

A EVOLUÇÃO BIOLÓGICA NÃO É UM ARGUMENTO CIRCULAR.

This entry was posted on 12/02/2018, in [Categoria geral](#), [Ciências biológicas](#), [Filosofia e História da Ciência](#).

Bookmark the [permalink](#).

[Deixe um comentário](#)

É difícil, mas não tão raro encontrar o argumento de que a teoria da evolução é baseada em um raciocínio circular. Por exemplo, Henry M. Morris em seu livro “*Circular reasoning in evolutionary biology*” (1977) afirmou que seus companheiros criacionistas insistem há muito tempo que a prova principal da evolução, o registro fóssil, envolve um caso evidente de raciocínio circular.



Não só o falecido criacionista Henry Morris (1918-2006) defendia isto, mas seu argumento continua sendo usado pelos criacionistas proponentes do design inteligente. Um dos exemplos mais recentes é Jonathan Wells em seu livro "*Icons of Evolution: Science or Myth?*" (2000) no qual argumentou:

"Se a homologia se define como semelhança devido á ascendência comum utilizá-la como prova de ascendência comum constitui o raciocínio circular".

Este argumento da homologia é facilmente desconstruído quando lembramos que este conceito e o das camadas estratigráficas que representam uma terra com milhões de anos foram estruturados por mentes de criacionistas antes de Darwin. Grande parte dos argumentos usados na tese da evolução foram elaborados por cristãos contemporâneos de Darwin. O cientista apenas observou os mecanismos sob outra perspectiva, a científica.

O argumento do raciocínio circular usa como metáfora para rejeitar a teoria da evolução a ideia de uma serpente mordendo a própria cauda – utilizada pelo escritor anti-evolução G.K Chesterton (1874-1936).

Em seu livro "*The Ever Lasting*" (1925) Chesterton utilizou esta imagem como símbolo do que considerava ser um raciocínio contra-prudente circular de boa parte da filosofia não cristã (Chesterton, 1986). Tradicionalmente os campos científicos que mais contribuíram com evidências sólidas da evolução biológica são a geologia e a biologia. Elas proporcionaram isto

através do estudo das camadas estratigráficas e colunas geológicas exibindo registros fósseis – resquícios de formas de vidas passadas que já se extinguiram.

O primeiro livro escrito em inglês e que abraçou a teoria da evolução foi “*Vestiges of the Natural History of Creation*” (1844) publicado anonimamente, mas escrito por Edimburgo Robert Chambers (1802-1871) baseando-se quase inteiramente na longa história progressiva da Terra e da vida. Chamber recorreu aos fósseis para demonstrar que a teoria da evolução estava correta, afinal, era somente o que havia disponível na época. Alguns estudos embriológicos permitiam inferências interessantes, mas no geral, não havia ferramentas de estudo como a genética, evo-devo ou a biologia molecular.

Darwin utilizou muitos elementos da biologia para consolidar sua tese. Um dos exemplos foi a unidade de tipo, ou seja, o fato de que todas as espécies pertencentes a um mesmo grupo serem constituídas em torno de um plano arquitetônico comum – por exemplo, os vertebrados (Rupke, 2012).

Pode-se estabelecer correspondências entre órgãos. Por exemplo, um membro anterior de uma determinada espécie de vertebrado pode ter correspondência com um órgão semelhante outras espécies de vertebrados – como é o caso dos membros superiores. Ao estudar isto, o criacionista Richard Owen (1804-1892) cunhou o termo *homologia*. Owen que era assumidamente um defensor da criação divina.

O braço de um ser humano, por exemplo, é homólogo a barbatana de um peixe. As continuidades homológicas de uma espécie para outra – proposta pelos criacionistas como Owen – se ajustavam claramente teoria da evolução de Darwin. Todas as espécies a partir de um ancestral comum apresentavam homologias, elementos observados não somente nos seres

ainda vivos, mas também nos seres encontrados nos registros fósseis. Portanto, a evolução não pode ser considerada um argumento circular, pois a base de todo argumento durante a formulação na época de Darwin foi produzida pelos próprios criacionistas. Se a homologia torna a evolução um argumento circular, também tornava a visão criacionista de Owen em algo circular. Se a homologia for usada para defender um argumento baraminológico (o que não faz sentido algum) tornaria a baraminologia um argumento circular. No entanto, o uso da homologia só foi pego emprestado dos criacionistas, pois se identificava com aquilo que Darwin havia observado ao redor do mundo a bordo do H.M.S Beagle e nos registros fósseis. Agora ela se confirma com estudos mais profundos (Rupke, 2012).

Uma das primeiras objeções a teoria da evolução que culminou na ideia de formar um grupo organizado anti-darwin foi dada por George McCready Price (1870-1963). Price era um pastor da Igreja Adventista do Sétimo Dia que fundou o conceito de Geologia diluviana: uma tentativa de tornar científico a ideia cristã do conto de Noé e o dilúvio. Em seu livro *"The New Geology"* (1923) Price afirmou que a coluna geológica é um artefato alinhado com a base da crença *a priori* de uma progressão evolutiva da vida ao longo do tempo. Esse argumento contra evolução ganhou popularidade no movimento criacionista especialmente nos anos 60.

No livro *"The Geology Flood"* (1961) escrito pelo evangélico criacionista conservador John C. Whitcomb (1924) e o professor de engenharia hidráulica, o Henry M. Morris – citado acima – alavancou o movimento pseudocientífico do criacionismo (Rupke, 2012).

A ideia de uma "geologia diluviana" era retirar todo o significado da tabela estratigráfica padrão utilizada mundialmente pelos geólogos argumentando que ela não ilustrava um longo período histórico da Terra a partir da acumulação de rochas e tampouco a sucessão ordenada de fósseis. Até hoje os criacionistas usam este argumento anti-geológico, mesmo diante das

diversas evidências fósseis e geológicas descobertas desde a época de Darwin – como por exemplo, o processo de datação e seu refinamento dado pelos físicos.

Foi aí que a ideia de um raciocínio circular em cima da evolução surgiu. Para os criacionistas, o progresso aparente dos fósseis através da coluna geológica utilizado como prova de evolução não era mais do que um artifício produzido por geólogos que começaram a aderir a teoria da evolução e a utilização nas formações rochosas antes de fazer a disposição da tabela estratigráfica, e por isso trataria-se de um argumento circular (Rupke, 2012).

Considerando-se que naquela época não existia a genética em biologia molecular e os principais indícios históricos genuínos a favor da teoria da evolução vinham do registro fóssil, desmoralizá-la seria atingir o pilar de sustentação da teoria da evolução.

Com o passar dos anos o movimento criacionista foi se modificando, ganhando nova roupagem, se travestindo de “ciência” e deu origem ao termo *design inteligente* que hoje é representado pelo Discovery Institute. Esta entidade que também aborda tema da idade da Terra (e que não se posiciona, talvez por ainda defender uma Terra-jovem), também usa o argumento do raciocínio circular, apontando aquilo que eles acreditam que seja falácia ou argumentos ilógicos.

Jonathan Wells é um membro do Discovery Institute formado em teologia, biologia pela Berkeley Yale, além de ser ministro da igreja da unificação. Eventualmente ele visita o Brasil em nome do

Discovery Institute em relacionamento com membros criacionistas aqui no Brasil que defendem a terra-jovem.

Para ele:

“Considere o exemplo dos padrões ósseos dos membros anteriores que Darwin considerava indicativos da ascendência comum dos vertebrados. Um neo-darwinista que pretenda determinar se os membros anteriores dos vertebrados são homólogos tem que começar por averiguar se elas [as espécies sujeitas a comparação] derivam de um ancestral comum. Em outras palavras, deve haver indícios de ascendência comum antes de se poder dizer que os membros são homólogos. Mas então dar meia volta e argumentar que os membros são homólogos e estes indicam a tendência comum constitui um círculo vicioso: ascendência comum demonstra homologia que por sua vez demonstra a ascendência comum.... infelizmente comparar fósseis não é mais simples do que comparar espécimes vivos. Qualquer tentativa de inferir relacionamentos evolutivos entre fósseis com base na homologia enquanto ascendência comum rapidamente conduz a um emaranhado de argumentos circulares do qual não há escapatória”

(Wells, 2000).

A afirmação de que a evolução se baseia em um argumento circular é claramente um mito. Há razões bem simples para que a utilização do registro fóssil e da homologia em apoio a teoria da evolução não constitui um argumento circular. A primeira delas é histórica, tanto a coluna geológica quanto a homologia dos vertebrados adquiriram a sua forma mais ou menos definitiva

cerca de 10 ou 20 anos antes de “A Origem das Espécies” de Darwin ser publicada. Ou seja, o argumento da geologia e da homologia eram anteriores a teoria da evolução, e claramente formulado por cientistas cristãos e, evidentemente, em favor de uma visão criacionista. A forma como a homologia e a geologia destes cientistas cristãos foram estruturar posteriormente a tese de Darwin esta descrita em detalhes no texto [“COMO O CRIACIONISMO ESTRUTUROU AS MAIORES EVIDÊNCIAS DA EVOLUÇÃO”](#).

Com o surgimento da genética e posteriormente da biologia molecular começou a se constatar não só relacionamento evolutivo entre as espécies ao comparar genomas inteiros, mas começou a notar-se que determinados genes são comuns entre diferentes espécies e são responsáveis por consolidar as mesmas estruturas biológicas, com ligeiras variações determinadas por mutações ou diferentes interruptores genéticos que alteram o padrão a frequência com que os genes se manifestam ao determinar estas estruturas. Alterando o padrão de expressão dos genes altera-se o design desta estrutura e portanto, podem ser selecionados naturalmente (Carroll, 2006).

Um dos exemplos de homologia em genes esta no caso dos artrópodes. É possível que genes mudem sua forma de atuar apenas com modificações do sítio de ligação dos seus interruptores (sem que o gene em si seja mutado) e como eles interagem com *fatores de transcrição* (são proteínas que se ligam ao DNA de células eucarióticas para permitir que haja uma ligação entre a enzima RNA-polimerase e o DNA, permitindo assim a transcrição e a futura tradução.). Asas de *Drosophila sp* são construídas com os mesmos genes que constroem as asas das borboletas, o gene *Distal-Less* (D-L). Contudo, a frequência e intensidade de expressão deste gene em ambos os animais são distintas, embora o gene em si seja o mesmo. Isso ocorre porque há um interruptor a mais no D-L de borboletas que tem padrões de atividade distintos e com funções distintas, mas não sua sequência de pares de bases (Carroll, 2006).

Enquanto em *Drosophila* *sp* esse gene produz as asas, pernas e um segundo par de asas modificadas em halteres, em borboletas eles são responsáveis pela produção igualmente das pernas e asas anteriores. No entanto, foram desativados na construção do segundo par de asas, (desativados pelo gene *Ultrabithorax*, que constrói um padrão de asas diferentes). Além disto, o D-L ganha uma nova função, ele é responsável por produzir manchas ocelares em borboletas da família *Nymphalidae*. Curiosamente, o mesmo gene é homólogo ainda entre aracnídeos, onde são responsáveis pela produção das fiandeiras e pulmões foliáceos, bem como nas branqueas de crustáceos, nas pernas do onicoforo e muito provavelmente estava presente em *Trilobita* por ser um grupo-irmão que compartilha as mesmas características com crustáceos. Esse gene certamente vem do ancestral comum de todos os artrópodes que antecede o período Cambriano, estando presente certamente na *Aysheaea*, o ancestral comum de todos esses artrópodes extintos e ainda vivos (Carroll, 2006).



Borboleta *Morpho didius* (Nymphalidae)

Sabemos hoje, por exemplo, que as diferenças entre os animais não existem somente pela quantidade de sequência de genes que existem entre elas, mas pode haver muitos interruptores

genéticos ao redor de cada gene. Com o sequenciamento de genomas inteiros nos ficou evidente que camundongos e seres humanos possuem praticamente as mesmas quantidades de tipos de genes – cerca de 25 mil. Cada sequência de codificação é muito semelhante entre si nestas espécies. Diante destas semelhanças foi necessário explorar o papel dos interruptores associados aos genes para entender os seus papéis na evolução (Carroll, 2006).

A descoberta de conjuntos de interruptores moleculares que permite que genes individuais sejam utilizados várias vezes de diferentes maneiras durante a estruturação repetida em séries de um animal é a chave para a solução de diversos paradoxos a respeito da embriologia.

Estes interruptores permitem que versões de um mesmo gene em diferentes animais sejam utilizados de maneiras distintas. Como cada interruptor é uma unidade independente de processamento de informações, as alterações evolutivas de um gene ou de um interruptor controlado por uma proteína podem modificar o desenvolvimento de uma estrutura padrão sem alterar os demais. Como diferentes combinações determinam o efeito de um interruptor e como as permutações possíveis aumentam exponencialmente a cada sinal genético, se acrescentarmos os efeitos em potencial eles são quase infinitos (Carroll, 2006).

Foram descobertos em diferentes genomas de animais diversos interruptores responsáveis por uma enorme variedade de geometrias corporais, além de um potencial de expressão gênica quase ilimitado. Os interruptores podem demarcar praticamente qualquer padrão geométrico em qualquer série de coordenadas no embrião. No entanto, nem todos os interruptores são completamente diferentes para coordenar a embriogênese. A formação de tipos celulares particulares com funções especializadas depende de muitos interruptores genéticos em diferentes genes, muitas vezes eles compartilham ou tem um ou mais sinais de assinatura genética. Por exemplo, para que as células musculares exerçam sua função deve ser produzido um conjunto de proteínas que permitam a sua contração rápida, a utilização de fontes de energia e a remoção eficiente de resíduos metabólicos da atividade muscular. Os genes que

codificam todo este aparato são ativados na célula muscular por interruptores com assinaturas comuns reconhecidas pela mesma proteína. O mesmo ocorre em outros tipos celulares específicos, como por exemplo, os neurônios, células fotossensíveis, células do pâncreas ou hipofisárias (Carroll, 2006).

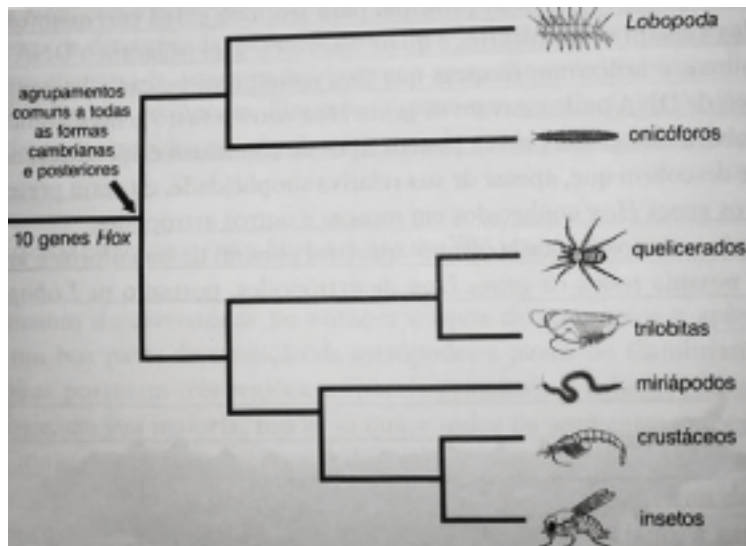
Sabemos também que muitas cópias-extras de genes podem ser produzidas por mecanismos celulares e essas cópias nas futuras gerações podem seguir caminhos evolutivos distintos acumulando mutações. Aquelas que trazem algum tipo de efeito deletério obviamente são eliminadas pela seleção natural, mas aquelas que são neutras ou conferem algum tipo de vantagem são mantidas pelo processo de seleção natural.

Assim, informações antigas podem ser modificadas e gerar uma nova estrutura, ou ainda, as cópias-extras com suas modificações podem condicionar – a partir de mutações e seleção – novas informações pelo acúmulo de mudanças e futuramente formar novas estruturas biológicas (Carroll, 2006).

A teoria mais simples e por muito tempo a mais aceita sobre as relações entre genes e evolução de formas complexas era de que devem surgir novos genes para que novos padrões corporais e estruturas possam se desenvolver. Mas logo descobriu-se que a invenção de novos genes não serve para explicação total da origem da diversidade da maior parte dos grupos biológicos. **Novos genes** também estabelecem elementos importantes na evolução, mas não é um fenômeno único (**Pseudogenes**).

Ed Lewis da Caltech destacou que muitos genes *Hox* (que definiam os diversos segmentos corporais) em insetos haviam evoluído a partir de uma série mais reduzida que especificava o

menor número de segmentos distintos nos primeiros ancestrais de insetos e outros artrópodes. A evo-devo é um ramo da biologia que explicita isto.



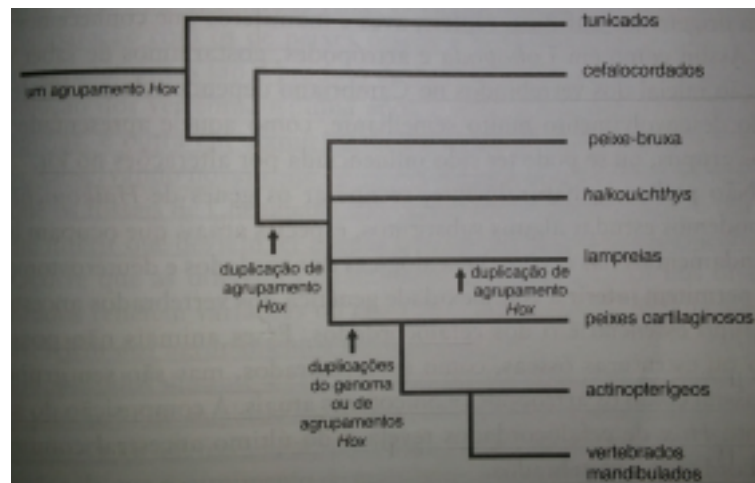
Os segmentos que formam o corpo dos artrópodes são determinados por um conjunto de cerca de 10 genes *Hox*. O pesquisador Sean B. Carroll (2006) estabeleceu uma simples análise comparativa dos genes *Hox* que fazem parte da construção dos segmentos de artrópodes.

Como já se sabia, insetos e crustáceos são relacionados e ambos os grupos tem os mesmos 10 genes *Hox*, compartilhando um ancestral comum, do Cambriano. Entretanto crustáceos e insetos formam um grupo-irmão dos miriápodes que também apresentaram o mesmo número de genes *Hox*. Isso indica que todos estes grupos tem o mesmo ancestral em comum uma vez que apresentam o mesmo número de genes *Hox* e que são filogeneticamente correspondentes. Desta forma, insetos, crustáceos e miriápodes além de serem próximos entre si formam um grupo irmão aos quelicerados e dos extintos trilobitas. Infelizmente, não é possível fazer uma análise do genoma de um trilobita, mas é possível descobrir quantos genes *Hox* ele tinha, pois seu grupo (artrópoda) é formado também pelos quelicerados que ao serem analisados

demonstraram conter também os mesmos 10 genes *Hox*. Trilobitas e queliceratos tem um ancestral comum com insetos, miriapodos e crustáceos, obviamente trilobitas também tinham 10 genes *hox*.

A origem e a modificação de muitas estruturas marcou os vertebrados, incluindo cérebros mais complexos, estruturas sensoriais, cartilagem, esqueleto ósseo e crânio. O clado dos cefalocordados não possui crânio ou estruturas ósseas como os vertebrados, mas formam um grupo-irmão, assim como os artrópodes e onicoforos atuais. A composição do agrupamento *Hox* de cefalocordados revela o último ancestral comum entre cefalocordados e vertebrados. O anfioxo é o único cefalocordado que ainda existe, mede cerca de 8 centímetros. Jorge Garcia Fernandes e Peter Holland analisaram seus genes *Hox* e encontraram um único agrupamento. Vertebrados modernos como os camundongos e humanos possuem quatro agrupamentos deste *cluster* de genes, em um total de 39 genes. O anfioxo nos mostra que ocorreu um aumento no número de agrupamentos algum tempo depois da separação entre as linhagens de vertebrados e cefalocordados ainda no período Cambriano, cerca de 500 milhões de anos atrás.

Todos os mamíferos, aves e alguns peixes (incluindo celacanto – um primitivo habitante das águas profundas) possuem os mesmos quatro agrupamentos de genes *Hox*. Assim, podemos concluir com segurança que esse mesmo número estava presente no ancestral comum de todos os vertebrados com mandíbula.



Duplicação de genes Hox

Vertebrados atuais que preservam características primitivas, como as lampreias, possuem agrupamentos *Hox*, mas em menor quantidade. Uma análise mais minuciosa de seus genes e em comparação com os peixes ósseos e mamíferos sugere que nossos quatro agrupamentos são o produto de duas séries de duplicações que ocorreram na origem dos vertebrados; a primeira ocorreu após a separação entre cefalocordados e lampreias e outro em algum momento antes do surgimento dos peixes ósseos (veja mais [aqui](#)). Esses genes junto a outras comparações dinâmicas sugerem claramente que os seres vivos são histórica e biologicamente relacionados, compartilhando não somente estruturas biológicas em comum, mas que as informações genéticas que determinam estas estruturas são compartilhadas, graças a um ancestral comum.

Quando se compara estruturas anatômicas busca-se entender os processos biológicos que ocorrem, porque sabemos que as estruturas homólogas e elas não são observadas somente do nível macroscópico, mas genético-embriológico. Do ponto de vista do desenvolvimento (evo-devo) a informação genética que determina uma dada estrutura biológica determina a mesma estrutura com ligeiras variações em outros grupos de animais (variações genômicas

e/ou de interruptores moleculares). O que se observa então, não é simplesmente a estrutura homóloga, mas a homologia em um nível mais profundo – na informação que determina esta estrutura ([ORIGEM DE INFORMAÇÃO GENÉTICA E O CÓDIGO DA VIDA](#)).

Se já na época de Darwin a ideia de homologia ela era criticada sem sentido – até porque quem estruturou o conceito de homologia foi o criacionista Richard Owen – atualmente o argumento contra ela faz menos sentido ainda, tanto historicamente quanto do ponto de vista prático. Quando observamos estruturas homólogas e informações genéticas igualmente homólogas que determinam estas estruturas o relacionamento filogenético entre espécies fica evidente (Veja mais [aqui](#)).

Quanto ao argumento geológico, evidentemente, com o refinamento dos processos de datação que ocorreram nas últimas décadas permitiram também fazer datações ainda mais precisas construindo tabelas estratigráficas muito específicas com os períodos geológicos muito bem delineados em seus períodos e sub-períodos garantido com segurança a as informações que são publicadas pelos geólogos em suas revistas científicas. A mesma máxima é válida às informações publicadas na análise de fósseis pelas revistas paleontológicas e calaramente recebe um suporte muito grande advindo da genética da biologia molecular e da evo-devo. Aquilo que foi alegado pela suposta “geologia diluviana” foi escrutinado diante das evidências coletadas pelos geólogos e relatos como o dilúvio universal não se sustentaram (veja mais [aqui](#), [aqui](#) e [aqui](#)).

Se já era difícil rejeitar a ideia de Darwin porque o conceito de homologia foi construído pelos criacionistas muito antes da publicação do livro “A Origem das Espécies” e pelo fato da geologia

também ter seguido esse mesmo caminho, agora fica mais difícil ainda negar a teoria da evolução quando se observa que disciplinas como a biologia molecular e tantas outras.

Mesmo se fósseis não existissem, ou seja, se o processo de fossilização fóssil impossível de ocorrer, ao analisar comparativamente genomas inteiros de espécies seria possível estabelecer um relacionamento evolutivo entre elas. Na época de Darwin esta ferramenta não estava disponível e portanto faria sentido criticar os fósseis e a homologia, elementos centrais que sustentaram a tese de Darwin. Mas a partir da síntese darwiniana no começo do século XX aspectos elementares sobre como a descendência obtinha seu diferencial começou a ser compreendido. A partir da década de 50, com a estrutura molecular o DNA começou a ficar evidente que o DNA era a molécula responsável pela hereditariedade e a evolução começou a ser compreendida em seus níveis moleculares fomentando não só a homologia da estrutura, mas da [informação e como esta era transmitida através das gerações](#). Os processos dinâmicos do genoma e da epigenética começaram a ficar claros e a relação do ambiente sob o indivíduo como um elemento na equação da evolução começa a ser entendido e a ideia de um argumento circular já perdeu o sentido há décadas.

A [homologia se tornou uma inferência](#) muito estudada, compreendida e corroborada no ambiente acadêmico a partir de diversos estudos.

Victor Rossetti

Palavra chave: NetNature, Rossetti, Charles Darwin, Homologia, Geologia, Evolução, Charles Lyell, Richard Owen, Genes.

Referências

Chesterton, G. K. The Everlasting Man, in The Collected Works of G. K. Chesterton, vol. 2 (San Francisco: Ignatius Press, 1986), 266–67.

Carroll, S. B. Infinitas formas de grande beleza. Editora Jorge Zahar. 2006

Rupke, N. A. A Teoria da Evolução Orgânica baseia-se num raciocínio circular. Livro: Galileu Na Prisão – e outros mitos sobre ciência e religião. Ronald L. Numbers. Ed. Gradativa. 2012

<https://netnature.wordpress.com/2018/02/12/a-evolucao-biologica-nao-e-um-argumento-circular/>