta entender o tema pra valer. A teoria da Evolução tem esse nome não por ser “só uma teoria” (no sentido de “ideia chutada sem base em fatos”), como às vezes dizem os desinformados e os picaretas, mas porque é um conjunto consistente de conceitos que ajuda a dar sentido a uma quantidade gigantesca de dados sobre os seres vivos. Sem a teoria da Evolução, a história da vida na Terra não passaria, no fundo, de uma sucessão de fatos desconexos. Com ela, uma lógica avassaladora emerge – capaz não apenas de explicar o que já conhecemos, mas também de prever o formato de peças do quebra-cabeça da vida que ainda nem chegamos a ver. Esse é o verdadeiro significado de “teoria” em ciência: poder explicativo e preditivo.

O termo-chave do parágrafo acima – e do capítulo inteiro – é “lógica”. Claro que existem detalhes chatinhos e complicados de entender no que sabemos sobre a evolução dos seres vivos. Entretanto, as ideias centrais, das quais todo o resto deriva, são claras feito água de ribeirão quando a gente consegue desempacotá-las (água de ribeirão? É, a gente sabe, metáfora de caipira – culpa do Reinaldo, aquele capiau). Eis nossa tarefa neste capítulo: explicar os pontos centrais dessa lógica. Domine-os e você terá dado passos de gigante para entender qualquer fenômeno biológico. Portanto, vamos a eles.

## SELEÇÃO NATURAL

Já disseram por aí que o conceito de seleção natural foi a melhor ideia que um ser humano teve em todos os tempos. Pode ser exagero, pode não ser, mas o fato é que ela é central para a biologia — e, o melhor de tudo, é fácil de entender, bastando ter um tiquinho de paciência.

Primeiro requisito para a seleção natural funcionar: a variabilidade natural entre os seres vivos dentro de cada espécie. Ninguém precisa se enfurnar na Amazônia ou mergulhar num recife de coral para se dar conta disso — basta olhar para as pessoas na rua ou comparar seu cachorro com o do vizinho. Animais (e plantas, e cogumelos, e micróbios) naturalmente diferem entre si em tamanho, coloração, química do organismo, comportamento.

Mas não basta variar. A variabilidade precisa ter um componente hereditário, ou seja, as diferenças visíveis e detectáveis entre um indivíduo e outro têm de surgir, ao menos em parte, de algo que pode ser passado de pai ou mãe para filho ou filha com certo grau de confiabilidade, de geração em geração. Para simplificar, a gente começa com o tipo mais comum de componente hereditário da variabilidade dos seres vivos: diferenças no genoma (o conjunto do DNA).

O genoma dos seres humanos, por exemplo, é formado por cerca de 3 bilhões de pares de “letras” químicas (se você gosta de comparações de cair o queixo, isso dá mais ou menos 8 mil vezes o número de caracteres com espaços no texto deste livro; seu DNA poderia ser uma biblioteca de 8 mil livros). Esses pares são formados por quatro “letrinhas” diferentes (as bases nitrogenadas), correspondentes às seguintes moléculas: A (adenina), T (timina), C (citosina) e G (guanina) — por razões bioquímicas que não vêm ao caso agora, o A só se parecia com o T, enquanto o C só se une ao G. Às vezes, ocorrem mutações: em essência, errinhos de cópia do DNA, que precisa ser replicado toda vez que uma célula do seu corpo dá origem a outras. Tais alterações podem ser coisas aparentemente bobas — a troca de uma única letra por outra, em meio a 3 bilhões — ou podem ser a duplicação ou a deleção de trechos pequenos ou grandes do genoma. Varia muito.

Se essas mutações acontecerem nos óvulos de uma moça ou nos espermatozoides de um rapaz, e se esses óvulos e/ou espermatozoides se unirem de forma a gerar um bebê, a criança carregará essa variação no DNA em seu organismo e poderá passar a dita-cuja aos próprios filhos algum dia. A natureza do genoma é tal que algumas mutações, pelo que sabemos, não fazem diferença nenhuma. Outras, porém, equivalem a uma mudança na “receita” usada pelas células para construir o organismo – pense no genoma como a enciclopédia de culinária (ou, vai saber, a WikipédiaCozinha) que contém todas essas receitas. E é mais ou menos isso o que explica as diferenças genéticas entre as pessoas que vemos por aí.

O.k., naturalmente você quer um exemplo concreto, então a gente vai usar um que está na moda: intolerância (e tolerância) à lactose. Tem gente que realmente não consegue digerir leite e derivados direito depois de adulta, porque seu sistema digestivo não sabe mais como “quebrar” a tal lactose, um tipo de molécula de açúcar encontrado no leite. Quem faz esse serviço de quebrar a molécula, dividindo a lactose em pedacinhos menores que o intestino consegue absorver, é a *lactase* (veja só como uma letra faz diferença), que pertence a um grupo de substâncias dedicadas a esse tipo de tarefa, chamadas enzimas. Na maioria das pessoas do mundo – talvez 65% delas –, as instruções contidas no DNA levam a uma espécie de desligamento da produção de lactase no sistema digestivo por volta dos cinco anos de idade. O que, afinal, faz sentido: durante milhões e milhões de anos, o único leite que nossos ancestrais tomavam era o do seio da mamãe quando eram pequenos.

Mas, veja você, a variabilidade genética ligada à produção de lactase existe e é bem relevante para a nossa conversa. Populações europeias, do Oriente Médio, da Ásia Central e de alguns lugares da África carregam, com frequência relativamente elevada, mutações que essencialmente transformam o sujeito num eterno bebezão quando o assunto é leite. Ou seja: o organismo dessas pessoas nunca deixa de produzir lactase ao longo da vida. Isso acontece porque essas mutações, cada uma a seu modo (existem várias



por aí), alteram a regulação do gene que contém a receita para a produção da lactase, quer dizer, em que circunstâncias ele é “lido” pelas células.

Bem, já temos nosso caso concreto de variabilidade genética. Falta o ingrediente final e decisivo para a seleção natural funcionar: a ligação entre a variação em certas características e o sucesso reprodutivo. “Ué? Sucesso reprodutivo? E a luta pela sobrevivência?”, perguntará alguém por aí (é, você mesmo, não precisa ficar com vergonha, não). Sejam claros agora: no que diz respeito à seleção natural, sobreviver com sucesso é importante, sem dúvida, mas só até o ponto em que isso ajuda o sujeito a deixar descendentes férteis neste planeta depois que ele partir. Gatinhos castrados podem levar vida de príncipes mundo afora, com longevidade capaz de deixar muita jaguatirica por aí vesga de inveja, mas eles basicamente perderam por w.o. na grande competição evolutiva. Características que ajudam um indivíduo a viver mais e/ou melhor não passam, no fundo, e jeitos mais ou menos complicados de aumentar as chances de que, um dia, ele faça o que realmente interessa: gerar prole.

Vamos voltar ao rolo da lactose/lactase. Recapitulando, há variação (pessoas diferentes reagem ao açúcar do leite de modo distinto) com componente hereditário (a intolerância à lactose ou a capacidade de digeri-la frequentemente, ainda que nem sempre, dependem das mutações que o sujeito carrega ou deixa de carregar). E sim, tudo indica que existe uma ligação forte entre variabilidade genética e sucesso reprodutivo, ao menos em algumas populações. Cabras, ovelhas e vacas começaram a ser domesticadas faz uns 10 mil anos, e não demorou muito para que o leite e seus derivados, além da carne dos bichos, começassem a ser consumidos por seres humanos adultos. O interessante é que as técnicas de extração de DNA de esqueletos humanos antigos permitem concluir que, na Europa, a frequência das mutações favoráveis à digestão de lactose durante a vida adulta era muito baixa (na faixa dos 5% ou menos) *antes* da domesticação de animais. E nos milênios *depois* da domesticação? A frequência dispara caso a cultura da região incluía grande consumo de laticínios, especialmente leite fresco. Na Europa Ocidental, por exemplo, as mutações pró-leite (ou

“lactase-persistentes”, se você quiser um termo mais científico) hoje estão presentes em algo entre 65% e 100% da população, dependendo do país (a taxa tende a aumentar conforme você vai para o norte e o oeste: irlandeses e escandinavos quase sempre são lactase-persistentes; com espanhóis e portugueses, a chance é bem menor, embora também seja alta).

Essa mudança é muito sugestiva de que a seleção natural está atuando: indivíduos com as mutações que ajudam a digerir leite têm mais chances de sobreviver e se reproduzir e, com isso, eles e seus descendentes vão se tornando cada vez mais comuns na população. Não é só na Europa que isso acontece, embora o caso lá seja o mais extremo; tribos de pastores da África Oriental, beduínos do Oriente Médio e os mongóis da Ásia também são populações nas quais há bastante gente lactase-persistente – cada uma à sua maneira, porque as alterações genéticas que produzem esse resultado são diferentes dependendo da região do planeta, como já mencionamos. Mas esses povos todos tinham algo em comum: a domesticação de animais que produziam leite consumível por adultos, uma lista que inclui mamíferos como camelos, cavalos, jumentos e cabras. Chineses? Quase sempre intolerantes à lactose – não por acaso, pois durante milênios eles não tiveram o costume de consumir leite *in natura*. Ainda hoje é difícil achar qualquer laticínio na China, onde praticamente não existe gado leiteiro.

E de que jeito essas variantes de DNA ajudaram seus portadores a se reproduzir com mais sucesso do que quem não conseguia digerir lactose? Há várias hipóteses. O açúcar do leite favorece a absorção do cálcio, um componente essencial dos ossos. O papel da lactose nisso pode ter sido ainda mais crucial em regiões frias, em que o Sol brilha menos ao longo do ano do que nos trópicos, porque os raios solares são importantes para que o corpo produza vitamina D, que também participa da incorporação do cálcio no organismo. Então, se você não pode contar com muita vitamina D por falta de luminosidade, a lactose quebra um galhão – e evita que você frature a perna subindo em uma árvore aos 10 anos de idade, morra e, aliás, nunca tenha filhos. Coincidência ou não, a combinação “pouca luz solar + consumo de leite puro” se encaixa nos países do norte da Europa, aqueles onde a

proporção de adultos que digerem lactose é a maior do mundo. Outra possibilidade: o leite provavelmente era uma fonte crucial de líquido, de hidratação mesmo, quando havia algum tipo de epidemia causada por água contaminada com vírus e/ou bactérias. Quem bebia leite tinha menos risco de morrer desidratado. Leite ou cerveja, mas deixemos essa segunda possibilidade para outra hora.

Esse tipo de análise pode ser repetido para uma infinidade de outras características dos seres humanos e de outros seres vivos. É importante frisar o seguinte: até onde a gente sabe, apenas a seleção natural *parece* ser capaz de produzir e refinar *adaptações*, ou seja, aquilo que parece ter sido projetado para um fim específico nas criaturas vivas. Falando em frisar, frise mentalmente o “parece”: uma adaptação nunca é conscientemente projetada, mas é o resultado do casamento entre um processo que é aleatório – o aparecimento da diversidade genética por meio das mutações – e outro que é altamente não aleatório e que, aliás, muitas vezes opera com a precisão de uma equação, porque só os que matematicamente se reproduzem mais ganham com ele. Essa é a essência da seleção natural: um algoritmo; ou seja, sempre que os elementos necessários para que ela ocorra estiverem presentes, ela vai ocorrer, como uma conta em uma calculadora automática, na qual você não precisa apertar nenhuma tecla para o cálculo acontecer.

Como estávamos tratando do caso relativamente simples da lactose e da lactase, um fator talvez tenha ficado meio obscurecido: a variabilidade genética quase sempre interage com o contexto ambiental, ainda mais quando as características peneiradas pela seleção natural envolvem a regulação não de um único gene mixuruca especializado na receita de uma enzima, mas de dezenas ou centenas de genes que, juntos, colaboram para a construção de uma característica complexa, como a inteligência ou o temperamento de uma pessoa. O mesmo gene pode ter impactos completamente diferentes no Ártico e na Amazônia – ou na periferia de Salvador e no palácio de Buckingham, onde variam fatores como a pessoa crescer sofrendo sucessivas infecções bacterianas ou ter uma infância totalmente saudável. E o termo “ambiente” inclui ainda o ambiente *antes de*

*o sujeito nascer*: o ambiente intrauterino, isto é, tudo o que aconteceu com o organismo da mãe da pessoa durante a gestação. Gêmeos bivitelinos ou não idênticos, por exemplo, embora sejam geneticamente tão diferentes entre si quanto dois irmãos nascidos separadamente, compartilharam o mesmo ambiente intrauterino, o que com frequência faz diferença (inclusive para a própria maneira como os genes desses irmãos serão regulados ao longo da vida). O DNA explica muita coisa, mas quase nunca é a história toda.

Outro ponto muito importante: o tal *sucesso reprodutivo diferencial* de que estamos falando aqui é sempre *relativo*. Ou seja, você tem sempre de se perguntar “comparado com quem?” quando pensar na seleção natural. Você conhece a piada do mestre zen e do discípulo que estavam meditando na floresta quando, não mais que de repente, um urso faminto apareceu e começou a persegui-los? “Mestre, mestre”, berrou o apavorado pupilo, “jamais vamos conseguir correr mais rápido que esse urso, ele vai nos devorar!”. “Correr mais rápido que o urso? Pra quê? Eu só preciso correr mais rápido que você, moleque!”, respondeu o mestre. É isso. Para se sair bem no que diz respeito à seleção natural, nenhum ser vivo precisa de adaptações mágicas que lhe confirmem couro invulnerável e visão de raios X; basta ter um único filhote a mais que a concorrência.

Tudo que a gente disse até agora se aplica aos mais diferentes seres vivos da Terra, e é provável que funcione para todo o resto do Universo, porque a lógica da seleção natural não depende da presença de genes compostos por DNA nem do tipo de organismo ou estrutura (podem ser moléculas, células, indivíduos, o que você imaginar). Dá para aplicar o conceito para entender, por exemplo, como células de câncer se espalham pelo corpo ou como certas variantes de vírus (seres que nem células têm e que talvez nem estejam exatamente vivos) se tornam mais comuns com o passar do tempo. E nem precisam ser vírus biológicos: vírus de computador também podem ser selecionados naturalmente, mesmo sem ter nenhum DNA envolvido. A seleção natural pode ser vista inclusive na formação de idiomas e até no sucesso ou fracasso de aspectos sociais, como marcas ou religiões. De fato, poucas ideias são tão poderosas quanto essa.

## SELEÇÃO SEXUAL

O fato de a reprodução ser tão crucial, particularmente entre espécies que se propagam por meio daquela prática esquisita conhecida como sexo, explica muita coisa. “Sem você eu não sou ninguém” poderia ser apenas uma cantada brega, mas é literalmente verdade no jogo evolutivo das criaturas com reprodução sexuada. Nele, machos sem fêmeas ou fêmeas sem machos valem menos que zero. E, por isso, ambos topam quase qualquer absurdo para conquistar um belo membro do sexo oposto, o que nos leva à seleção sexual: a evolução de características marcantes, espalhafatosas ou francamente ridículas que gritam “Ei, olha pra mim, olha só como eu sou um parceiro desejável!”.

Mas o que controla quem escolhe e quem é escolhido nesse campeonato de exibidos? Se a gente pensar um instantinho em termos econômicos, perceberá que a variável mais importante nesse dilema é quanto cada um dos sexos investe na prole. A coisa começa com o tamanho e o número das células sexuais. Em geral, óvulos são grandalhões (dá pra ver a olho nu os produzidos por humanas, por exemplo, assim como os de aves) e raros (um ou dois liberados a cada ciclo menstrual no caso da nossa espécie); espermatozoides, por outro lado, tendem a ser pequenos e ridiculamente numerosos (centenas de milhões jorrados a cada ejaculação, na tradicional falta de sutileza do sexo masculino). Em muitas espécies, além disso, os óvulos carregam um suprimento de moléculas essenciais para o desenvolvimento do embrião, incluindo um gordo bônus de energia que ajuda o filhote a crescer.

Considere o que isso significa no caso de muitas espécies (embora, claro, haja diversas exceções nessa história). Dos dois gametas, ou células sexuais, qual o mais “caro” – de novo, nosso raciocínio econômico –, considerando que coisas raras e que contêm muitos recursos normalmente custam mais? Os óvulos, lógico. Fêmeas tendem a “investir” em seus óvulos muito mais no que se refere às suas chances de ter filhotes no futuro do que a maioria dos machos em cada ejaculação. De quebra, é muito comum que quando há *cuidado parental* (basicamente todas as tarefas ligadas à criação dos bebês) isso fique nas costas do sexo feminino, a começar pelos custos nada baixos da

gravidez entre os mamíferos. Perto dessa responsabilidade gigante das garotas, muitos machos por aí não passam, no fundo, de doadores de esperma.

Tudo isso faz com que as fêmeas tendam a ser mais seletivas na hora de decidir com quem acasalar (de novo, há muitas exceções, mas, como regra geral, é o que faz sentido). Em suma, elas podem escolher, enquanto os machos são os escolhidos e precisam tanto conquistar os favores das moças quanto competir com outros machos pela honraria da reprodução. E, às vezes, as próprias fêmeas entendem de cara que o vencedor de uma disputa com outros machos merece só por isso o direito de se reproduzir.

Isso porque essa escolha não é feita no chute, mas com base em critérios de *qualidade reprodutiva*: esse macho aí está vendendo saúde? É capaz de, por exemplo, ajudar a alimentar os filhotes caso também auxilie no cuidado parental? Consegue se virar bem no confronto com outros machos? Essas e outras características têm componentes genéticos, como você deve ter adivinhado, e a fêmea também as escolhe de olho em como serão seus futuros filhotes: um pai *sexy* e forte tenderá a gerar bebês igualmente gatos e musculosos. E se o macho demonstrar de forma confiável tais qualidades, a escolha fica mais fácil.

A seleção sexual, portanto, está por trás de características como os chifres elaborados dos cabritos-monteses, o esplendor barroco e nada funcional da cauda dos pavões, a potência vocal dos sapinhos numa noite de chuva no lago da fazenda. Algumas dessas coisas têm seu lado prático: bodes com chifres majestosos conseguem dar cabeçadas mais eficientes em rivais, é lógico. Outras, porém, são sinais meio limitantes que podem até atrapalhar os machos no curto prazo. No *habitat* original dos pavões, eles costumavam ser janta de tigre, e não era por acaso: aquele rabo atrapalha demais no meio da floresta. O simples fato de um pavão conseguir chegar à idade reprodutiva *apesar* do rabão já é um indicativo de qualidade genética – além do mais, exibir todas aquelas penas imensas em perfeito estado mostra, antes de mais nada, que o bicho tem um organismo saudável o suficiente para fazê-las crescer. O mesmo vale para o nosso sapo seresteiro: apenas um anfíbio

vigoroso, com genes de primeira qualidade, seria capaz de cantar com tanta potência e virtuosismo. E como cantar ajuda os predadores a identificar sua localização, a simples sobrevivência desse macho cantor já indica que vale a pena ter filhos com ele. Nas espécies em que o investimento reprodutivo dos machos é maior que o das fêmeas, acontece a mesma coisa, só que com o sinal trocado: fêmeas vistosas, machos “escolhedores” e tímidos.

## **SELEÇÃO DE PARENTESCO**

A gente garante que esta é a última modalidade de seleção de que você vai ouvir falar por enquanto. Vamos resumi-la com um ditado popular árabe que diz o seguinte: “Eu contra meu irmão; eu e meu irmão contra meu primo; eu, meu irmão e meu primo contra o mundo”. Dá para classificar a ideia como nepotismo, se você quiser enxergar o lado torpe da coisa, ou como devoção à família, se você prefere ver o lado bonito, mas o fato é que quaisquer seres vivos capazes de diferenciar parentes de não parentes tendem a favorecer, olha só que surpresa, a parentada em detrimento dos demais.

O.k., isso é óbvio no caso de mães e pais – se eles saírem por aí detonando os filhotes sem mais nem menos, o sucesso reprodutivo deles vai para o espaço, coisa que a seleção natural jamais favorecerá. Mas por que você deveria ter uma relação preferencial com seus irmãos, ou mesmo com os primos do ditado árabe?

Em resumo, porque parentes são, de modo quase literal, pedaços de você – que vão ficando progressivamente menores conforme o parentesco vai ficando mais distante. Para entender isso, considere que 50% do seu DNA veio do seu pai, enquanto a outra metade foi legada por sua mãe naquele momento mágico em que o óvulo dela e o espermatozoide dele se fundiram. Cada uma dessas metades corresponde a 23 cromossomos, as estruturas enoveladas nas quais o material genético fica empacotado (no total, portanto, você tem 23 pares, o que dá 46 cromossomos). Na prática, cada trecho de DNA seu vem em duas cópias ou versões, uma de origem materna e outra de origem paterna. A exceção são os cromossomos sexuais no caso dos

homens, que correspondem ao par XY, do qual o Y só pode vir do pai (as moças, como talvez você saiba, são XX). Também há exceções quanto a isso, mas serão discutidas em outro capítulo.

Voltando um pouquinho no tempo, para o momento em que os gametas dos seus pais estavam sendo fabricados, é importante lembrar que os cromossomos nos óvulos e espermatozoides foram montados num processo que envolve o embaralhamento do DNA original do papai e da mamãe (que, como o seu, também corresponde a duas cópias de cada cromossomo vindas de seus avós). Isso significa que os genes que cada célula sexual lega aos futuros filhos muitas vezes *não são idênticos*: o embaralhamento dos cromossomos mistura os genes originais do seu pai ou da sua mãe em diferentes combinações. Quando a gente faz as contas, conclui que irmãos gerados pelo mesmo pai e pela mesma mãe acabam compartilhando, em média, 50% de seus genes entre si (a exceção, claro, são os gêmeos idênticos, que vieram de um único óvulo fecundado e, portanto, compartilham perto de 100% de seus genes – não literalmente 100% porque algumas mutações sempre ocorrem no meio do caminho).

### MEIOSE ACONTECENDO NO TESTÍCULO DO SEU PAI

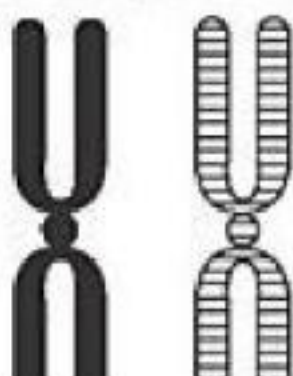
Cópia do DNA que seu pai herdou do seu avô paterno



Cópia do DNA que seu pai herdou da sua avó paterna



DUPLICAÇÃO DO DNA



### MEIOSE ACONTECENDO NO OVÁRIO DA SUA MÃE

Cópia do DNA que sua mãe herdou do seu avô materno



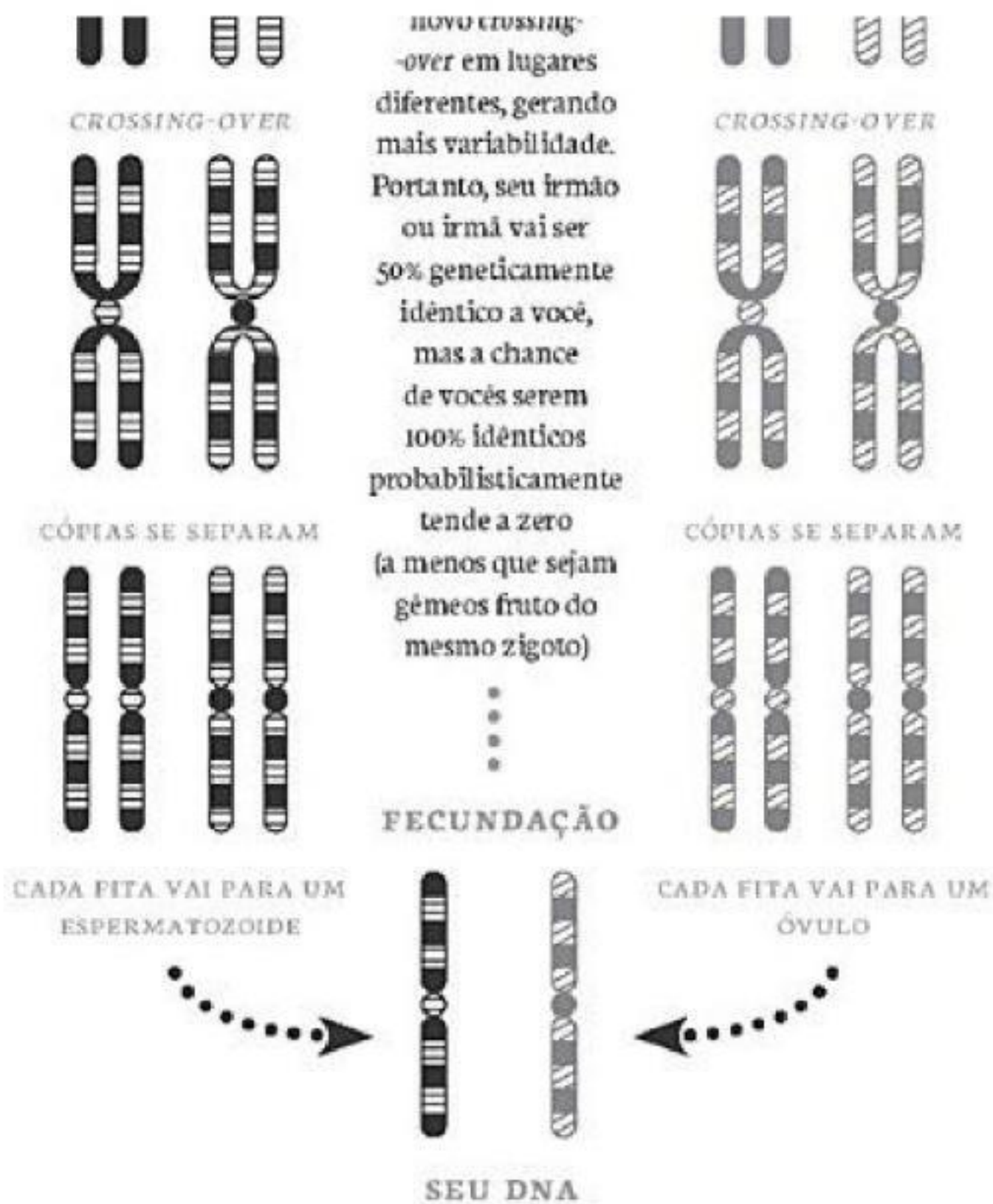
Cópia do DNA que sua mãe herdou da sua avó materna

DUPLICAÇÃO DO DNA



Seu DNA é basicamente o dos seus avós embaralhados. Há 16 combinações possíveis, e a cada meiose ocorre um *embaralhamento*.





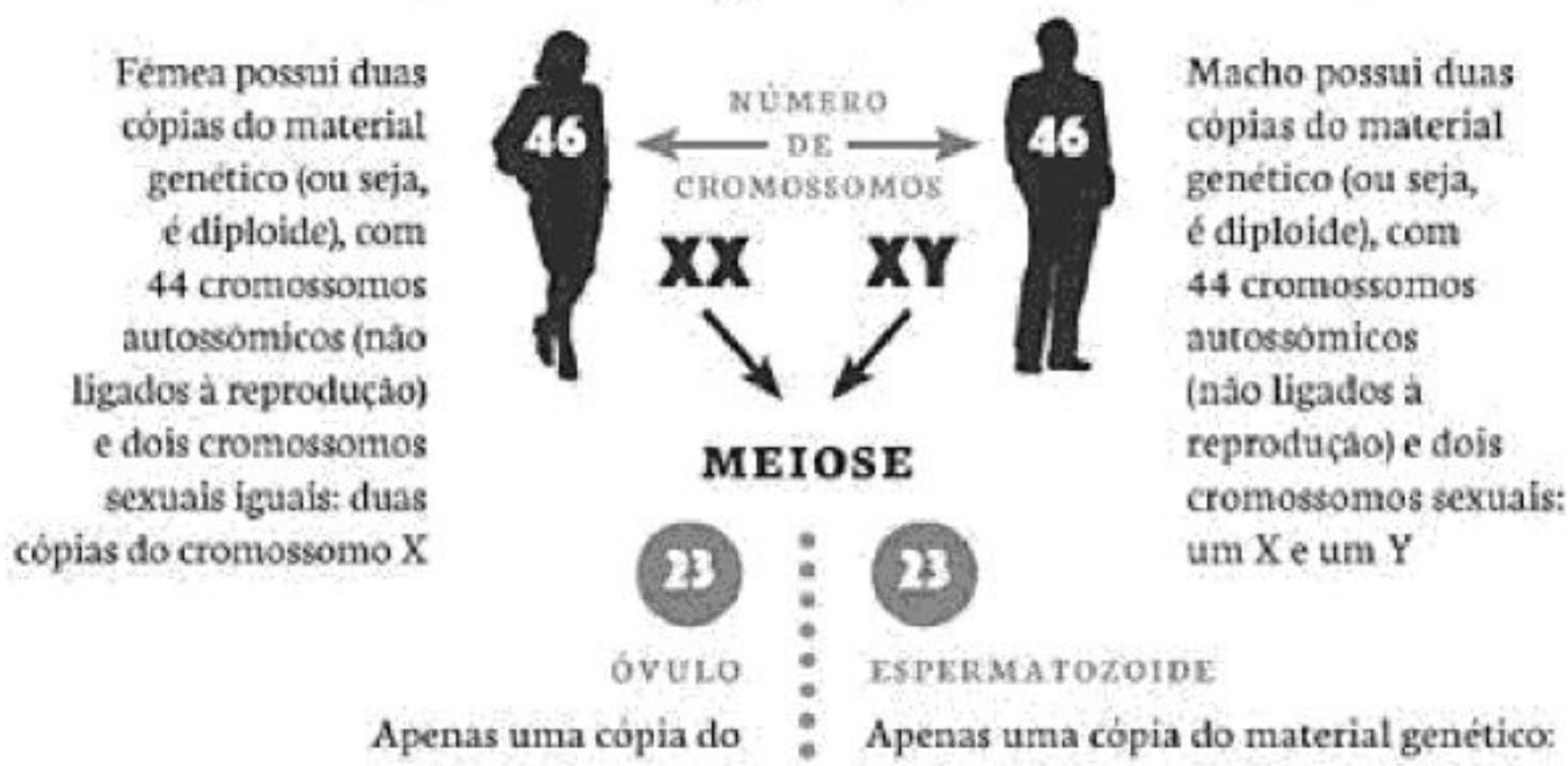
Conforme o parentesco vai ficando mais distante, basta continuar dividindo pela metade: avós e netos, ou tios e sobrinhos, compartilham 25% de seus genes, em média; primos de primeiro grau, 12,5%. Apostamos que o ditado árabe ficou bem mais claro, assim como a nossa afirmação sobre “pedaços de você” em seus parentes. Do ponto de vista da seleção natural – se é que se pode falar do ponto de vista de uma coisa que não tem olhos nem cérebro, nem vontade própria, lógico –, ajudar um parente próximo a sobreviver e a se reproduzir pode funcionar tão bem quanto deixar descendentes por conta própria. Diz a lenda que, quando perguntaram ao biólogo britânico J.B.S. Haldane (1892-1964) se ele seria capaz de dar sua vida por um irmão, a resposta foi algo do tipo: “Por *um* irmão só não, mas por dois

irmãos ou oito primos eu toparia” – justamente por causa das contas acima: do ponto de vista da seleção natural, salvar dois irmãos ou oito primos equivale a salvar o próprio indivíduo.

O raciocínio que acabamos de apresentar explica uma infinidade de coisas, em especial no caso de animais sociais, que muitas vezes deixam de se reproduzir individualmente para ajudar a cuidar dos filhotes dos membros dominantes do bando – é comum que tais *helpers* (“ajudantes” ou babás) sejam irmãos mais velhos dos bebês, tios etc. Essa possibilidade evolutiva fica muito clara no caso de alguns dos animais mais bem-sucedidos da história da Terra: as abelhas e as formigas. A estrutura genética desses bichos, conhecida como *haplodiploide*, tende a aumentar ainda mais do que o normal o parentesco entre as fêmeas operárias que são irmãs. Enquanto uma abelha-rainha – normalmente a única fêmea fértil e com “direito” de acasalar em toda a colmeia – tem seus tradicionais pares de cromossomos, como nós (o que faz da bichinha um organismo *diploide*, como dizem os biólogos colegas do Pirula), os zangões, machos da espécie que acasalam com a rainha durante os chamados voos nupciais, nascem de óvulos não fecundados. São, portanto, *haploides*: só têm um conjunto de cromossomos, não dois.

## COMO ROLA EM HUMANOS

*Há dois cromossomos sexuais, sendo o macho heterogamético (dois cromossomos diferentes) e a fêmea homogamética (dois cromossomos iguais)*



- material genético: \*
- o cromossomo sexual de \*
- todos é X \*
- metade dos espermatozoides terá o \*
- cromossomo sexual X, e a outra metade \*
- o cromossomo sexual Y \*

## FECUNDAÇÃO

Copyrighted image

.....

.....

## COMO ROLA EM ABELHAS

*Não há cromossomos sexuais*

RAINHA

ZANGÃO

A fêmea possui duas cópias do material genético (ou seja, é um indivíduo **DIPLOIDE**)

Copyrighted image

O macho possui apenas uma cópia do material genético (ou seja, é um indivíduo **HAPLOIDE**)

**MEIOSE**

**SEM MEIOSE**



Copyrighted image

Copyrighted image

ZANGÃO

OPERÁRIA RAINHA

E daí? Daí que isso significa que, quando eles produzem espermatozoides, o “pacote genético” que cada zangão individual lega às filhas, as abelhas-operárias, é sempre o mesmo – não há o tradicional embaralhamento de cromossomos. Desse modo, abelhas-operárias filhas da mesma rainha e do mesmo zangão possuem 75% de genes em comum, e não os tradicionais 50%. Na prática, a composição genética de cada colmeia é mais variada do que isso, porque as rainhas costumam acasalar com vários zangões durante seus voos iniciais, armazenando o esperma dos consortes e usando esse suprimento devagarinho, ao longo de anos e anos. Mesmo assim, o grau de

parentesco entre as operárias de uma colmeia é elevadíssimo. Para que se reproduzir se a rainha é capaz de produzir irmãs em tamanha quantidade e com tanta eficiência?

Tudo lindo. Mas, como qualquer pessoa que já tenha batido a porta do quarto na cara do irmão sabe, conflitos de interesse estão sempre à espreita quando o assunto é parentesco. Há uma eterna tensão (de novo, de natureza “econômica”) entre o investimento que os pais estão dispostos a fazer na prole e os recursos que os filhotes, se pudessem, extorquiriam dos papais até a última gota; ou, para voltar ao assunto “irmãos”, podemos comparar os recursos que os pais ou avós acham justo dedicar a cada membro da prole e o que *cada um* dos filhos ou netos desejaria para si (e para mais ninguém): “Mãe, também quero chocolate!”; “Paiê, o carrinho que você deu pro Pedrinho é mais legal que o meu” – e por aí vai; você sabe exatamente do que estamos falando, não se faça de desentendido.

É por isso que as tensões relacionadas à seleção de parentesco explicam, em parte, tanto coisas que nós achamos moralmente positivas – a união entre os membros de uma família ou de um grupo, o prazer que temos na companhia de irmãos – quanto coisas que, do ponto de vista humano, são horrorosas. O infanticídio, por exemplo, é uma prática comum em diversas espécies nas quais um macho monopoliza os favores sexuais das fêmeas do bando, como acontece entre os leões. Se outro macho destrona o antigo monarca, é comum que ele elimine os filhotes pequenos que tinham nascido antes de seu reinado – afinal, quanto antes as leas pararem de amamentar e acasalarem com ele, gerando bebês com os genes do vencedor, melhor.

## **DERIVA GENÉTICA**

Como você talvez já tenha decorado, variabilidade entre indivíduos com componente genético que tenha impacto no sucesso reprodutivo significa seleção natural. Beleza. Agora, o que acontece quando retiramos o elo entre variação genética e sucesso reprodutivo da história? Ou seja, quando algumas formas de variação genética ficam mais comuns na população de uma espécie, com o passar do tempo, pelo que poderíamos chamar de pura

sorte? Isso é o que denominamos deriva genética, caro leitor. A ideia tem mesmo a ver com a de um barco à deriva, carregado pelos ventos da Evolução sem aquele famoso capitão, a seleção natural.

Processos desse tipo acontecem, em parte, por causa da natureza algo aleatória daquele embaralhamento de cromossomos do qual tratamos há pouco. Embora cada gene, em média, tenha 50% de chance de ir parar num óvulo ou espermatozoide fecundado, às vezes duas ou mais jogadas de dados podem produzir o mesmo número sem parar. É mais fácil isso acontecer em populações relativamente pequenas. De novo: se você tiver paciência de jogar um dado 2 mil vezes e tabular os resultados, cada número vai sair em mais ou menos um sexto das jogadas. Mas sempre há uma chance relativamente grande de você tirar o número 6 direto se jogar o dado apenas dez vezes.

Um jeito particularmente fácil de entender a deriva genética na prática é a partir de um caso especial desse fenômeno conhecido como *efeito fundador*. Como o nome sugere, é algo que ocorre quando uma nova população é fundada por um número relativamente pequeno de indivíduos que, por um desses acasos do destino, chegam a um novo ambiente – num exemplo extremo, uma fêmea grávida lançada pelas ondas do mar numa ilha despovoada, digamos. É bem possível que coisas desse tipo tenham acontecido no litoral do lugar que um dia seria chamado de Brasil uns 40 milhões de anos atrás, quando ainda não existiam macacos por aqui – primatas africanos teriam sido lançados nestas praias por tempestades no Atlântico, talvez passando antes por ilhas hoje submersas. O crucial, seja como for, é que os tais indivíduos fundadores sempre carregam em seu DNA apenas parte da diversidade genética total da espécie à qual pertencem. Desse jeito, a nova população fundada por eles terá características enviesadas, típicas de somente alguns dos membros da população ancestral – no entanto, essa peneirada na diversidade original terá acontecido não por fatores associados ao sucesso reprodutivo, como no caso da seleção natural, mas por razões casuais, na base da sorte ou da falta dela (a macaquinha grávida X, e não a macaquinha Y, estava encarapitada na palmeira à beira-

mar bem na hora em que bateu o vento que arrastou aquele tronco oceano afora, ou algo do gênero).

Outro interessante exemplo tupiniquim: nos anos 1970, pesquisadores liderados por Newton Freire-Maia, da Universidade Federal do Paraná, publicaram dados sobre casos de albinismo na população humana da ilha dos Lençóis, no Maranhão. Na época, 1 em cada 17 habitantes da ilha era albino, frequência muito mais alta que na população em geral (cerca de 1 caso em 20 mil pessoas). A explicação mais provável, segundo o levantamento feito por Freire-Maia e seus colegas? Deriva genética/efeito fundador: as poucas famílias que povoaram a ilha originalmente carregavam o gene ligado ao albinismo já nessa frequência enviesada para cima.

## **DESENHANDO A ÁRVORE DA VIDA**

Entender o que a gente tem a dizer agora é, à sua maneira, tão importante quanto compreender o conceito de seleção natural. Preparado? Aí vai: todas as criaturas vivas que existem, existiram e existirão muito provavelmente são aparentadas e descendem de um único ancestral comum, uma célula primordial com uns 3,7 bilhões de anos ou mais. As pistas são tantas que a gente poderia escrever um livro três ou quatro vezes maior que este apenas listando-as sem parar, mas basta dizer, por ora, que todas as informações que temos – incluindo a estrutura do DNA, a bioquímica das células, a trama intrincada de tecidos e órgãos, uma multidão de fósseis e seu aparecimento paulatino ao longo das fases da história da Terra – corroboram a ideia de que tudo o que vive está pendurado em galhos e ramos de um só tronco, o da *Árvore da Vida*.

Mas basta de poesia e vamos ser um pouco mais práticos. Se a *Árvore da Vida* é um fato, como a gente determina a estrutura dos galhos? Como saber qual a relação entre eles e em que ritmo eles foram se ramificando ao longo de bilhões de anos? Fácil. É só se ligar na aula de grego a seguir.

O.k., aula de grego é um pouco de exagero, mas você vai conseguir ampliar bastante o seu vocabulário no idioma de Homero depois que dominar os termos básicos da *cladística*, um método de classificar os seres vivos cujo

objetivo é desvendar as relações evolutivas, ou *filogenéticas*, entre eles. Em grego, *kládos* quer dizer ramo ou galho, e é isso o que a abordagem cladística faz: coloca os diferentes grupos de seres vivos nos galhos de um *cladograma* (uma árvore de parentesco).

A analogia com a árvore genealógica de uma família é inevitável, mas é muito importante lembrar que, no caso de espécies ou de grupos amplos de seres vivos, em especial os que estão vivos hoje, não lidamos com indivíduos, mas com populações; e basicamente todos os ramos são primos ou irmãos mais ou menos distantes que descendem de um ancestral comum, e é quase impossível afirmar com segurança quem deu origem a quem, inclusive no caso de espécies extintas. O que dá para fazer é identificar padrões de *divergência* ao longo do tempo, ou seja, quando e como diferentes grupos foram surgindo e se separando dos demais.

Quando falamos em grupos, também é natural pensar em classificações que você talvez tenha aprendido na escola e que, embora muito usadas ainda hoje, surgiram numa época em que ainda não se pensava em organizar os seres vivos de acordo com critérios evolutivos (e, aliás, quando a teoria da Evolução ainda nem existia). Num nível logo acima das espécies – digamos, como a espécie *Panthera onca*, a nossa onça-pintada – temos os chamados *gêneros*, pensados como um agrupamento de espécies proximamente aparentadas (o gênero *Panthera* congrega, além das onças, os leões, os tigres, os leopardos e os leopardos-das-neves). Subindo mais um nível na classificação tradicional, chegamos à família *Felidae*, os felídeos, com todos os bichos que poderíamos chamar genericamente de gatos, grandes ou pequenos. O importante a considerar aqui é que, embora a cladística não necessariamente jogue no lixo esses grupos tradicionais, ela estabelece que a classificação, para ser lógica, tem de englobar o ancestral comum de um grupo e todos os seus descendentes, sem excluir nenhum – do contrário, ela não faz sentido.

O método para se chegar a esse resultado é essencialmente comparativo e estatístico. Os cientistas basicamente montam imensas listas das características dos seres vivos que desejam analisar e comparam os padrões

de semelhança e divergência entre elas. Tradicionalmente, essas características eram apenas morfológicas – inclusive porque, no caso de bichos extintos, como dinossauros (exceto aves) ou dentes-de-sabre, anatomia é basicamente só o que temos, uma vez que o DNA se degrada com muita facilidade. Hoje, cada vez mais é possível fazer comparações moleculares: comparar a sequência de “letras” do DNA (agora viável até para espécies extintas há pouco tempo – em termos geológicos –, como mamutes e neandertais) ou comparar a sequência dos aminoácidos, as unidades básicas que compõem as proteínas (já foram feitas comparações entre proteínas de aves e de dinossauros “clássicos”, por exemplo).

Lógico que não é qualquer comparação que dá certo e faz sentido, o que nos leva a mais um pouquinho de aula de grego. Exemplo básico: o fato de nós, os sapos, as tartarugas e as galinhas-d’angola termos quatro membros é muito interessante e até informativo para estabelecer um grande grupo de vertebrados, o dos *tetrápodes* (em grego, “quatro patas”), que inclui todos os animais com vértebras que vivem em terra firme (mais alguns que voltaram para a água, como as baleias, as tartarugas marinhas e os ictiossauros). Além disso, há uma série de outras características que nos levam a considerar os tetrápodes um grupo real. Agora, saber que tanto um crocodilo quanto um pinguim têm quatro membros não ajuda grande coisa para estabelecer a distância exata entre eles na Árvore da Vida, em especial no que diz respeito à relação dos dois com outros grupos. Quem está mais perto um do outro: um pinguim e um crocodilo; uma iguana e um crocodilo; ou um pinguim e uma iguana?

Em cada caso, considerando o nível de proximidade ou distância entre as espécies que o pesquisador está analisando, é preciso encontrar características conhecidas como *sinapomorfias*. Vamos ao vocabulário helênico: *syn* quer dizer “com” ou “junto”, *apó* é algo como “a partir de”, enquanto o finalzinho “-morfia” tem a mesma origem que palavras como “morfologia”, ou seja, refere-se ao conceito de forma. Uma sinapomorfia é, portanto, uma inovação evolutiva surgida *a partir de* determinado grupo que é compartilhada por certas espécies (ou grupos mais amplos de seres vivos) e



que não está presente em outras. Voltando ao nosso exemplo: hoje todo mundo concorda que pinguins e crocodilos fazem parte do mesmo grupo, o dos *Archosauria* ou arcossauros, com as pobres iguanas do lado de fora. Por quê? Graças a um conjunto bastante extenso de sinapomorfias, entre elas um troço chamado *fenestra anteorbital* – nada mais que um buraco no crânio, localizado na frente das órbitas onde se encaixam os olhos (daí o “anterorbital”).

E quanto às características que *não são* informativas para estabelecer um grupo de seres vivos, já que estão presentes em espécies que divergiram antes? Tome mais grego: o termo é *plesiomorfia* ou, que alívio, *condição ancestral*. Não tem nada de surpreendente num mamífero com cinco dedos (ou dígitos) nas patinhas, por exemplo: trata-se da condição ancestral do grupo, que, aliás, remonta a alguns dos mais antigos tetrápodes. Já um cavalo, com seu único dedo em cada casco, é novidade.

Finalmente, há o que o pessoal chama de *homoplasia*: características presentes em espécies diferentes que surgiram de forma totalmente independente, em circunstâncias evolutivas distintas, e não derivam de um ancestral comum. Tanto algumas serpentes quanto um estranho mamífero de focinho comprido do Caribe, o *solenodonte*, possuem dentes com glândulas produtoras de veneno, mas isso não significa, óbvio, que devemos classificá-los juntos. O processo que conduziu a essas inovações paralelas costuma ser chamado de *evolução convergente*. Homoplasias são extremamente constantes e são o maior pesadelo dos cientistas evolutivos. Apenas para você ter uma noção, mesmo os quatro membros compartilhados por sapos, iguanas, pardais e humanos poderiam não ser indício de uma sinapomorfia (isto é, de uma característica que indique uma ancestralidade e que seja exclusiva desse grupo). Poderia ser apenas uma evolução convergente entre os quatro bichos. Para confirmar que não se trata de uma homoplasia, é preciso analisar uma série de outras evidências, como anatomia comparada, genética, embriologia, registro fóssil etc.

Agora ficou bem óbvio que fazer uma *análise filogenética* direito dá um trabalho dos diabos – desde visitas intermináveis a museus para medir cada

ossinho de zilhões de fósseis até programar computadores para fazer as análises estatísticas (porque no braço, meu amigo, é quase impossível com a quantidade de informação que temos hoje, em especial quando estamos falando de dados genômicos com seus bilhões de “letras” de DNA). O objetivo final é produzir cladogramas que sejam estritamente *monofiléticos*, quer dizer, “árvores” que incluam *todos* os descendentes de determinada linhagem a partir de seu ancestral comum mais recente, sem exceção.

Quando esse princípio não é seguido, como acontecia na classificação tradicional, chegamos a grupos ditos *parafiléticos*. Caso simples de entender: o dos dinossauros “à moda antiga”, sem incluir as aves – a rigor, aves não passam de dinossauros bípedes emplumados, e excluí-las do grupo *Dinosauria* viola a regra de contar todos os descendentes de um ancestral comum. A coisa fica ainda mais tosca no caso dos grupos *polifiléticos*, que colocam no mesmo balaio espécies com história evolutiva muito distante, como as algas – na verdade, uma mistura de tudo quanto é tipo de ser vagamente “vegetal” e aquático, de microrganismos a criaturas multicelulares que lembram as plantas terrestres. Para deixar claro o que isso significa, imagine a boa e velha árvore genealógica da sua família. Digamos que você seja uma pessoa muito inconveniente e sua família resolva riscá-lo da sua árvore genealógica, como se você não fizesse parte dela. Tanto do ponto de vista evolutivo quanto do jurídico, isso não faz nenhum sentido. Então, apenas grupos monofiléticos (que incluam todos os descendentes de determinado ancestral e nenhum outro indivíduo) são considerados “grupos naturais”, ou “grupos verdadeiros” dentro da cladística.

Com isso, concluímos nosso passeio por alguns conceitos centrais da teoria da Evolução. Volte para este capítulo toda vez que tiver dúvidas – e não esqueça que ainda tem muita coisa legal que a gente não teve tempo de explorar. Vamos em frente.

## REFERÊNCIAS

### Sobre conceitos gerais da teoria da Evolução

PRINCIPLES of evolution, ecology and behavior. Curso on-line gratuito da Universidade Yale. Disponível em: <https://oyc.yale.edu/ecology-and-evolutionary-biology/eeb-122>.

Acesso em: 19 dez. 2018.

RIDLEY, Mark. *Evolução*. Porto Alegre: Artmed, 2006.

SENE, Fábio de Melo. *Cada caso, um caso... puro acaso: os processos de evolução biológica dos seres vivos*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 2009.

#### **Sobre a evolução da tolerância à lactose em humanos adultos**

GERBAULT, Pascale et al. Evolution of lactase persistence: an example of human niche construction. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, v. 366, p. 863-877, 2011.

#### **Sobre seleção de parentesco (com uma polêmica crítica à ideia)**

WILSON, Edward O. *A conquista social da Terra*. São Paulo: Companhia das Letras, 2013.

#### **Sobre sequenciar proteínas de dinossauros e aves**

SCHROETER, Elena R. et al. Expansion for the *Brachylophosaurus canadensis* collagen I sequence and additional evidence of the preservation of Cretaceous protein. *Journal of Proteome Research*, v. 16, n. 2, p. 920-932, 2017.

*Capítulo 2*

**ELOS**

**PERDIDOS?**

Copyrighted image

Copyrighted image

Copyrighted image

**T**odo mundo já ouviu falar do tal “elo perdido”, ainda que poucos saibam dizer do que efetivamente se trata. Alguns, mais velhos, talvez se lembrem da série (bem *trash*, por sinal) dos anos 1970, mas que passava dublada no SBT nos anos 1980. Outros talvez imaginem um homem das cavernas ou algum tipo de homem-macaco. Mas a ideia de “elo perdido” é muito simples: tem o sentido de uma corrente, mesmo, que é formada por vários elos; caso alguns estejam faltando, a corrente não serve para nada. No caso, a busca pelo “elo perdido” seria uma confirmação da teoria da Evolução, ou pelo menos o preenchimento de alguma lacuna desconhecida. E, se o elo está perdido, quer dizer que ainda falta encontrá-lo, certo? Bem, responder a essa questão vai demorar alguns “pirulas” (e quem frequenta o canal do Pirula no YouTube sabe a enorme amplitude dessa medida de tempo). Começemos explicando mais alguns conceitos da teoria da Evolução.

A palavra “evolução” foi a que colou na boca do povo na Inglaterra vitoriana logo depois que Darwin publicou *A origem das espécies através da seleção natural* – sim, esse é o título completo do livro, e, sim, a grande sacada não foi a primeira parte do título, mas precisamente a segunda, geralmente omitida. Ainda que, academicamente falando, o conceito de uma espécie se transformando em outra já fosse postulado havia muito tempo

(Lamarck, o naturalista francês anterior a Darwin, que o diga), esse processo era chamado de “transformismo”, e a palavra “evolução” não costumava ser usada com esse sentido. O próprio Darwin não tinha escrito a palavra “evolução” em nenhum momento em sua obra mais famosa até a sexta edição (a última que ele mesmo revisou em vida), quando achou por bem dar à galera o que ela estava pedindo e colocou o termo “evolução” no final. Meio que não adiantava mais lutar contra o nome que tinha “pegado” para todo mundo (por ironia, selecionado naturalmente).

Pois bem, tudo isso para dizer que a expressão que Darwin usou formalmente em seu livro foi “descendência com modificação”. Termos muito mais bonitos que “transformismo” e muito mais exatos que “evolução”. Evolução pressupõe, em linguagem popular, um progresso, um avanço, e o que *nós* vemos como avanço pode não necessariamente ser um avanço perceptível em determinada espécie e em determinado ambiente. Um verme parasita intestinal pode perder órgãos dos sentidos, pedaços inteiros do tubo digestivo (às vezes até o tubo digestivo inteiro, como é o caso das tênias), bem como uma série de outros órgãos, porque simplesmente não precisa deles e eles ainda por cima atrapalham a manutenção do seu estilo de vida dentro de outros bichos. Assim, vermes que nasciam sem olhos, ouvidos ou qualquer outro órgão desse tipo tinham vantagem evolutiva em relação aos outros que eram obrigados a gastar energia sustentando um monte de partes inúteis. Ou seja, da perspectiva do verme, ele evoluiu (adaptou-se melhor ao ambiente); porém, da perspectiva do termo “evolução” no sentido coloquial, esse bicho deixou de ser algo que parecia mais reconhecível como animal para se transformar num troço sem cara nenhuma, comprido e nojento. Por isso a expressão “descendência com modificação” é tão mais adequada, por isso Darwin relutou tanto em usar o termo “evolução” e por isso hoje todo biólogo precisa ficar explicando que “evolução biológica é diferente de progresso”.

A sacada de Darwin (além da seleção natural, óbvio) foi outro pequeno detalhe. Naquela época, muita gente já tinha proposto que uma espécie poderia se transformar em outra desde que transcorresse o tempo necessário. Algumas pessoas até tinham sugerido que alguns grupos de seres vivos poderiam ser diretamente aparentados a outros. Mas ninguém até então tinha arriscado supor que *todas* as formas de vida fossem aparentadas. Não apenas você e seu vizinho em algum momento serão aparentados, e também não apenas o chimpanzé do zoológico (de quem todo mundo fala exaustivamente em programas de tevê e documentários) é seu parente, mas todas as formas de vida. O Pirula é parente do Reinaldo em algum nível, bem como você, leitor, é nosso parente com toda a certeza (provavelmente em mais de um nível, por parte de pai e de mãe). Não só nosso, mas também do chimpanzé do zoológico, aliás, e de todos os animais do zoológico, do seu cachorro, do seu gato, das violetas no vaso da sua janela, da alface que você tem na geladeira e de todas as bactérias que estão neste momento andando sobre você ou vivendo no seu intestino e dando a você a



capacidade de formar um bolo fecal saudável. Todos parentes. Em algum nível. Se isso já é bem assustador de se pensar hoje, imagine na era vitoriana.

Darwin postulou que, se a hipótese dele estivesse correta, quanto mais “para trás” você fosse na árvore genealógica dos seres vivos, geração por geração, milênio por milênio, mais parecidos uns com os outros eles iriam ficando, e mais evidente ficaria o parentesco dessas linhagens, até que elas se juntariam em um ancestral comum que seria o ponto a partir do qual a linhagem ancestral teria se dividido. Uma maneira de testar sua hipótese, segundo o próprio Darwin, seria encontrar um fóssil com características intermediárias entre uma linhagem e outra. O famoso “fóssil de transição” ou “elo perdido”. E isso é muito complicado de arrumar, porque não depende de um experimento nem de uma investigação. Depende de escavação após escavação, de procurar exaustivamente em todo tipo de rocha sedimentar do mundo (o que corresponde a uns 30% da superfície do planeta), e ainda por cima é necessário contar com a sorte de esse tipo de organismo ter tido a amabilidade de se fossilizar (algo que muito dificilmente acontece, mas que está explicado no capítulo 3).

## **PENAS, GARRAS E DENTES**

Para a sorte de Darwin (e da sua ideia), apenas dois anos após a publicação de *A origem das espécies*, foi revelado ao público um fóssil extraordinário saído das minas de calcário de Solnhofen, na Alemanha: um animal fóssil meio réptil, meio ave. Chamado de *Archaeopteryx*, ele caiu como uma luva para fortalecer a proposta de ancestralidade comum de Darwin, indicando que as aves teriam evoluído dos répteis. É óbvio que apenas um fóssil não provava a ancestralidade de todos os seres vivos, mas já dava muitos pontos à ideia de Darwin, porque, se animais hoje tão diferentes quanto um lagarto e um beija-flor poderiam estar genealogicamente conectados, por que não todo o resto? Além disso, foi um excelente teste de uma proposta científica: Darwin propôs um modo de testar sua hipótese e, apenas dois anos depois, ela passava no primeiro teste. Um feito magnífico para uma hipótese não experimental.

Desse modo, o *Archaeopteryx* foi considerado um elo na corrente de gerações que une todos os seres vivos. Um elo encontrado. Isso significava, portanto, que todos os demais elos ainda precisariam ser achados. Tínhamos, então, centenas ou talvez milhares de “elos perdidos” para desvendar a história da Árvore da Vida. Mas esses 150 anos que se passaram fizeram muito bem para as ideias darwinianas, porque elas foram cada vez mais confirmadas diante das novas evidências que apareciam. A genética foi uma das mais extraordinárias mãozinhas dadas a Darwin, porque a comparação entre as informações genômicas das espécies mostrou que efetivamente todas as formas de vida possuíam alguns padrões idênticos em seu DNA. Da mesma maneira que proporcionou o teste de paternidade, a genética também possibilitou o teste de ancestralidade de todos os seres vivos.

Mas, claro, a coisa não seria tão fácil assim. Apenas a genética, por mais extraordinária

que fosse, e por mais que confirmasse a ideia da ancestralidade comum da vida, não podia explicar a evolução dos caracteres nem elucidava dúvidas quanto às linhagens fósseis (isso para citar apenas alguns exemplos). Então, voltemos à boa e velha (sem trocadilhos) paleontologia.

Fósseis de transição são as lacunas de evidências mais trombeteadas pelos criacionistas. Para eles, a ausência dos “elos perdidos” tornaria a Evolução uma ideia totalmente falsa. Falsa, na verdade, é essa afirmação dos criacionistas, e é falsa de muitas maneiras – não só porque os fósseis de transição não são fundamentais para provar a veracidade da Evolução, mas também porque existem centenas desses fósseis. Explicando o primeiro erro da afirmação: a genética, a embriologia, a anatomia comparada, a dinâmica populacional e mesmo experimentos com bactérias já seriam suficientes para demonstrar a Evolução. Os fósseis constituiriam apenas um bônus nesse mar de evidências paralelas. Já o segundo erro deriva de um misto de ignorância tanto sobre a diversidade fóssil conhecida como sobre a teoria cladística. O jeito mais fácil de entender o porquê dessa confusão é decorando uma frase muito simples: fóssil não vem com RG.

Como assim? A gente explica. Seria mais ou menos como ver uma foto de família muito, muito antiga, mas que não tivesse as anotações sobre quem é quem. Como é que você, que nasceu talvez sessenta anos depois que a foto foi tirada, vai saber quem são aqueles parentes que, se estiverem vivos, estão pelo menos sessenta anos mais velhos? Possivelmente sua avó ou seu avô (seus ancestrais diretos) estão na foto, mas devem estar indistinguíveis dos irmãos e irmãs (seus tios-avós, os quais, portanto, não são seus ancestrais diretos). Isso não muda o fato de você saber que aquelas pessoas na foto são da sua família e, eventualmente, que há um ancestral seu ali. Porém, você não tem como saber, sem ajuda externa, quem é quem. Com fósseis acontece o mesmo. Toda espécie viva (“espécie filha”) teve uma população de uma espécie ancestral (“espécie mãe”), que é também ancestral de pelo menos outra espécie (“espécie irmã”). Mesmo que você ache milhares de fósseis com características intermediárias, não dá para bater o martelo sobre qual é o ancestral direto desta ou daquela linhagem. Mas isso é irrelevante para testar a veracidade da Evolução, porque encontrar várias espécies com uma antiguidade coerente e muito parecidas entre si é exatamente o que prevê a teoria darwiniana. Ou seja, o simples fato de ter uma foto de família provando a contemporaneidade de seus avós e dos irmãos deles, mesmo que você não saiba identificar as pessoas da foto, já é suficiente para confirmar a Evolução. Afinal, se somos todos parentes, quanto mais para o passado se vai, mais parecidas as linhagens vão ficando entre si. O ser humano, por exemplo, tem chimpanzés e bonobos como os primos vivos mais próximos. O nosso ancestral em comum viveu em algum lugar da África entre 6,5 milhões e 7 milhões de anos atrás, na época chamada de Mioceno. Por mais que achemos uma série de fósseis do mesmo período (e já achamos) com características que denotem parentesco com humanos e “chimpas”, nunca poderemos apontar com exatidão que este ou aquele indivíduo

pertencia à espécie ancestral dos humanos e dos chimpanzés (a “espécie mãe” de ambas as linhagens). Logo, ter dificuldade de reconhecer quem é exatamente o ancestral comum entre a nossa linhagem e a do chimpanzé, entre um monte de fósseis muito parecidos de uma época em que as linhagens mal tinham se separado, é *exatamente* uma evidência de que o bom Darwin tinha razão.

Como já explicamos no capítulo 1, a ferramenta mais utilizada para reconstruir a Árvore da Vida atualmente é a teoria cladística, segundo a qual um fóssil, quando encontrado, *a priori* não é considerado ancestral de nenhuma linhagem, e sim uma linhagem à parte que está inserida entre outras linhagens, todas ligadas por ancestrais em comum. Pode ser que esse fóssil seja exatamente da espécie ancestral? Pode. Mas a teoria cladística presume que isso (um fóssil encontrado ser exatamente da espécie ancestral de alguma linhagem) é tão raro e difícil de acontecer que dá para desconsiderar essa possibilidade a princípio. Mas essa é apenas uma metodologia de trabalho. É claro que, se depois de muito estudo for possível concluir que não há praticamente nenhuma característica relevante no fóssil que possa distingui-lo do ancestral real, aí dá para postular que se trata de uma “espécie mãe”. Um exemplo de uma das raras vezes em que se chegou a tal conclusão é exatamente o da linhagem humana. O *Homo sapiens* (nós) e o *Homo neanderthalensis* (homem de Neandertal, para os íntimos) são primos bem próximos. Na verdade, o homem de Neandertal é provavelmente o nosso primo mais próximo na história, hoje lamentavelmente extinto (delegando aos chimpanzés o posto de nossos primos mais próximos *vivos*). Atualmente, sabemos que uma espécie que viveu entre 700 mil e 200 mil anos atrás na Europa, na África e na Ásia, chamada de *Homo heidelbergensis*, é provavelmente a espécie ancestral *de facto* tanto de nós, humanos modernos, quanto dos neandertais. Esse nível de precisão talvez seja possível nesse caso por ser uma linhagem muito, muito recente, e também por gerar um interesse mais profundo dos cientistas, estimulando mais escavações e mais buscas por fósseis. Mas é muito raro, em estudos evolutivos, termos um fóssil para o qual se pode olhar e dizer: “Este indivíduo pertenceu à ‘espécie mãe X’ da ramificação Y”.

# COMO FUNCIONA A CLADÍSTICA

*Exemplo usando árvore genealógica familiar*

Primos de 2º grau

Primos

Irmãos

Você

Copyrighted image

Bisavós

*Exemplo usando espécies*

Grupo-irmão de

**C + B + A**

Grupo-irmão de

**B + A**

Espécies filhas de **E**

(e irmãs entre si)

Copyrighted image

mãe de

**D + C + B + A**

**G**

## **ESPÉCIE FILHA**

*Mudanças que ocorrem  
aqui não ocorrem na outra*

Copyrighted image

## **ESPÉCIE FILHA**

Mais *mind-blowing* ainda é que nem é obrigatório que a “espécie mãe” de alguma linhagem esteja extinta. Afinal, estamos falando de populações. Peguemos por exemplo o *Puma concolor*, um tipo grande de felino que ocorre em todas as Américas. Ele tem um alcance geográfico tão amplo que recebe vários nomes em países diferentes, dependendo do idioma. Por exemplo, ele é chamado de leão-da-montanha ou *cougar* nos Estados Unidos, de puma nos países americanos de língua espanhola e de suçuarana ou onça-parda aqui no Brasil. Imaginemos que o ambiente onde essa espécie vive mude drasticamente aqui na América do Sul e na América do Norte, ficando inalterado na América Central. Em alguns milhares de anos, pode ser que as populações de pumas nas Américas do Norte e do Sul tenham se tornado duas espécies bem diferentes, mas, como o ambiente na América Central, no nosso exemplo hipotético, não mudou nada, não houve pressão seletiva para “transformar” a população de pumas dessa região, deixando-a igual à espécie ancestral. Esses pumas sobreviventes na América Central seriam *ancestrais diretos* das duas espécies novas que surgiram nas Américas do Norte e do Sul? De jeito nenhum; as três seriam “espécies irmãs” (afinal, o tempo passou igualmente para as três). Porém, essa espécie da América Central seria indistinguível da “espécie mãe” que originou as demais espécies. Poderíamos dizer que *ainda é* a mesma “espécie mãe”. Cladistas costumam odiar pensar nisso; dizem que bagunça todos os seus cálculos estatísticos, por ser muito improvável, e preferem pensar que o cientista é que não procurou direito e que, sim, obrigatoriamente ocorreu alguma mudança, por menor que tenha sido, que tornou uma das espécies atuais diferente da espécie ancestral. No entanto, isso não é impossível, tanto que em um parágrafo descrevemos como poderia acontecer. Mas peguemos então um exemplo real, não hipotético: os grupos irmãos minhocas e sanguessugas. Hoje, com trabalhos moleculares (ou seja, que comparam genes em vez de características externas) já está claro que as sanguessugas são, na verdade, um tipo muito especializado de minhoca. E é bastante

possível que a “espécie mãe” dessas duas linhagens tenha sido essencialmente uma minhoca. Ou seja, apenas uma das linhagens (a das sanguessugas) teria sofrido um monte de mudanças anatômicas ao longo dos milhões de anos, enquanto a outra se deu muito bem com o ambiente em que vivia a espécie ancestral, ficou por lá e não mudou muito.

## **UMA MÃOZINHA DAS BALEIAS**

Voltando aos fósseis, é mais ou menos por isso que, em cladística, dificilmente chamamos os fósseis de transição conhecidos (ou “elos achados” – afinal, se os achamos não estão mais perdidos) de *fósseis intermediários*, como os criacionistas adoram, e em vez disso os chamamos de *fósseis com características intermediárias*. Ou seja, ainda que não possamos chamar um fóssil de *ancestral*, ele pode possuir as características intermediárias entre um grupo e outro, exatamente como a Evolução prevê. E, como já dito, temos centenas deles. Entre os exemplos mais ilustrativos de linhagens recheadas de fósseis que fazem quase uma “sequência completa” de características intermediárias estão as baleias e os cavalos. Aí você pode se perguntar: por que raios esses dois grupos nos deram tantos fósseis? E a gente responde: não apenas são duas linhagens de animais grandes (no caso das baleias, *os maiores*) como também essa evolução se deu nos últimos 50 milhões de anos, o que é considerado muito recente na escala geológica. Ambas as peculiaridades (tamanho e pouca antiguidade) facilitam que os animais se fossilizem e que esses fósseis cheguem bem preservados até os dias de hoje. Também podemos salientar que os fósseis de baleia encontrados estavam em grandes desertos atuais (que foram antigos oceanos) no Paquistão e no Chile, o que também facilita a preservação. E, no caso dos cavalos, sua evolução se deu na América do Norte, cujo país central (os Estados Unidos) possui uma tradição paleontológica muito antiga e valorizada, o que fez com que mais gente procurasse fósseis por lá.

## CRÂNIO DE GOLFINHO COMO ELE É

Copyrighted image

uma ilustração, por favor especifique se deseja uma imagem sem bordas

O DNA dos vertebrados manda cumprir regras muito simples de montagem de focinho:

1. narina na ponta do focinho
2. narina é formada pelo osso pré-maxilar na ponta, pelo osso maxilar dos lados e pelo osso nasal na parte de trás

3. osso maxilar é onde se encaixa a maioria dos dentes
4. osso frontal começa atrás dos ossos nasais e forma a borda de cima das órbitas.

Dentro dessas regras de montagem, o DNA dos golfinhos altera uma instrução (a primeira) e substitui por:

1. narina no meio da testa.

Porém, todas as outras etapas de montagem (2, 3 e 4) precisam ser cumpridas, porque o DNA e o processo embriológico não sabem fazer de outro jeito. O resultado é essa maçaroca aí acima.

## CRÂNIO DE UM GOLFINHO COMO DEVERIA SER

*se a Evolução não fosse um processo de bricolagem embriológico*

*osso frontal gigante formando a borda da órbita sem ter que dar a volta*

órbita

Copyrighted image

*osso pré-maxilar curto e só na ponta, como devia ser*

*osso maxilar formando a borda lateral do focinho, onde ficam os dentes, nenhuma deformação pra trás*

Voltando ao exemplo, se a Evolução não fosse bricolagem, caso a narina fosse para o topo da cabeça, os passos a serem realizados seriam os seguintes:

1. narina no topo da cabeça: abra no meio da testa de uma vez, fazendo um furo no osso frontal
2. que se exploda quais os ossos formam a narina.

Muda tudo e tá de boas

3. osso maxilar é onde se encaixa a maioria dos dentes. Tá vendo? Continua fazendo isso. Tá ali, bonitinho
4. osso frontal começa atrás dos ossos nasais e forma a borda de cima das órbitas. Olha só! Tá lá do mesmo jeito
5. arrume um jeito de reorganizar traqueia,

nervos, tecidos moles e tudo mais.

É mais complicado? É. Mas fica mais eficiente, mais bonito, e não seria nada impossível para um processo inteligente. NEA imagem da a linha de m é diferente dos outros vertebrados.

Copyrighted image

Entre as características intermediárias que podemos ver claramente no registro fóssil da linhagem das baleias está a transformação gradual dos membros anteriores em nadadeiras e a redução, também gradual, dos membros posteriores, que hoje são apenas vestigiais. Além

disso, há ainda a migração das narinas da ponta do focinho para a parte de cima da cabeça, na região posterior aos olhos. É por isso que golfinhos e baleias soltam um “jato” da parte de trás da cabeça. Isso é resultado da respiração do bicho, expirando ar pelas narinas sem ter a necessidade de colocar a ponta do focinho para fora nem ter que atrapalhar a natação para respirar. Essa migração não envolve simplesmente a narina “surgir” em outro lugar – no meio do osso frontal, por exemplo. Isso porque a Evolução só trabalha com o que ela já tem previamente, e a informação genética precisa passar pela embriologia primeiro. Uma alteração como uma narina no meio do osso frontal, com uma conexão interna com a traqueia, seria uma transformação muito difícil de acontecer e, se acontecesse, muito provavelmente o indivíduo não seria viável (traduzindo: iria morrer logo; se bobear, antes de nascer). O que vemos no crânio de baleias é um osso nasal retraído, comprimido na parte de trás da cabeça, mas anterior ao frontal, como manda a embriologia de vertebrados. Vemos também um osso pré-maxilar muito esticado, obviamente fechando toda a região anterior do focinho, que não pode ficar aberta só porque a narina migrou para trás. Quando analisamos o registro fóssil, vemos todo esse processo de retração das narinas – levando consigo os ossos nasais. Se os seres vivos não fossem fruto da descendência com modificação, não haveria razão para a ordem de contato dos ossos ser exatamente a mesma, independentemente da alteração da arquitetura craniana. Bastaria, como já exemplificamos, colocar uma narina no alto da cabeça, perfurando o osso que estivesse lá, e pronto; mas não é isso que observamos.

Também entre os cavalos é possível observar características que se modificaram gradualmente. A mais notável de todas é a redução dos dedos. A espécie mais antiga que nós conhecemos da linhagem dos cavalos era um bichinho herbívoro de pequeno porte, com cinco dedos em cada pata, lembrando um pouco uma anta em miniatura. À medida que se observam as espécies mais novas da linhagem, percebem-se um alongamento das patas e uma redução do número de dedos até chegar ao cavalo atual, que, na fase adulta, tem apenas um dedo. Esse dedo é o dedo do meio (sim, cavalos estão *full time* fazendo um sinal feio para todos, e com as quatro patas), e quando dizemos “na fase adulta”, é porque, quando se vê um embrião de cavalo, observa-se que a informação para fazer pelo menos três dedos ainda existe – os dedinhos são formados, mas se perdem nos estágios posteriores da gestação. Isso é mais uma evidência óbvia da Evolução: afinal, se os cavalos não tivessem passado por nenhuma evolução, não haveria sentido algum em a informação de formar vários dedos estar presente no seu DNA, e muito menos se expressar nos embriões. Quem foi criado na fazenda e lida muito com equinos sabe que é raro, mas acontece às vezes de um cavalo nascer com “dedos extras”, porque o gene que deveria suprimir o desenvolvimento desses dedos na embriologia por algum motivo não funcionou (o fenômeno é chamado de “atavismo”). A Evolução se confirma nesse caso porque o mecanismo precisa passar obrigatoriamente pela genética e pela embriologia. Ou seja, o jeito de construir um animal com um dedo único



passa obrigatoriamente pela informação de construir vários dedos e depois removê-los, simplesmente porque não há regra na Evolução que diga que alguma informação deve ser suprimida. A seleção natural funciona com as pressões do meio ambiente, e na fase embrionária os vertebrados costumam estar protegidos do ambiente externo; então, não há seleção ativa para que este ou aquele processo seja suprimido.

Temos, portanto, esses dois grupos (o das baleias e o dos cavalos) de abundante registro fossilífero com características intermediárias. Porém, quando falamos de grupos de animais de tamanhos menores, com menos partes duras fossilizáveis, ou de grupos muito, muito antigos, aí o registro fóssil costuma não ter exemplares tão bem preservados, ou não ser tão rico, ou não tão elucidativo. Mesmo assim, ainda existem muitos exemplos.

## **AVESSAUROS**

Atualmente, conhecemos um conjunto de fósseis com características intermediárias entre dinossauros e aves tão numeroso e bem preservado que fica difícil dizer quando, especificamente, um fóssil já pode ser chamado de ave. Na verdade, sabemos que as aves são um grupo muito especializado de dinossauros e, portanto, mesmo essa transição de *dinossauro* para *ave* é errônea, porque aves continuam sendo dinossauros. Além disso, hoje sabemos que pelo menos os dinossauros mais próximos da linhagem das aves, como os dromeossauros (grupo do qual fazem parte os famosos velocirraptores), eram cobertos de penas. A China é o país onde foram encontrados mais de 90% desses fósseis emplumados com preservação incrível, mas Alemanha, Estados Unidos e Canadá têm também suas relíquias. Por mais extraordinário que seja, atualmente o *Archaeopteryx* tornou-se apenas uma figurinha entre muitas que temos para completar esse álbum da Evolução. Como já contamos antes, nem o *Archaeopteryx* nem nenhum fóssil chinês é ancestral direto das aves, ou pelo menos ninguém tem como afirmar isso. Mas eles possuem as características intermediárias necessárias para que entendamos como as aves surgiram e como o seu voo evoluiu. Quer dizer, ainda que sejam primos, todos esses fósseis ajudam a reconstruir a árvore genealógica da linhagem das aves. Da mesma forma, se tivéssemos as fotos de todos os seus primos, tios e tios-avós, possivelmente identificaríamos traços que se assemelham aos seus, mesmo sem fotos de seus pais e avós, que são seus ancestrais diretos. Assim, ainda que o termo seja bizarro em face das teorias evolutivas atuais, temos aí dezenas de “elos não mais perdidos” que cumprem muito bem o seu papel.

Em terras brazucas, também temos nossa gama de “elos não mais perdidos” em linhagens de vertebrados muito aclamadas, representadas por fósseis da mesma época – o Triássico (230 milhões a 215 milhões de anos atrás) – e localizados no mesmo estado: o Rio Grande do Sul. Ou seja, todos os fósseis brasileiros que serão citados até o fim do capítulo são gaúchos e viveram nesse intervalo de tempo (é bom deixar claro aqui só para não ter que ficar repetindo isso o tempo todo).

Vamos falar então da história mais *pop*: a origem dos dinossauros. Já era conhecido desde a década de 1970 o fóssil do *Staurikosaurus*, um pequeno dinossauro bípede brasileiro. Ele e o argentino *Herrerasaurus* foram considerados os dinossauros mais antigos do mundo por décadas (ambos com menos de um metro de altura). Essa evidência indicava que a origem dos dinossauros poderia estar na América do Sul (não que fizesse muita diferença em uma época em que todos os continentes estavam unidos, mas que é muito legal, isso é). A descoberta do *Eoraptor* na Argentina, em 1993, completou o “trio” dos dinossauros mais antigos do mundo, todos pequenos bípedes do Triássico da América do Sul. Na Argentina também já era conhecido o fóssil do *Lagosuchus*, um bichinho muito, muito parecido com um dinossauro, que já tinha as pernas compridas, possivelmente era bípede, mas que não tinha algumas características diagnósticas fundamentais em dinossauros. O fóssil do também argentino *Marasuchus*, mais completo, divulgado em 1994, ajudou a elucidar um pouco mais o grupo dos “quase dinossauros”. Eles já possuíam o fêmur e o púbis com características que apenas dinossauros possuem, o que é um bom indicativo de parentesco. Porém, ainda não tinham o acetábulo perfurado (uma abertura entre os ossos da bacia), que talvez seja a característica mais importante para se diagnosticar um dinossauro. Mas veja que interessante: esse grupo de “quase dinossauros” demonstra que as características que definem um dinossauro foram surgindo aos poucos na linhagem, exatamente como previa a ideia do bom velhinho de Shrewsbury (sim, Darwin nasceu nessa cidade de nome horrível de pronunciar). A linhagem que deu origem aos dinossauros é de pequenos carnívoros de pernas longas possivelmente bípedes, e os primeiros dinossauros *stricto sensu* eram justamente pequenos carnívoros de pernas longas e bípedes.

Exatamente essa dificuldade de decidir o que já é um dinossauro e distingui-lo do que ainda não é um dinossauro (muito parecida com o problema que temos, milhões de anos depois, para separar o que é uma ave do que não é) acabou acometendo um dos fósseis encontrados aqui no Brasil: o *Sacisaurus*. O nome é curioso, mas tem um motivo: na *assembleia fossilífera* em que foi encontrado esse bichinho, havia 19 fêmures direitos e nenhum esquerdo. O bizarro fenômeno de preservação ainda não foi elucidado, mas valeu o nome de “saci” para o inusitado fóssil que — pasme — era um pequeno bípede de pernas longas, mas aparentemente herbívoro. A descrição original do *Sacisaurus* foi publicada em 2006 e classificou-o como um dinossauro; porém, uma reanálise feita poucos anos depois, em 2010, concluiu que se tratava de um “quase dinossauro”, de uma família chamada *Silesauridae*. Em 2013, para complicar mais ainda o negócio, foi sugerido que *Silesauridae* poderia ser incluída *dentro* de *Dinosauria*. Ora bolas, isso prova que os cientistas não dizem nada com nada, estão sempre batendo cabeça e não são confiáveis, correto? Errado. Erradíssimo. Isso só confirma mais uma vez que o nosso amigo Charles tinha razão: quanto mais para o passado se vai, mais as linhagens vão ficando parecidas umas com as outras e mais difícil fica para a gente diferenciar uma da outra. Fóssil não vem com RG, lembra? Ou

seja, essa confusão na base dos dinossauros em classificá-los como “quase dinossauro” ou dinossauro *de facto* é exatamente o que se esperaria se a Evolução fosse verdadeira.

A coisa fica mais divertida ainda quando incluímos outro dinossauro brasileiro, o *Saturnalia tupiniquim*. Antes, é preciso entender quais são as três linhagens básicas de dinossauros: os carnívoros (todos bípedes, chamados terópodes), os herbívoros pescoçudos quadrúpedes (chamados saurópodes) e os herbívoros com bico (alguns quadrúpedes, outros bípedes, chamados ornitíscios). Vamos pular a parte de explicar as divisões maiores, bem como o grupo que une terópodes e saurópodes (*Saurischia*), porque isso, no momento, seria encher linguiça. Também vamos pular a parte de explicar as relações entre essas três linhagens, que foram muito questionadas em 2017. Agora, basta explicar que os primeiros dinossauros, como já mencionamos, eram carnívoros, mas duas linhagens herbívoras surgiram pouco depois. Se a teoria da Evolução estiver certa, é esperado que, na transição de um dinossauro carnívoro para um herbívoro, sejam encontrados fósseis de animais “no meio do caminho” entre um e outro. A primeira surpresa nesse sentido foi o *Eoraptor*, a última espécie a ser descoberta do “trio” dos primeiros dinossauros. Sua compleição é nitidamente a de um pequeno dinossauro carnívoro, mas análises mais detalhadas feitas em 2011 e 2013 demonstraram que ele está mais relacionado à linhagem dos sauropodomorfos, que deu origem aos gigantes pescoçudos quadrúpedes e herbívoros. Seus dentes não são todos propriamente de carnívoros, o que indica uma possível onivoria (o bicho comeria de tudo um pouco); além dessa, há uma série de características nos membros, nos ombros e na cintura que destoam dos dinossauros carnívoros, mas estão presentes em todos os pescoçudos, como o primeiro dedo da mão, maior e inclinado para dentro.

O *Saturnalia* é ainda mais impressionante, porque ele tem o pescoço levemente mais longo que o *Eoraptor*, mas apresenta as mesmas características de saurópode dele. O *Saturnalia* tinha dentes muito parecidos com os do *Eoraptor* e provavelmente era onívoro também, comendo tudo o que aparecesse. Uma publicação de 2017 demonstrou que o *Saturnalia* tinha uma área cerebral desenvolvida, que usualmente está relacionada com a caça e a captura de presas e que foi diminuindo nas espécies desse grupo que foram surgindo depois. Ele devia se locomover de forma bípede, mas provavelmente se sentia à vontade apoiado em quatro patas, a mesma característica que aparece durante todo o Triássico em todos os membros da linhagem no grupo chamado de prossaurópodes (o nome significa pré-saurópodes, ou seja, precursores dos saurópodes). O quadrupedalismo só vai se fixar na linhagem dos saurópodes no final do Triássico, e é depois, no Jurássico, que eles atingem os tamanhos colossais que os tornaram famosos em filmes e revistas.

Sem querermos ser repetitivos, mas já sendo, essa confusão de caracteres intermediários quando se estuda a origem de um grupo é exatamente o que se esperaria encontrar se a teoria da Evolução fosse correta. A dificuldade de se indicar se tal dinossauro muito antigo pertence à linhagem dos carnívoros ou a alguma linhagem de herbívoros se dá porque,

quanto mais recuamos no tempo, mais parecidos os bichos de cada linhagem vão ficando — novamente, como seria previsto se a Evolução fosse verdadeira. Você consegue entender por que o termo “elo perdido” perde o sentido na realidade? Não há como saber se essa ou aquela espécie é realmente um elo, mas, sendo menos preciosistas, todos esses fósseis que citamos podem ser considerados “elos perdidos”, porque todos trazem características intermediárias que podem demonstrar como a Evolução aconteceu.

## **COM QUANTOS OSSOS SE FAZ UMA MANDÍBULA**

Antes de concluir, vamos dar um segundo exemplo no qual temos o mesmo problema de identificação de fósseis justamente por estarem muito no início da linhagem: a origem dos mamíferos. A maioria das características de mamíferos que conseguimos identificar hoje em dia não se fossiliza com facilidade (como pelos ou orelhas) ou são traços comportamentais que não se fossilizam nunca (como amamentar os filhotes). Assim, os paleontólogos se baseiam numa série de características do esqueleto para identificar um mamífero, e basicamente há um consenso de que duas delas são as principais: 1) a mandíbula ser formada por um único osso, o dentário; e 2) o ouvido interno possuir três ossinhos. Mas isso surge do nada no registro fóssil? É claro que não. Temos algumas centenas de espécies de animais que mostram toda uma transformação desde uma criatura com forma de réptil — tecnicamente seria um réptil, mas cladisticamente não é (não vale a pena quebrar a cabeça com isso agora, fica para a próxima) — até um animal com esqueleto que podemos reconhecer como mamífero. Os fósseis mais antigos possuem mandíbula com vários ossos, que vão reduzindo e se perdendo gradualmente nos fósseis mais recentes. Os fósseis mais antigos possuem apenas um osso no ouvido interno, e conforme se acompanha os fósseis mais recentes, veem-se dois ossos da articulação da mandíbula migrando para dentro do ouvido, até formar os nossos já conhecidos ossículos (martelo, bigorna e estribo). Há outras características que podem ser acompanhadas, como a especialização da forma dos dentes e a modificação de estruturas da coluna — indicando uma transformação do padrão de movimentação lateral reptiliano para uma movimentação mais dorsoventral (se não fosse assim, você nunca conseguiria fazer abdominal, nem mesmo abaixar para amarrar o cadarço) —, bem como a perda das costelas lombares, que pode ser um indicativo da presença de um diafragma (que permite uma respiração mais parecida com a dos mamíferos).

Todos esses fósseis com características intermediárias entre um vertebrado com forma reptiliana e um mamífero propriamente dito foram encontrados em rochas do final do Carbonífero, do Permiano e do Triássico, perfazendo um espaço de tempo que vai de 310 milhões a 205 milhões de anos atrás. Alguns desses fósseis também são gaúchos, como os dicinodontes de Santa Maria. Esse intervalo de 105 milhões de anos é um tempo mais do que razoável para a linhagem passar pela transformação que culminou em pequenos onívoros noturnos com cara de musaranhos (se você não conhece esse bicho, imagine uma mistura de

rato com toupeira), que se diversificaram ao longo do Jurássico e do Cretáceo em várias outras ramificações, todas com cara de musaranhos também, até finalmente, depois da extinção dos grandes répteis, conseguir se diferenciar nas mais variadas formas existentes hoje. O curioso é que, de todas as linhagens de mamíferos atuais, o grupo mais primitivo entre elas (em análises cladísticas, seja usando caracteres anatômicos, seja usando caracteres genéticos) é sempre o de algum bichinho com cara de musaranho. No grupo dos marsupiais, os mais antigos têm cara de musaranhos (como os gambás comuns no Brasil, também conhecidos como opossuns ou saruês). Na linhagem de mamíferos africanos, há os musaranhos “tradicionais” (aqueles cujo nome popular é musaranho mesmo). Pegando a ramificação dos mamíferos da Eurásia, idem: são chamados de “musaranhos europeus”. No ramo que dará origem aos primatas, a mesma coisa, mas são chamados de musaranhos-arborícolas e, como o próprio nome diz, vivem em árvores, como todos os descendentes dessa linhagem (exceto nós, que quisemos pagar de diferentes e descemos pro chão). Todos esses musaranhos são ancestrais dos demais mamíferos? Não, claro que não, mas são os ramos que apresentam as características mais antigas do grupo e que mudaram pouco no decorrer desses milhões de anos. Isso significa que, quanto mais para o passado se vai, mais os grupos vão ficando parecidos entre si? É isso mesmo, produção? Evolução fazendo previsões bem-feitas, como manda o figurino das teorias científicas?

Olha só que maravilha: parece que foi uma notável coincidência Darwin ter nascido em Shrewsbury (*shrew* é musaranho em inglês; apesar de a etimologia do nome vir do inglês antigo ou anglo-saxão e querer dizer algo como “a fortaleza entre os arbustos”, a gente não podia deixar essa coincidência passar, certo?).

Para finalizar este capítulo, gostaríamos apenas de reforçar que o mantra dos “fósseis intermediários” ou dos “elos perdidos”, repetido à exaustão por pessoas que querem posar de muito inteligentes questionando teorias científicas bem estabelecidas, nada mais é do que uma falácia. Trata-se de um discurso muitas vezes vazio, que, jogado para uma plateia leiga e incauta, parece coerente, mas que na verdade é, na melhor das interpretações, um argumento baseado em ignorância do método evolutivo, e, na pior das interpretações, uma mentira deslavada. O fato é que o termo “elo perdido” é muito inadequado para descrever a ciência evolutiva que é trabalhada hoje. E, mesmo que fosse adequado, temos milhares de fósseis com características intermediárias encontrados em todas as linhagens, tanto de plantas quanto de animais vertebrados ou invertebrados, e todos eles podem servir como “elo não mais perdido” se você tiver a boa vontade de ir atrás das fontes e estudar o que a ciência já publicou sobre eles. Diante da realidade, ficar insistindo nessa ideia de apontar os “elos perdidos” e a ausência de “fósseis intermediários” (como já fez – no Plenário – o bispo e prefeito do Rio de Janeiro na gestão 2016-2020) é sinal de ignorância. E se, mesmo com o conhecimento necessário, esse argumento ainda for utilizado, aí não se pode alegar

ignorância, mas podemos diagnosticar talvez um caso de teimosia patológica, ou quiçá algo pior.

## REFERÊNCIAS

### Leituras gerais

AMORIM, Dalton. *Fundamentos de sistemática filogenética*. Ribeirão Preto: Holos, 2002.

BRUSCA, Gary; BRUSCA, Richard. *Invertebrados*. 2. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2007.

DARWIN, Charles. *A origem das espécies através da seleção natural*. São Paulo: Edipro, 2017. (Tradução da 1ª edição de 1859).

TAYLOR, Paul; O'DEA, Aaron. *A history of life in 100 fossils*. Washington, DC: Smithsonian Books, 2014.

### Sobre o *Homo heidelbergensis*

NEVES, Walter; PILÓ, Luís. *O povo de Luzia: em busca dos primeiros americanos*. São Paulo: Globo, 2008.

STRINGER, Chris. The status of *Homo heidelbergensis* (Schoetensack 1908). *Evolutionary Anthropology*, v. 21, n. 3, p. 101-107, 2012.

### Sobre pumas

CULVER, Melanie et al. Genomic ancestry of the American puma (*Puma concolor*). *Journal of Heredity*, v. 91, n. 3, p. 186-197, 2000.

### Sobre minhocas

ERSEÚS, Christer. Phylogeny of oligochaetous Clitellata. *Hydrobiologia*, v. 535 /536, p. 357-372, 2005.

### Sobre baleias

GINGERICH, Philip. Whale evolution. In: *McGraw-Hill yearbook of science and technology*, 2004. p. 376-379.

\_\_\_\_\_. Early evolution of whales: a century of research in Egypt. In: FLEAGLE, John G.; GILBERT, Christopher C. (Org.). *Elwyn Simons: a search for origins*. Nova York: Springer, 2007. p. 107-124.

### Sobre cavalos

MACFADDEN, Bruce. *Fossil horses: systematics, paleobiology, and evolution of family Equidae*. Cambridge, MA: Cambridge University Press, 1992.

### Sobre atavismos

DREHMER, César. Uma revisão dos atavismos em vertebrados. *Neotropical Biology and Conservation*, v. 1, n. 2, p. 72-83, 2006.

### Sobre o *Archaeopteryx*

MAYR, Gerald; POHL, Burkhard; PETERS, Stefan. A well-preserved *Archaeopteryx* specimen with theropod features. *Science*, v. 310, p. 1483-1486, 2005.

RASHID, Dana et al. From dinosaurs to birds: a tail of evolution. *EvoDevo*, v. 5, n. 25, 2014. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/2041-9139-5-25>. Acesso em: 20 dez. 2018.

### Sobre a origem dos dinossauros e a evolução das principais linhagens

BRONZATI, Mario et al. Endocast of the Late Triassic (Carnian) dinosaur *Saturnalia tupiniquim*: implications for the evolution of brain tissue in *Sauropodomorpha*. *Scientific Reports*, v. 7, n. 11931, 2017. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41598-017-11737-5>. Acesso em: 26 dez. 2018.

LANGER, Max et al. The origin and early evolution of dinosaurs. *Biological Reviews*, v. 85, p. 55-110, 2010.

SERENO, Paul; MARTÍNEZ, Ricardo; ALCOBER, Oscar. Braincase of shape *Panphagia protos* (*Dinosauria*, *Sauropodomorpha*). *Journal of Vertebrate Paleontology*, v. 32, sup. 1, p. 70-82, 2013. Disponível em:

[https://www.researchgate.net/publication/257449092\\_Braincase\\_of\\_Panphagia\\_protos\\_Dinosauria\\_Sauropodomorpha](https://www.researchgate.net/publication/257449092_Braincase_of_Panphagia_protos_Dinosauria_Sauropodomorpha).  
Acesso em: 20 dez. 2018.

\_\_\_\_\_. Osteology of *Eoraptor lunensis* (Dinosauria, Sauropodomorpha). *Journal of Vertebrate Paleontology*, v. 32, sup. 1, p. 83-179, 2013. Disponível em: [https://www.researchgate.net/publication/257449092\\_Braincase\\_of\\_Panphagia\\_protos\\_Dinosauria\\_Sauropodomorpha](https://www.researchgate.net/publication/257449092_Braincase_of_Panphagia_protos_Dinosauria_Sauropodomorpha). Acesso em: 20 dez. 2018.

### **Sobre dinossauros com penas**

CHEN, Pei-ji; DONG, Zhi-ming; ZHEN, Shuo-nan. An exceptionally well-preserved theropod dinosaur from the Yixian Formation of China. *Nature*, v. 391, p. 147-152, 1998.

GAUTHIER, Jacques; DE QUEIROZ, Kevin. Feathered dinosaurs, flying dinosaurs, crown dinosaurs, and the name "Aves". In: GAUTHIER, Jacques; GALL, Lawrence F. (Org.). *New perspectives on the origin and early evolution of birds: proceedings of the international symposium in honor of John H. Ostrom*. New Haven: Peabody Museum of Natural History, Yale University, 2001.

Ji, Qiang et al. The distribution of integumentary structures in a feathered dinosaur. *Nature*, v. 410, p. 1084-1088, 2001.

SAWYER, Roger; KNAPP, Loren. Avian skin development and the evolutionary origin of feathers. *Journal of Experimental Zoology (Mol Dev Evol)*, v. 298B, p. 57-72, 2003.

XU, Xing et al. Basal tyrannosauroids from China and evidence for protofeathers in tyrannosauroids. *Nature*, v. 431, p. 680-684, 2004.

*Capítulo 3*

# **QUANDO A VIDA QUASE SUMIU**





