



II CONEDU
CONGRESSO NACIONAL DE EDUCAÇÃO

APRENDIZAGEM ATUALIZADA SOBRE A DIVERSIDADE BIOLÓGICA: ÊNFASE PARA O CLADO EXCAVATA

VIEIRA, Maria Eduarda de Lima (1); SILVA, Debora Louise da Cruz (2); SILVA, Kamilla Karla (3); ALMEIDA, Elineí Araújo (4)

(Maria Eduarda de Lima Vieira; Débora Louise da Cruz Silva; Kamilla Karla Silva; Elineí Araújo Almeida)

(Universidade Federal do Rio Grande do Norte, e-mail: ouvidoria@ufrn.br).

RESUMO

O Tree of Life Web Project (ToLWeb) é uma plataforma educativa que informa sobre a diversidade biológica e conta com a colaboração de *experts* e de amadores. Este trabalho objetiva analisar dados disponíveis no ToLWeb sobre o grupo Excavata, para comparação com publicações externas. Foi realizada uma investigação acerca dos conteúdos sobre os táxons escavados divulgados no ToL e também em fontes atualizadas diversas. Por meio das análises comparativas, focou-se nas propostas filogenéticas dentro do próprio grupo, como também do supergrupo dos Eukaryota. As publicações mais antigas foram utilizadas como ponto de partida para compreensão das novas descobertas. Conclui-se que é notória a necessidade de aprofundamento e atualização nos estudos publicados sobre os Excavata e demais táxons eucariotos unicelulares, para um melhor entendimento das relações de parentescos entre grupos.

Palavras-chave: Conceitos filogenéticos, Ensino atualizado, Eukarya, Filogenia, Tree of Life.

INTRODUÇÃO

Segundo Wood (2009), existe duas importantes propostas para introduzir nos cursos de biologia, uma delas é atrair, motivar e preparar a geração futura de biólogos, a outra é conduzir os futuros profissionais a não se tornar biólogos ou mesmo cientistas sem conseguir entender a natureza da ciência. Nesse sentido, reconhecer o conhecimento como algo em constante atualização constituiu o ponto de partida para compreender que a construção científica é dinâmica e passa por modificações. Projetos como o Tree of Life Web Project (ToL) são bons exemplos de fontes informativas que conduzem os estudantes para um tipo de iniciativa envolvendo dados a serem buscados



II CONEDU

CONGRESSO NACIONAL DE EDUCAÇÃO

empiricamente por meio de pesquisas. O projeto em questão fornece, através de um website, informações acerca da diversidade biológica, envolvendo aspectos filogenéticos e de classificação dos mais diferentes grupos (Maddison et al., 2007).

O site também traz conteúdo de forma hierárquica com a mesma estrutura da árvore da vida, apresentando um material dinâmico formado por figuras de exemplares dos grupos documentados, sugestões de bibliografia para consultas mais aprofundadas bem como diagramas filogenéticos expondo as relações de parentesco entre os grupos. Ao tratar do tema Eukarya, Keeling et al. (2015) explicitam um diagrama filogenético representando as linhagens pertencentes aos grupos Plantae, Unikonta, Cromalveolata e Excavata (Figura 1).

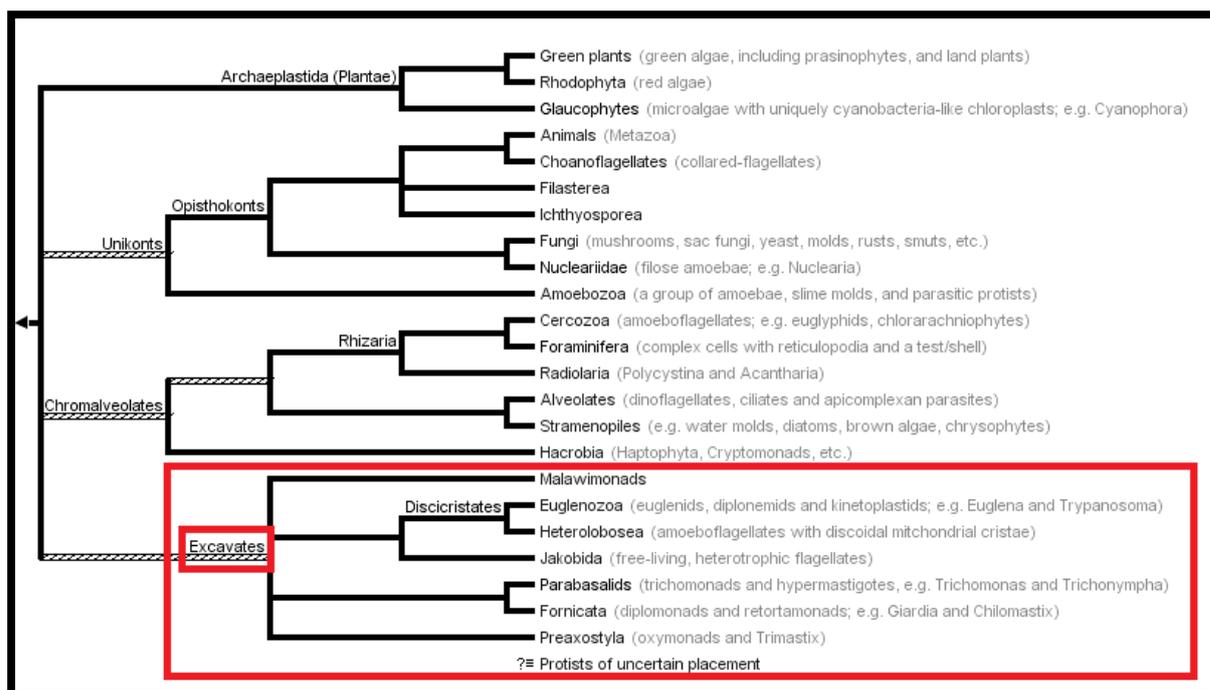


Figura 1. Diagrama filogenético evidenciado relações de parentescos entre quatro linhagens do clado Eukarya. Fonte: adaptado de Keeling et al. (2015) (acesso em 25/06/2015).

O táxon Excavata constitui um subgrupo da linhagem dos Eukarya; e incluem-se como exemplos bem conhecidos, os gêneros: *Euglena*, *Trypanosoma*, *Leishmania*,



Trichomonas, *Giardia* e outros eucariontes unicelulares (Adl et al., 2012). Muitos dos representantes dos Excavata compartilham uma estrutura alimentar escavada, da qual o nome é derivado. Encontram-se nesse grupo muitos organismos unicelulares de importância ecológica e também médica.

Como visto em Adl et al. (2012), o táxon Excavata, proposto por Cavalier-Smith (2002) foi ampliado por Simpson (2003). Abordagens gerais sobre este táxon encontram-se presentes em trabalhos que explicitam sobre os Eukarya (Cavalier-Smith, 2002, Adl et al., 2005; 2012, Burki, 2014 e Keeling et al., 2015). Também são encontradas informações sobre representantes desse grupo em livros didáticos de Zoologia, entre eles, Westheide e Rieger (2013), de forma explícita e Hickman et al (2013), citando representantes da linhagem comumente conhecidos como “Protozoa”, tais como, *Euglena* e *Trypanosoma*.

Em consequência das novas classificações dos eucariontes unicelulares estarem ganhando força nas pesquisas que abordam dados moleculares e as interpretações filogenéticas sobre os dados gerados pelas pesquisas diversas, os livros de Zoologia estão cada vez mais desconsiderando o grupo “Protozoa” e os eucariontes unicelulares mais relacionados com os Metazoa estão sendo tratados em sua forma de conjunto dentro dos conteúdos introdutórios sobre os animais, ou como avanços recentes nos conteúdos sobre Escolas de Sistemática (ver Rudyshyn; Samilyk, 2015).

Tendo em vista a ocorrência do aperfeiçoamento de técnicas e análises filogenéticas através de estudos moleculares, faz-se necessário a ininterruptas pesquisas científicas sobre as publicações que estão sendo divulgadas.

Considerando a importância de entender a complexidade do fluxo de informações sobre grupos de Eukarya, o trabalho em questão teve por objetivo investigar acerca dos aspectos filogenéticos e das conceituações sobre os Excavata fornecidos pelo ToL e fazer comparações dessas informações apresentadas com os dados disponibilizados em fontes científicas da web.



II CONEDU

CONGRESSO NACIONAL DE EDUCAÇÃO

METODOLOGIA

Inicialmente tomou-se como fonte de informação o artigo de Keeling et al. (2015) divulgado na plataforma educativa do Tree of Life (<http://tolweb.org/Eukaryotes/3>) como forma de vivenciar processos de habilidades características da formação do licenciado e do bacharel em Ciências Biológicas. Os artigos dos autores citados foram investigados para direcionar os aprofundamentos conceituais subsequentes. Citações envolvidas nesses artigos, quando pertinentes, também foram buscadas.

Fontes bibliográficas de autores não citados nos artigos estudados somaram o levantamento bibliográfico para fundamentar a pesquisa. Essas fontes de dados, oriundas de bibliografias externas, tratando sobre a filogenia dos Excavata, centraram em aspectos relacionados aos dados moleculares e aos dados morfológicos. As buscas de informação foram compartilhadas entre colegas que receberam orientação direcionada, por escrito, sugerido e acompanhado pela professora ministrante dos conteúdos da disciplina de Filogenia.

RESULTADOS E DISCUSSÕES

As considerações acerca do táxon Excavata expostas por Keeling et al. (2015) se baseiam em dados publicados nos últimos quinze anos. Os artigos, referentes ao levantamento de uma década de publicações, tendo Simpson e Parttternon (1999) como trabalho mais antigo e, Burki (2008) como a publicação mais recente.

As análises demonstraram uma variada quantidade de parâmetros utilizados envolvendo, desde trabalhos focados na morfologia do grupo, como o escrito intitulado “The ultrastructure of Carpediemonas membranifera (Eukaryota) with reference to the “Excavate hypothesis”, de Simpson e Patterson (1999), que utilizam os dados morfológicos para classificação filogenética, até trabalho com análises moleculares como a pesquisa de Simpson et al. (2006). O trabalho em questão aborda sobre uma



II CONEDU

CONGRESSO NACIONAL DE EDUCAÇÃO

análise filogenética, feita a partir de multigenes, na qual reorganizou nove dos 10 grupos presentes de Excavata em três clados principais.

A classificação proposta por Keeling et al. (2015) explicita um total de sete táxons terminais sendo eles, Malawimonads, Euglenozoa, Heterolobosea, Jakobida, Parabasalids, Fornicata e Preaxostyla. Observando os táxons terminais visualiza-se a presença de dois agrupamentos constituindo relações de grupos-irmãos: Os Euglenozoa e os Heterolobosea e os Parabasalids com os Fornicata fecham os grupos-irmãos existentes.

O artigo desenvolvido por Keeling et al. (2015) explora as informações sobre os táxons dentro de um contexto filogenético, destacando conceitos, entre eles grupos monofiléticos, parafiléticos, polifiléticos, táxons irmãos, linhagens evolutivas, relações de parentescos, etc.

Artigos subsequentes, citados no trabalho supracitados, trabalham, de forma mais enfática, com resultados de equiparações de sequencias gênicas (Adl et al., 2005; Adl et al., 2012; Cavalier-Smith, 2004), geralmente fazendo-se o uso do rDNA ribossomal (Weisburg, 1991).

Dentre os novos trabalhos citados, tem-se Breglia et al. (2007) intitulado “Phylogeny of Phagotrophic Euglenids (Euglenozoa) as Inferred from Hsp90 Gene Sequences”. Esse trabalho trata de um grupo específico, incluído em Excavata: os Euglenids, estando esse inserido no táxon Euglenozoa, clado que inclui organismos fotossintetizantes que apresentam cloroplastos derivados de uma endossimbiose com algas verdes. Nesse artigo, expõe-se uma proposta filogenética usando a forma citosólica da proteína de choque térmico 90 do gene (hsp90). É válido ressaltar aqui outro trabalho, de mesmo ano, que também realizou estudos acerca dos Euglenozoa. O escrito de Leander et al. (2007). “Mitochondrial genome evolution and the origin of eukaryotes”, decorreu em torno da macroevolução do citoesqueleto dos Euglenozoa.

Conforme falado anteriormente, a análise molecular proporciona uma gama de variáveis para serem comparadas. Um trabalho com esse perfil de análise foi o artigo do



II CONEDU

CONGRESSO NACIONAL DE EDUCAÇÃO

pesquisador Rodriguez-Ezpeleta, N. et al.- “Toward Resolving the Eukaryotic Tree: The Phylogenetic Positions of Jakobids and Cercozoans” de 2007. O escrito reporta a primeira grande análise molecular com grupos de Excavatas, que em publicações anteriores, eram feitas com 5-7 sequências de núcleos rRNA e com 8-10 proteínas. Podendo embasar mais significativamente o monofilismo de grupos como Jakobida, Euglenozoa e Heterolobosea (grupo JEH) e também informações sobre seu grupo-irmão Malawimonada.

O confronto entre o trabalho de Adl et al. (2012), referente ao tema “The new higher level classification of eukaryotes with emphasis on the taxonomy of protists” com o artigo de Cavalier Smith (2013), tratando sobre “Early evolution of eukaryote feeding modes, cell structural diversity, and classification of the protozoan phyla Loukzoa, Sulcozoa, and Choanozoa”, recai no uso das categorias taxonômicas muito explorado por Cavalier-Smith em muitas de suas publicações e ausentes em Adl et al. (2012).

Na classificação sistematizada por Cavalier Smith (2013) há exposição sobre vários táxons que estão sendo reconhecidos pela primeira vez em sua categoria taxonômica. Todos os táxons relacionados a alguma categoria taxonômica não publicados até então, são reconhecidos como táxons novos. As diagnoses para esses táxons são explicitadas juntamente com a indicação do significado dos prefixos e sufixos das palavras constituintes.

O artigo de Adl et al. (2012) segue princípios filogenéticos e as categorias taxonômicas não estão inseridas. Os grupos são organizados por meio de símbolos que os explicitam dentro de uma relação de conjuntos e seus subconjuntos. Os grupos monofiléticos são reconhecidos por meio da indicação das apomorfias.

Embora muitos dos táxons indicados por Adl et al. (2012) tenha sido nomeado por Cavalier-Smith, as duas sistematizações demonstram complexidades quando comparadas entre si porque não se encontram muitas correspondências nos nomes dos táxons envolvidos nas duas classificações propostas. Porém, quando se verifica a



II CONEDU

CONGRESSO NACIONAL DE EDUCAÇÃO

correspondência com outras classificações, uma compreensão mais objetiva acerca do artigo de Adl et al. (2012) foi proporcionada após comparação das informações conceituais de táxons escavados descritos no livro didático organizado por Whestheide e Rieger (2013). Os destaques aos táxons envolvidos na classificação dos Excavata contidos nessa respectiva obra, foram direcionados apenas para os grupos de conceituação monofilética. Detalhes sobre a retirada das categorias taxonômicas associadas aos táxons são encontradas em Araújo-de-Almeida et al. (2011).

Uma vez citado o artigo mais antigo do ToL de 1999, o trabalho mais recente referenciado nessa página web data de 2008. O trabalho batizado “Phylogenomics reveals a new ‘megagroup’ including most photosynthetic eukaryotes” elaborado por Burki, Shalchian-Tabrizi, e Pawlowski, (2007) trata de tentar solucionar os problemas filogenéticos a respeito dos supergrupos de eucariontes, onde se inclui os Excavata. Diferente de outros estudos com genes, no qual buscam esclarecer o processo evolutivo em clados mais derivados, esse estudo se aprofunda na base dessa árvore filogenética, trabalhando com 65 espécies e 135 gêneros, propondo essa nova filogenia.

Destaca-se na maioria desses trabalhos, um esclarecimento quanto a politomia inicial em Excavata, entretanto a tricotomia basal desse e dos demais supergrupos continua não solucionada. Enquanto isso, na árvore principal dos eucariontes, encontrada atualmente no ToL contém as duas politomias. Estudos filogenéticos mais aprofundados sobre Excavata foram sugeridos por diversos autores, que buscam evidenciar um possível monofiletismo em todo o grupo Eucarionte, enquanto outros, trazem informações específicas sobre táxons terminais desse grupo, sobre esses autores e suas obras, será dado o devido foco nos resultados e discussões do escrito.

Ainda referente à comparação da literatura referenciada no ToL com estudos externos recentemente publicados, apresenta-se aqui um trabalho de 2015 intitulado “The Eukaryotic Tree of Life from a Global Phylogenomic Perspective” de Burki (2014). Esse trabalho, além de trazer informações mais recentes desse grupo, é um interessante comparativo uma vez que foi publicado pelo mesmo autor da qual pertence



II CONEDU
CONGRESSO NACIONAL DE EDUCAÇÃO

à citação mais recente do ToL, ele retoma sua pesquisa filogenética com base em dados moleculares citando conceitos e trabalhos já inclusos na plataforma, porém acrescentando informações de 2008 e 2012, mais recente que os artigos vistos na mesma.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A pesquisa, direcionada para aspectos de investigação didático-conceitual sobre táxons de Excavados, demonstra que o contato com a bibliografia de forma investigativa proporciona experiências formativas que aprofundam o processo de compreensão científica. A pesquisa em artigos atualizados disponíveis *online* acrescentam dados novos ao processo de ensino aprendizagem porque auxilia e complementa livros, textos, que muitas vezes estão desatualizados em termos de propostas de classificação. Uma fonte bibliográfica atualizada já direciona para uma atitude de busca da informação mais recente que será levada para outros momentos de aprendizagem no percurso da aprendizagem.

Com a vivência na busca de conceitos atualizados, os processos de habilidades características para a formação do licenciado e do bacharel em Ciências Biológicas são acentuados no que diz respeito ao desenvolvimento da criticidade quanto aos conteúdos de taxonomia que muitas vezes estão muito desatualizados, ou inexistentes, em vários livros didáticos.

REFERÊNCIAS

ADL, S.M. et al. (2005) The new higher level classification of eukaryotes with emphasis on the taxonomy of protists. *Journal of Eukaryotic Microbiology*, 52(5), 399-451.

ADL, S.M. et al. (2012) The revised classification of eukaryotes. *Journal of Eukaryotic Microbiology*, 59 (5), 429-514.



II CONEDU

CONGRESSO NACIONAL DE EDUCAÇÃO

ARAÚJO-DE-ALMEIDA, E. et al. (2011) A Sistemática Zoológica ensinada sem o uso das categorias taxonômicas. In: ARAÚJO-DE-ALMEIDA, E. (org.). Ensino de Zoologia: ensaios metadisciplinares. EdUEPB, p. 79-99.

BREGLIA, S.A.; SLAMOVITS, C.H.; LEANDER, B.S. (2007) Phylogeny of phagotrophic euglenids (Euglenozoa) as inferred from hsp90 gene sequences. J. Eukaryot. Microbiol, 54, 86-92.

BURKI, F. et al. (2008) Phylogenomics reveals a new 'megagroup' including most photosynthetic eukaryotes. Biol. Lett., 4(4), 366-369.

BURKI, F. (2014) **The Eukaryotic Tree of Life from a Global Phylogenomic Perspective**. Available at <www.cshperspectives.org> (Acesso em 15/06/2015).

CAVALIER-SMITH, T. (2002) The phagotrophic origin of eukaryotes and phylogenetic classification of Protozoa. Available at <<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>> (Acesso em 21/06/2015)

CAVALIER-SMITH, T. (2004) Only six kingdoms of life. Available at <<http://www.cladocera.de/>> (Acesso em 21/06/2015)

CAVALIER-SMITH, T. (2013) Early evolution of eukaryote feeding modes, cell structural diversity, and classification of the protozoan phyla Louksozoa, Sulcozoa, and Choanozoa. European Journal of Protistology 49: 115–178

HAMPL, V. et al. (2009) **Phylogenomic analyses support the monophyly of Excavata and resolve relationships among eukaryotic “supergroups”**. 12 p.

HICKMAN, C. P. et al. (2013) Princípios Integrados de Zoologia. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan.

KEELING, P. et al. (2015) Eukariotes. Disponível: <http://tolweb.org/Eukaryotes/3>
Acesso: 25/04/2015.

LEANDER, B.S.; ESSON, H.J.; BREGLIA, S.A. (2007) Macroevolution of complex cytoskeletal systems in euglenids. Bioessays, 29, 987-1000.



II CONEDU

CONGRESSO NACIONAL DE EDUCAÇÃO

RODRIGUEZ-EZPELETA, N. et al. (2007) Toward resolving the eukaryotic tree: the phylogenetic positions of jakobids and cercozoans. Available at <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/> (Acesso em 15/06/2015)

RUDYSHYN, S.; SAMILYK, V. (2015) Development of knowledge of the taxonomy and phylogeny of living organisms for future biology teachers. *The Advanced Science Journal*, 1:75-82.

SIMPSON, A.G.; INAGAKI, Y.; ROGER, A.J. (2006) Comprehensive multigene phylogenies of excavate protists reveal the evolutionary positions of "primitive" eukaryotes. *Mol. Biol. Evol.*, 23, 615-625.

SIMPSON, A.G.B.; PATTERSON, D.J. (1999) The ultrastructure of *Carpediemonas* membranifera (Eukaryota) with reference to the "Excavate hypothesis". *Eur. J. Protistol.*, 35, 353-370.

WEISBURG, W. G. et al. (1991) 16S ribosomal DNA amplification for phylogenetic study. *Journal of bacteriology*, 173 (2): 697-703.

WESTHEIDE, V.; RIEGER, R. (org.) (2013) *Spezielle Zoologie*. Berlin: Spectrum.