

GTA | Guião de Trabalho Autónomo n.º 36

BIOLOGIA E GEOLOGIA 11.º ANO

Tema 4: Sistemática dos seres vivos



PORQUÊ APRENDER SOBRE...?



O QUE VOU APRENDER?



COMO VOU APRENDER?



O QUE APRENDI?



COMO POSSO COMPLEMENTAR A
APRENDIZAGEM?



PORQUÊ APRENDER SOBRE...?

Sistemas de classificação fenéticos e filogenéticos

Neste guião vais colocar-te no papel de um cientista que tenta resolver um enigma: de que grupo de animais estão mais próximas as baleias? Para descobrires a resposta, vais aplicar dois tipos de classificação: a fenética, baseada nas semelhanças visíveis, e a filogenética, que revela o grau de parentesco evolutivo através de dados genéticos.

Vem descobrir!



O QUE VOU APRENDER?

Explicar vantagens e limitações inerentes a sistemas de classificação e aplicar regras de nomenclatura biológica.

Distinguir sistemas de classificação fenéticos de filogenéticos, identificando vantagens e limitações.

Caracterizar o sistema de classificação de Whittaker modificado, reconhecendo que existem sistemas mais recentes, nomeadamente o que prevê a delimitação de domínios (Eukaria, Archaeobacteria, Eubacteria).



COMO VOU APRENDER?

GTA 35: Porquê classificar?

GTA 36: Sistemas de classificação fenético e filogenético

GTA 37: Organizar a biodiversidade: dos reinos aos domínios

GTA 38: Aplica e pratica sobre sistemática dos seres vivos

Tema 4: Sistemática dos seres vivos



GTA 36: Sistemas de classificação fenético e filogenético

Objetivos:

- Distinguir sistemas de classificação fenéticos de filogenéticos.
- Identificar vantagens e limitações de cada sistema.
- Valorizar a natureza dinâmica da ciência.

Modalidade de trabalho: individual ou em pequeno grupo.

Recursos e materiais: manual de Biologia, caderno diário, *internet*.

Etapa 1 – O enigma da classificação das baleias

No guião de trabalho autónomo n.º 35, analisaste a evolução dos sistemas de classificação biológica ao longo do tempo.

Durante séculos, as baleias e outros cetáceos representaram um verdadeiro enigma para os naturalistas, pois apresentam características comuns a grupos muito distintos, como os peixes e os mamíferos.

Vê o vídeo e descobre como a classificação das baleias foi mudando ao longo da história da ciência.

[O enigma da classificação das baleias](#)



Como sabes, o conhecimento científico está em permanente construção e reformulação. A linha temporal que consultaste não está completa.

As baleias (e os restantes cetáceos) pertencem à classe dos Mamíferos, mas...

- **Em que ordem devem ser incluídos?**
- **E qual será o grupo atual mais próximo?**

Para responderes a estas questões, vais começar por conhecer duas escolas de pensamento em classificação biológica que marcaram o século XX: a **fenética** e a **sistemática filogenética**.

Etapa 2 – Fenética e sistemática filogenética: duas formas de classificar

Visualiza a videoaula entre os minutos 7:30 a 16:30 e **fica atento** às **características de cada sistema de classificação**.

[Sistemas de classificação dos seres vivos | Estudo Autónomo](#)





Depois de compreenderes as diferenças entre a fenética e a sistemática filogenética, vais pôr em prática as duas abordagens para descobrir quem são, afinal, os parentes mais próximos das baleias.

Irás usar o seguinte conjunto de animais: **Baleia-azul** (*Balaenoptera musculus*), **Cavalo** (*Equus caballus*), **Dugongo** (*Dugong dugong*), **Elefante-africano** (*Loxodonta africana*), **Foca-comum** (*Phoca vitulina*), **Hipopótamo** (*Hippopotamus amphibius*) e **Peixe-tigre** (*Hydrocynus vittatus*). Na página 8 deste guião podes observar imagens destes animais.

Segue as indicações, e **registas** no caderno os diagramas gerados e as respostas às questões propostas.

Etapa 3 – Construir um fenograma

Um **fenograma** é um diagrama em forma de árvore que mostra as relações de semelhança fenotípica entre vários *taxa*. O agrupamento baseia-se em **caracteres observáveis** (morfológicos, anatómicos, fisiológicos), sem considerar a **ancestralidade comum** ou a **história evolutiva**.

Nesta fase, irás agrupar os animais com base em 14 caracteres fenotípicos observáveis.

1. Constrói uma **matriz de caracteres**. Para tal **cria** uma tabela no caderno ou numa folha de cálculo Excel:

- Na **vertical insere** os nomes dos 7 animais, por ordem alfabética, sem hífens, nem acentos.
- Na **horizontal insere** os caracteres por esta ordem: membros anteriores (patas/barbatanas); membros posteriores (patas/barbatanas); pelo; barbatana caudal horizontal; barbatana caudal vertical; respiração por brânquias; respiração por pulmões; pescoço distinguível; dentes; corpo alongado e fusiforme; cascos; tromba; vida predominantemente terrestre; alimentação herbívora. (Nota: as barbatanas dos peixes não são consideradas membros.)
- **Preenche** a tabela com os valores binários: **1 = Sim, 0 = Não**. Se tiveres dúvidas, **observa** as imagens e **consulta** a internet.

2. Acede à hiperligação.

[DendroUPGMA](#)



3. Insere, no espaço retangular em branco, os dados da tua matriz de caracteres, de acordo com o exemplo seguinte (abrevia alguns dos nomes):

Baleia	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0
Cavalo	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	1	0	1
Elefant													
Foca													
Hipopot													
Dugongo													
Peixtigre													



4. Por baixo do retângulo onde inseriste os dados, **seleciona**:

- (a) *Sets of variables (raw data)*
- *Jaccard index*
- No em *Do you want to generate 100 bootstrap replicates?*

(Se tiveres dúvidas **consulta** a Figura 1, na página 9 deste guião).

5. **Clica** em *Submit*.

6. **Analisa** o diagrama gerado e **copia-o** para o caderno.

- Num fenograma, quanto **menor o comprimento** dos ramos, **maior é a semelhança** entre os *taxa*.
- Em *Distance matrix based on Jaccard coefficient* (Matriz de distância baseada no coeficiente de Jaccard) **podes observar** os valores de distâncias entre pares de *taxa*.

Responde, no caderno, às questões seguintes.

- **Em relação aos mamíferos representados no fenograma, identifica os dois grandes grupos formados.**
Justifica o agrupamento com base nos caracteres utilizados na análise.
- **De acordo com este fenograma, com que grupo de organismos as baleias apresentam maior semelhança?**
Justifica a tua resposta com base na posição dos ramos e nos caracteres utilizados.
- **Pode afirmar-se que os organismos com os quais as baleias apresentam maior semelhança são também os mais próximos evolutivamente?**
Justifica a tua resposta.

Compara e discute as tuas respostas com as dos teus colegas.

Etapa 4 – Construir uma árvore filogenética

Uma **árvore filogenética** é uma representação gráfica que mostra as **relações de parentesco evolutivo** entre diferentes *taxa*, construída com base em características partilhadas por ancestralidade comum (homologias), frequentemente usando dados moleculares.

Para obteres a árvore filogenética vais:

- ✓ **consultar** a base de dados *GenBank* para obteres as sequências de DNA mitocondrial para o gene do citocromo b das sete espécies.
- ✓ **usar** o programa *Clustal Omega* para construíres a árvore filogenética a partir das sequências de DNA mitocondrial para o gene do citocromo b (proteína da cadeia transportadora de eletrões).



[GenBank Overview](#)



[Clustal Omega](#)

1. Abre o *GenBank* e o *Clustal Omega*.

2. Na barra de procura do GenBank, **insere** um código para obteres a sequência de DNA da baleia-azul (*Balaenoptera musculus*): KJ586852.1 e **clica** em *Search*. **Confirma** se o nome científico que surge no título corresponde à tua procura.

3. Clica em FASTA para obteres a sequência de DNA.

4. Copia a sequência de DNA e **cola-a** na caixa *Input sequence* do programa *Clustal Omega*.

Antes da sequência **adiciona** o símbolo “>” e o nome científico ou vulgar da espécie.

Em *Sequence type*, **escolhe** DNA.

(Se tiveres dúvidas, **consulta** a Figura 2, na página 9 deste guião.)

4. Repete os passos 2 e 3 para as restantes espécies, usando os códigos fornecidos. **Cola** todas as sequências de DNA na caixa, inserindo parágrafo após cada sequência.

Códigos: Cavalo: D82932.1; Dugongo: U07564.1; Elefante: AY768938.1;

Foca: AB510422.1; Hipopótamo: U07565.1; Peixe-tigre: AY791410.1

5. Atribui um título e **clica** em *Submit*.

6. Seleciona *Phylogenetic tree*. **Usa** as setas verticais (↓) e horizontais (↔) para expandir o diagrama.

7. Analisa a árvore filogenética gerada e **copia-a** para o caderno.

- ✓ Cada **ramo** (linha) representa uma **linhagem evolutiva**.
- ✓ Na **extremidade** do ramo encontra-se o táxon atual (ou extinto) incluído na análise.
- ✓ O ponto de divergência entre linhagens – **nó**, representa o momento em que as linhagens se separaram e indica o ancestral comum mais recente entre grupos.
- ✓ Representa uma **hipótese** de filogenia para aquele grupo de seres e conjunto de dados usados na análise.
- ✓ Os **valores** que surgem em cada ramo da árvore correspondem aos comprimentos de ramo e representam a quantidade de diferenças genéticas acumuladas (distância evolutiva), neste caso, substituições de nucleótidos de DNA, que ocorreram ao longo do ramo.



Consulta o manual e **responde**, no caderno, às questões propostas.

- **Compara o fenograma e a árvore filogenética quanto ao(s) táxon/taxa mais próximo(s) da baleia.**

Explica as diferenças encontradas, recorrendo aos conceitos de convergência/divergência evolutiva e analogia/homologia.

- **Explica por que razão a análise de sequências de DNA revela melhor as relações evolutivas do que a observação de características fenotípicas.**
- **Identifica uma vantagem e uma desvantagem de cada sistema de classificação.**

Compara e discute as tuas respostas com as dos teus colegas.

Etapas 5

A integração de dados fósseis (que mostram a transição para o meio aquático), anatómicos e genéticos, permitiram compreender o parentesco evolutivo entre as baleias e os hipopótamos. Pensa-se que a separação entre as duas linhagens terá ocorrido há cerca de 55 M.a.

As baleias e os restantes cetáceos pertencem à ordem Artiodáctila (mamíferos ungulados (mamíferos com cascos nas extremidades dos membros)) com um número par de dedos), na qual estão incluídos: búfalos, javalis, hipopótamos, camelos, veados, girafas, cabras e antílopes.

Na classificação que fizeste nas etapas 4 e 5, recorreste a caracteres morfológicos e bioquímicos para determinar as semelhanças e diferenças entre os organismos. No entanto, existem outros critérios de classificação.

Vê a videoaula a partir do minuto 16:30 e **fica atento** aos vários tipos de critérios de classificação.

[Sistemas de classificação dos seres vivos | Estudo Autónomo](#)



Consulta o manual e **sistematiza** a informação sobre os critérios de classificação, **construindo** uma tabela ou esquema no caderno.



Baleia-azul
(NOAA/<https://commons.wikimedia.org>)



Elefante-africano (Bernard Dupont
<https://commons.wikimedia.org>)



Dugongo
(Vardhanjp/<https://commons.wikimedia.org>)



Cavalo
(Equinologue/<https://commons.wikimedia.org>)



Hipopótamo (Bernardo
Dupont/<https://commons.wikimedia.org>)



Peixe-tigre
(Totti/<https://commons.wikimedia.org>)



Foca-comum (Andreas Trepte
<https://commons.wikimedia.org>)



Choose the input:
☒ (a) sets of variables (raw data)

Choose the similarity index or distance coefficient used to compare between the set of variables (Use Jaccard or Dice for binary data):

Similarity index: ☐ Pearson correlation coefficient (r) ☒ Jaccard index (Tanimoto) ☐ Dice coefficient

Distance coefficient: ☐ Euclidean distance ☐ Manhattan distance (city block or taxicab distance) ☐ Mean square deviation (MSD) ☐ Root Mean Square Deviation (RMSD)

Do you want to normalize (standardize) the input data? (only available for distance coefficients) ☒ No ☐ Yes

If the Pearson coefficient (r) has been chosen, choose the transformation of r to generate the distance values (d):
☒ $d = (1 - r) * 100$ ☐ $d = -\ln(\text{abs}(r))$

Do you want to generate 100 bootstrap replicates? ☒ No ☐ Yes

Do you want to omit rows with identical values for all the variables? ☒ No ☐ Yes

☐ (b) a similarity matrix

Do you want to omit rows with a similarity of 1? ☐ No ☐ Yes

☐ (c) a distance matrix

Choose the clustering method:
☒ UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) ☐ WPGMA (Weighted Pair Group Method with Arithmetic Mean)

Figura 1 – Seleção de opções para a construção do fenograma usando o *DendroUPGMA*.

Input sequence ⓘ

Sequence type ☐ Protein ☒ DNA ☐ RNA

Paste your sequence here - or use the example sequence

```
>Baleia
ATGACCAACATCCGAAAAACACACCCACTAATAAAAAATCATCAACGATGCATTTCATTGAT
CTCCCTACCCCATCAACATCTCCTCATGATGAACTTCGGCTCCCTACTCGGCCTCTGC
TTAATTGTACAAATCCTAACAGGCCTATTCTAGCAATACACTATACACCAGACACAATA
ACCGCCTTCTCATCAGTCACACATATTTGCCGAGACGTAACATATGGCTGAGTTATTCGG
TACTTACATGCAAACGGAGCCTCCATATTCTTCATCTGCCTCTACGCCACATGGGACGA
GGTCTATACTACGGCTCCCACGCTTTTCGAGAAACATGAAATATTGGAGTTATTCTACTA
```

No file chosen

More example inputs

Figura 2 – Inserção das sequências de DNA no programa *Clustal Omega*.



PROPOSTA DE RESOLUÇÃO

Etapa 3

Matriz de caracteres

Baleia 1 0 0 1 0 0 1 0 0 1 0 0 0 0

Cavalo 1 1 1 0 0 0 1 1 1 0 1 0 1 1

Elefant 1 1 1 0 0 0 1 1 1 0 0 1 1 1

Foca 1 1 1 0 0 0 1 0 1 1 0 0 0 0

Hipopot 1 1 1 0 0 0 1 1 1 0 1 0 1 1

Dugongo 1 0 1 1 0 0 1 0 1 1 0 0 0 1

Peixtgr 0 0 0 0 1 1 0 0 1 1 0 0 0 0

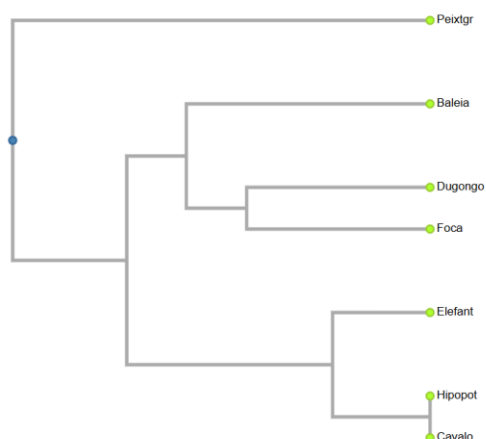


Figura 3 – Fenograma obtido com o programa *DendroUPGMA*.

Relativamente aos mamíferos representados no fenograma, identifica os dois grandes grupos formados.

Justifica o agrupamento com base nos caracteres utilizados na análise.

No fenograma, os mamíferos formam dois grandes grupos:

- **Grupo aquático:** baleia, dugongo e foca;
- **Grupo terrestre:** elefante, hipopótamo e cavalo.

Este agrupamento resulta da combinação de caracteres usados na análise:

- Os **mamíferos aquáticos** partilham a ausência de membros posteriores distintos, a presença de barbatana caudal horizontal, o corpo fusiforme e a vida aquática.
- Os **mamíferos terrestres** apresentam patas anteriores e posteriores, ausência de barbatana caudal, pescoço distinguível, presença de cascos ou tromba, e vida terrestre.

De acordo com este fenograma, com que grupo de organismos as baleias apresentam maior semelhança?

Justifica a tua resposta com base na posição dos ramos e nos caracteres utilizados.

As baleias apresentam maior semelhança com o **dugongo e a foca**, que aparecem no mesmo ramo do fenograma.

Esta proximidade resulta da partilha de **caracteres relacionados com a adaptação ao meio aquático**, como a presença de barbatanas, o corpo fusiforme, a ausência de pescoço distinguível e a vida aquática.



Pode-se afirmar que os organismos com os quais as baleias apresentam maior semelhança são também os mais próximos evolutivamente? Justifica a tua resposta.

Apesar de o fenograma mostrar maior semelhança entre a baleia, a foca e o dugongo, essa semelhança resulta de **caracteres funcionais e morfológicos ligados à vida aquática e não necessariamente de proximidade evolutiva**.

Etapa 4

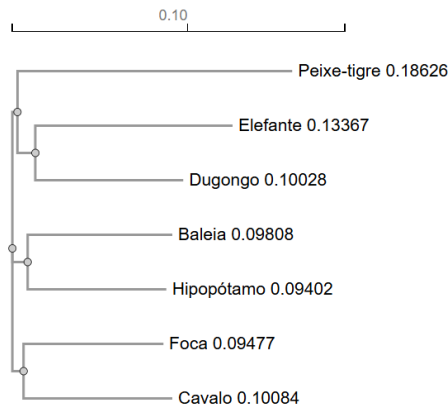


Figura 4 – Árvore filogenética obtida com o programa *Clustal Omega*.

Compara o fenograma e a árvore filogenética quanto ao(s) *táxon/taxa* mais próximo(s) da baleia. Explica as diferenças encontradas, recorrendo aos conceitos de convergência/divergência evolutiva e analogias/homologias.

- No **fenograma**, a baleia agrupa-se com a **foca** e o **dugongo** por partilhar caracteres relacionados com o **modo de vida aquático** (barbatanas, corpo fusiforme, cauda horizontal).
- Essas semelhanças resultam de **convergência evolutiva**: diferentes linhagens desenvolveram, de forma independente, soluções semelhantes em termos de forma e função para se adaptarem ao mesmo ambiente. Esses caracteres são **analogias** (semelhanças de função/forma não herdadas do último ancestral comum).
- Na **árvore filogenética**, a baleia agrupa-se com o **hipopótamo**, o seu parente evolutivo mais próximo.
- Esta relação de parentesco baseia-se em **homologias** moleculares (sequências de DNA do citocromo b), caracteres herdados de um ancestral comum através de **divergência evolutiva** (as duas linhagens divergiram a partir do mesmo ancestral).



Explica por que razão a análise de sequências de DNA revela melhor as relações evolutivas do que a observação de características fenotípicas.

- As sequências de DNA são transmitidas de geração em geração, preservando o registo da história evolutiva. A **análise destas sequências** permite comparar **caracteres moleculares herdados** diretamente do ancestral comum.
- O DNA acumula mutações de forma relativamente constante ao longo do tempo (funciona como um "relógio molecular"), permitindo estimar quando as linhagens divergiram. Essas **homologias genéticas** refletem com maior precisão o **grau real de parentesco evolutivo**.
- A utilização **de caracteres fenotípicos** pode ser enganadora, uma vez que diferentes espécies podem apresentar semelhanças **por convergência evolutiva**, ou seja, **adaptações análogas** ao mesmo tipo de ambiente, sem relação de parentesco próximo (como as barbatanas da foca e da baleia).

Identifica uma vantagem e uma desvantagem de cada sistema de classificação.

Classificação fenética:

- Vantagem: baseia-se em características observáveis sem necessidade de tecnologia avançada.
- Desvantagem: não distingue homologias de analogias.

Classificação filogenética:

- Vantagem: reflete as verdadeiras relações evolutivas baseadas em ancestralidade comum.
- Desvantagem: requer tecnologia avançada e dispendiosa.



O QUE APRENDI?

Já **és capaz** de...

- distinguir sistemas de classificação fenéticos de filogenéticos?
- identificar vantagens e limitações de cada sistema?
- valorizar a natureza dinâmica da ciência?
- recorrer a diferentes fontes de informação para desenvolver as tarefas?
- sintetizar informação, destacando as ideias essenciais?
- relacionar conceitos novos com conhecimentos adquiridos?

Conseguiste realizar as etapas propostas neste guião? Ainda **tens** dúvidas?

Sugestões:

Estuda com um colega, partilhando dúvidas e aprendizagens.

Resolve, no caderno, os exercícios do manual.



COMO POSSO COMPLEMENTAR A APRENDIZAGEM?

Consulta a página e descobre mais sobre a evolução das baleias.

[The evolution of whales](#)



As **chaves dicotómicas** são, em geral, instrumentos de classificação fenética, porque se baseiam em características observáveis usadas para identificar organismos, sem considerar o seu grau de parentesco evolutivo.

Neste recurso interativo vais praticar a classificação fenética, observando semelhanças e diferenças visíveis entre alguns animais marinhos para descobrires a que grupo pertence cada organismo.

Pronto para começar a tua **missão de identificação**?

[Identificação de organismos da zona intertidal](#)

