

## Capítulo #

---

### Classificações Biológicas

#### Introdução

As classificações biológicas são sistemas de palavras utilizados para **organizar a diversidade dos organismos** ou para refletir como a vida está organizada. As classificações biológicas formam um **sistema geral de referência**, no qual a informação disponível sobre os organismos está indexada.

Uma classe é uma entidade que contém membros. Desde que um elemento se encaixe na definição particular de uma determinada classe, passa a pertencer a ela, independentemente da origem e da localização no tempo e no espaço.

A classe pode ser considerada artificial ou natural, dependendo de sua definição. A **classe artificial** depende de uma definição humana, mas não existe na natureza. Um exemplo de classe artificial seria a classe dos elementos que podem voar, e que incluiria seres vivos (p. ex. insetos, pterodáctilos, aves e morcegos) e objetos (p.ex. balões e aviões). Na natureza não são encontradas relações entre seus membros. A **classe natural** existe na natureza, independentemente do reconhecimento humano. Exemplos de classes naturais seriam as classes dos mamíferos, das plantas com flores e dos carboidratos. Nesses três casos, os indivíduos que compõem cada uma das três classes se ajustam a uma definição particular, e as origens e comportamentos dos membros são governados por processos naturais.

As classificações podem ser hierárquicas ou não hierárquicas. Isso vai depender se os elementos considerados têm ou não, entre si, qualquer tipo de relação e escalonamento. Se existir uma hierarquia, grupos mais abrangentes irão incluir subgrupos. A seguir alguns exemplos de classificações, combinando as diferentes possibilidades, hierárquica/não hierárquica e natural/artificial:

- classificação não hierárquica e artificial - classe dos voadores;
- classificação não hierárquica e natural - tabela periódica dos elementos;
- hierárquica e artificial - organograma de uma empresa;
- hierárquica e natural - grupos de organismos relacionados historicamente.

Em qualquer das escolas de sistemática, as classificações são primariamente hierárquicas. Todas as escolas utilizam relações de similaridade para agrupar organismos. A definição que vai servir de base para a classificação é o tipo particular de semelhança. A escola gradista faz uso de plesiomorfias e apomorfias (e, às vezes, também de homoplasias), a fenética de plesiomorfias, apomorfias e homoplasias, enquanto que a cladística se vale exclusivamente das apomorfias. Devido a isso, nem todas as classificações elaboradas pelas diferentes escolas são naturais (no sentido definido acima).

#### Táxon e Categoria

Existem dois conceitos distintos e cuja compreensão são fundamentais para as discussões que envolvem os problemas das classificações biológicas:

**Táxon** - conjunto de organismos que podem ser reunidos com base em uma definição particular. O táxon corresponde a uma classe cujos elementos são organismos.

**Categoria** - nome associado ao de um determinado táxon, e que demonstra o nível de generalidade desse táxon em relação aos demais táxons.

Assim, por exemplo, existe um táxon espécie e uma categoria espécie. O táxon espécie corresponde a um conjunto de populações sujeitas aos processos evolutivos. Já a categoria espécie é uma das classes na hierarquia formal da classificação, estando regulamentada pelas leis da nomenclatura biológica.

O táxon supra-específico, quando monofilético, representa um grupo histórico, uma reunião de espécies com uma história comum, unidas por laços de parentesco, e que descendem de um ancestral comum exclusivo.

Os nomes para os táxons supra-específicos podem ser formais ou informais. Vários dos nomes formais são regulamentados pelos códigos de nomenclatura. Nenhum nome informal sofre essa regulamentação. Como exemplos de nomes formais, regulamentados pelos códigos de nomenclatura, temos as categorias “gênero” e “família”. Outros nomes formais e obrigatórios não são regulamentados pelos códigos, como as categorias “classe” e “filo”. O “grupo de espécies” pode exemplificar um nome informal.

As classificações biológicas possuem algumas normas, previstas nos códigos de nomenclatura. As classificações podem ser elaboradas de acordo com os fundamentos das diferentes escolas de sistemática, mas as normas dos códigos devem ser seguidas. É importante ressaltar que a classificação lineana foi elaborada para um sistema que considerava as espécies imutáveis. Entretanto, a sistemática filogenética trabalha com um sistema biológico em que ocorre diversificação, uma vez que as espécies evoluem. A classificação lineana pode funcionar adequadamente segundo o pensamento aristotélico da diversidade - espécies imutáveis -, porém apresenta várias dificuldades de aplicação quando se trata de representar sistemas biológicos em evolução. Essas dificuldades ficarão evidentes ao longo do capítulo.

### As categorias Lineanas

A hierarquia lineana organiza os táxons em grupos e subgrupos que refletem os níveis relativos entre os táxons. **O nome da categoria taxonômica dá uma idéia da subordinação em relação às outras categorias.** Assim, o conceito de categoria está relacionado com o nível hierárquico ou escalonamento.

A sequência abaixo apresenta algumas das categorias taxonômicas mais conhecidas e utilizadas, e suas posições relativas. Alguns prefixos, como por exemplo “**super**”, “**sub**” e “**infra**”, ampliam o número de categorias disponíveis. As categorias assinaladas com asterisco (\*) foram instituídas por Linnaeus, e empregadas em suas primeiras classificações.

REINO \*  
    FILO  
        CLASSE \*  
            ORDEM \*  
                FAMÍLIA  
                    GÊNERO \*  
                        ESPÉCIE \*

No sistema lineano, a hierarquia deve ser memorizada para se ter a posição relativa dos táxons. O sistema lineano é uma convenção e não uma necessidade biológica.

Na sistemática filogenética, táxons de categoria de nível hierárquico superior são, hipoteticamente, de origem anterior que a de táxons de categoria inferior. Os táxons de categoria inferior estão contidos em táxons de categoria superior, como subconjuntos de conjuntos mais abrangentes. Entretanto, existem exceções, os táxons redundantes, que existem no sistema lineano devido às normas nomenclatórias existentes. **Táxon redundante**

Princípios de Sistemática e Biogeografia – Capítulo #: Classificações Biológicas é aquele que contem exatamente os mesmos membros que o táxon superior que o inclui. Os códigos de nomenclatura preveem **categorias obrigatórias**, nas quais os organismos devem ser alocados. Os dois exemplos abaixo exemplificam duas situações distintas, com e sem táxons redundantes. As categorias obrigatórias, segundo o Código de Nomenclatura Zoológica, estão sublinhadas.

FILO ARTHROPODA

CLASSE HEXAPODA

SUBCLASSE INSECTA

ORDEM COLEOPTERA

SUBORDEM POLYPHAGA

FAMÍLIA CURCULIONIDAE (cerca de 60.000 espécies)

SUBFAMÍLIA MOLTINAE (cerca de 4000 espécies)

GÊNERO *Conotrachelus* (cerca de 900 espécies)

ESPÉCIE *Conotrachelus imbecilus*

FILO ARTHROPODA

CLASSE HEXAPODA

SUBCLASSE INSECTA

ORDEM COLEOPTERA

SUBORDEM ARCHOSTEMATA (cerca de 30 espécies)

FAMÍLIA MICROMALTHIDAE ( 1 espécie)

GÊNERO *Micromalthus* (1 espécie)

ESPÉCIE *Micromalthus debilis*

No primeiro exemplo, não se observam táxons redundantes. Cada táxon possui uma definição diferente. Já no segundo exemplo, podem ser observados três táxons redundantes. As definições da espécie, do gênero e da família são idênticas, pois estão baseadas em uma única espécie, *M. debilis*. Deve ser observado que os táxons redundantes não apresentam informação adicional à classificação, e que existem, apenas, devido à obrigatoriedade imposta pelas normas dos códigos de nomenclatura biológica.

O significado biológico das categorias dependerá do modo como o sistema das categorias for elaborado. Como o modo de construir a classificação é diferente em cada escola, há uma diferença naquilo que a classificação representa em cada caso. Na classificação fenética, baseada na similaridade global, aparecem distorções quando comparada com a história evolutiva do grupo. Na classificação gradista, aparecem muitos grupos parafiléticos, que fornecem informações dúbias sobre o parentesco, enquanto que outros grupos monofiléticos não aparecem. Na classificação cladista, a classificação procura exprimir estritamente as relações de parentesco.

Nos diferentes grupos de organismos, as categorias são aplicadas independentemente. Não existem estudos mais abrangentes que se preocupam com uma “evolução global”. Como consequência, os níveis sucessivos de categorias dentro de uma classificação não tem significado biológico algum. As categorias podem “deslizar” para cima ou para baixo, dependendo do grupo considerado, e isso independentemente da idade de origem do grupo. Por exemplo, as subordens Polyphaga e Platyrhini. A subordem Polyphaga (Coleoptera, Insecta) é um grupo monofilético, ocorre no mundo todo, e originou-se aproximadamente no Permiano, a cerca de 270-300 milhões de anos. Já a subordem Platyrhini (Mammalia) também é um grupo monofilético, mas restrito à América do Sul, e originou-se no fim do Cretáceo - início do Terciário, a cerca de 70 milhões de anos.

Alguns autores apresentaram sugestões para evitar esse problema. Por exemplo, Hennig (1966) sugeriu que o escalão atribuído a determinado táxon deveria levar em conta a idade de origem do grupo. Isso evitaria o procedimento arbitrário de se atribuir uma determinada categoria ao táxon. Assim, os táxons originados entre o Devoniano inferior e o Carbonífero médio receberiam a categoria Classe; aos originados entre o Carbonífero Superior e o Permiano Superior, seria atribuída a categoria Ordem, e assim por diante. Entretanto, a verificação da idade de origem ainda depende, basicamente, do registro fóssil, e este é muito heterogêneo nos vários grupos de organismos, o que dificulta a implementação da sugestão. O encontro de fósseis mais antigos, fato bastante frequente, resultaria em alterações substanciais nas classificações.

### **A classificação filogenética**

As premissas básicas da **classificação filogenética** são que ela **deve refletir a filogenia dos organismos considerados, e que todos os grupos utilizados devem ser monofiléticos**. Se por acaso, em uma classificação filogenética, por alguma razão particular, for utilizado um grupo merofilético, ele deve ser especificado como tal. Os nomes de táxons merofiléticos são citados, em geral, entre aspas (por ex. “Protista”). Existem, porém, diferentes formas para se apresentar a classificação filogenética, sendo algumas mais convenientes do que outras, em determinadas circunstâncias. No entanto, as várias possibilidades estarão corretas, se refletirem adequadamente a filogenia do grupo representada no cladograma obtido. **As relações de parentesco dos táxons devem ser expressas exatamente pela classificação.**

Como proceder, então, para transformar a informação contida em um cladograma em um classificação. Foi visto que algumas normas nomenclatórias básicas devem ser seguidas, e outros pontos devem ser considerados.

1. A categoria gênero é necessária para que a nomenclatura binomial seja mantida.
2. Além da categoria gênero, algumas outras categorias superiores são obrigatórias, de acordo com os códigos de nomenclatura biológica.
3. As outras categorias não seriam necessárias para a classificação filogenética, mas são largamente utilizadas na literatura.

Há dois procedimentos possíveis:

- classificação por SUBORDINAÇÃO
- classificação por SEQUENCIAÇÃO

Na **subordinação**, grupos de níveis hierárquicos diferentes têm categorias hierárquicas diferentes. Subgrupos de qualquer táxon têm categorias taxonômicas de nível menor que a categoria do táxon mais amplo. A cada grupo monofilético existente no cladograma corresponde um táxon dentro da classificação, com nome e categoria taxonômica associada. Assim, grupos-irmãos apresentam categorias associadas iguais.

Seja o cladograma abaixo (Fig. 1).

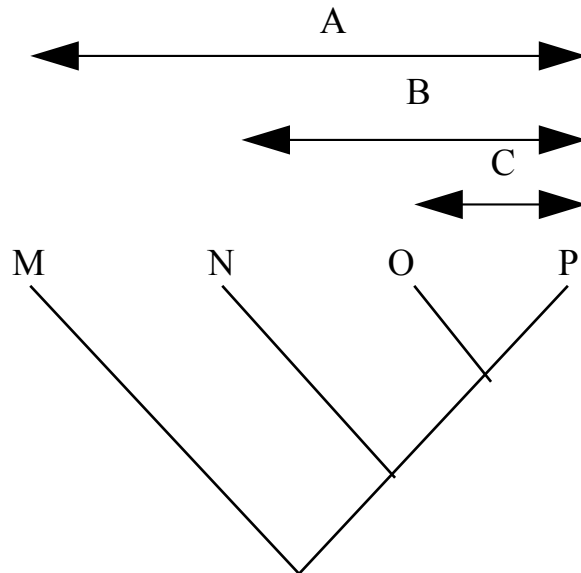


Fig. 1

Os grupos monofiléticos que poderão ser utilizados na classificação são (MNOP) = A; (NOP) = B; (OP) = C; M; N; O; P. No caso de associarmos ao táxon A a categoria superclasse, a classificação subordinada será a seguinte:

SUPERCLASSE A (= M+N+O+P)  
 CLASSE M  
 CLASSE B (= N+O+P)  
 SUBCLASSE N  
 SUBCLASSE C (= O+P)  
 INFRACLASSE O  
 INFRACLASSE P

Num sistema de classificação por **sequenciação**, os pares sucessivos de grupos-irmãos não recebem denominação própria, e os ramos sucessivos recebem uma mesma categoria taxonômica associada. Considerando-se o mesmo cladograma da Fig. 1, a classificação por sequenciação será a seguinte:

SUPERCLASSE A  
 CLASSE M  
 CLASSE N  
 CLASSE O  
 CLASSE P

Existe uma convenção de que o primeiro táxon a ser listado é o ramo mais basal, isto é, o táxon terminal de origem mais antiga. No caso acima, M é o terminal mais antigo e, a seguir, em ordem de idade temos N, O e P, sendo esses dois últimos táxons de mesma idade. Entretanto essa convenção nem sempre é aplicável, dependendo da topologia do cladograma, ou seja, das relações de parentesco entre os táxons, como no caso abaixo (Fig. 2):

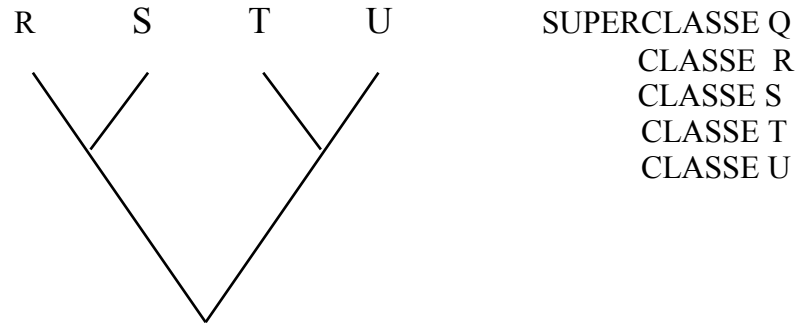
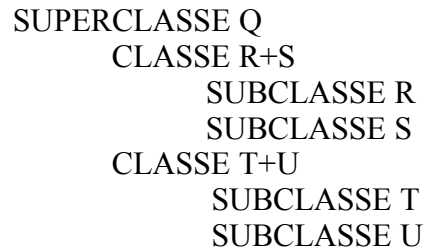


Fig. 2

Para evitar esse inconveniente, dever-se-ia utilizar o procedimento de subordinação. A classificação ficaria:



Na prática, o sistema de seqüenciação é entremeado com o procedimento de subordinação.

Ambos os procedimentos, seqüenciação e subordinação, apresentam vantagens e desvantagens.

As **vantagens da subordinação** são as seguintes:

1- todos os grupos monofiléticos têm um nome associado. Isso é vantajoso quando se tem que fazer referência a esses táxons numa discussão qualquer, por exemplo, de morfologia comparada ou de biogeografia;

2- as politomias ficam explícitas na classificação.

As **desvantagens da subordinação** são as seguintes:

1- o sistema por subordinação utiliza muitas categorias, e há dificuldade para memorizar novas categorias e suas seqüências;

2- há um grande número de nomes redundantes, totalmente não informativos, e portanto supérfluos;

3- cada novo táxon que é introduzido modifica toda a classificação - uma vez que a hierarquia fica alterada -, ou exige a criação de uma nova categoria

As **vantagens da seqüenciação** são:

1- o número de categorias utilizadas é bem menor, o que facilita a memorização;

2- diminui a possibilidade de nomes redundantes;

3- a introdução de um táxon novo não altera a classificação abaixo do ponto de inserção;

4- o sistema é bastante flexível, permitindo que a taxonomia tradicional do grupo seja pouco modificada, mantendo os seus nomes tradicionais.

As **desvantagens da seqüenciação** são:

- 1- não é possível comparar táxons de mesma categoria temporal;
- 2- muitos táxons permanecem sem denominação própria, o que dificulta a referência a esses táxons em qualquer comparação ou discussão;
- 3- quando ocorrem politomias no cladograma, essa informação tem que ser explicitada na classificação. Ela não passa diretamente para a classificação, a não ser que sejam utilizados artificios. **No caso das politomias**, Wiley (1979) sugeriu a utilização dos termos latinos *sedis mutabilis* - que significam **colocação sujeita a alteração** -, logo após a citação dos nomes do táxons presentes na politomia. Por exemplo, no cladograma da Fig. 3, a classificação por sequenciação ficaria:

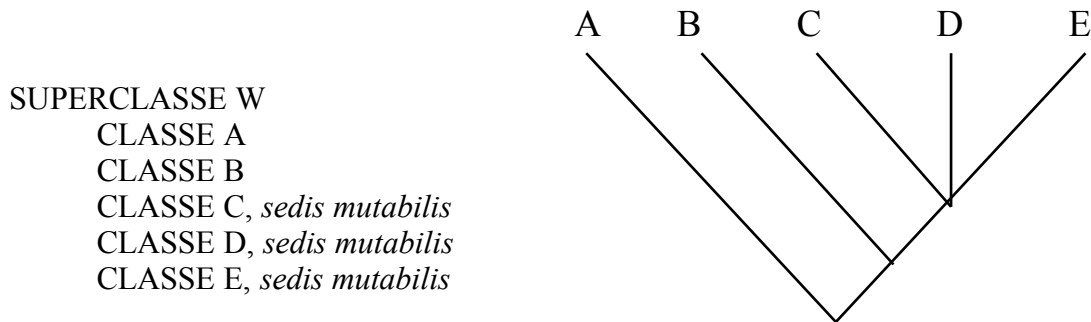


Fig. 3 Cladograma com politomia e o uso da convenção *sedis mutabilis*.

Dessa forma, o uso da convenção *sedis mutabilis* evidencia a tricotomia dos táxons C, D e E. Já na classificação por subordinação, essa evidência fica explícita pela existência de três táxons com mesma categoria associada. A classificação por subordinação da mesma superclasse W ficaria:

- SUPERCLASSE W
  - CLASSE A
  - CLASSE BCDE
    - SUBCLASSE B
    - SUBCLASSE CDE
      - ORDEM C
      - ORDEM D
      - ORDEM E

Seja o mesmo cladograma abaixo, para o qual serão apresentadas classificações por subordinação (Fig 4) e sequenciação (Fig. 5). O grupo todo (ABCDE) será considerado no nível família, enquanto que os terminais no nível gênero. As categorias obrigatórias serão utilizadas sempre que necessárias, mesmo que esse procedimento resulte em táxons redundantes. No caso de politomia, será utilizada a convenção *sedis mutabilis*. Os táxons serão apresentados de maneira identada, de acordo com a hierarquia da categoria utilizada.

*Classificação subordinada*

FAMÍLIA ABCDEF  
SUBFAMÍLIA AB  
GÊNERO A  
GÊNERO B  
SUBFAMÍLIA CDEF  
TRIBO C, *sedis mutabilis*  
GÊNERO C  
TRIBO D, *sedis mutabilis*  
GÊNERO D  
TRIBO EF, *sedis mutabilis*  
GÊNERO E  
GÊNERO F

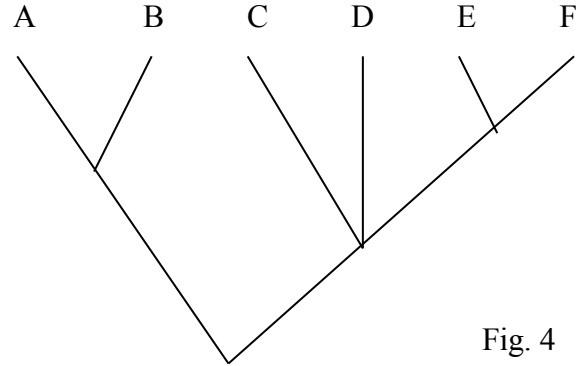


Fig. 4

*Classificação sequenciada*

FAMÍLIA ABCDEF  
SUBFAMÍLIA AB  
GÊNERO A  
GÊNERO B  
SUBFAMÍLIA C, *sedis mutabilis*  
GÊNERO C  
SUBFAMÍLIA D, *sedis mutabilis*  
GÊNERO D  
SUBFAMÍLIA EF, *sedis mutabilis*  
GÊNERO E  
GÊNERO F

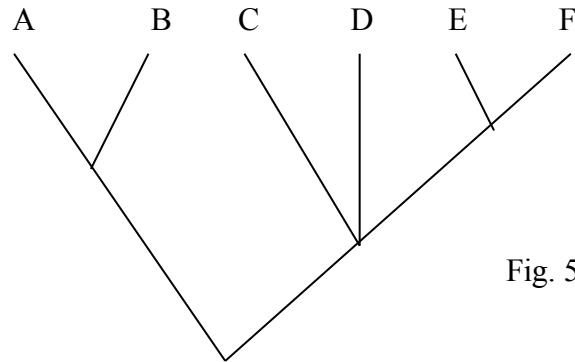


Fig. 5

Observar: 1- a classificação sequenciada utiliza menos categoria;

2- o mesmo táxon pode aparecer associado a uma categoria diferente, segundo a classificação adotada.

3- táxons redundantes são utilizados apenas quando estritamente necessários.

**Literatura Citada:**