

Universidade Federal de Minas Gerais
Celso Antônio Alves Neto

**O ESTATUTO ONTOLÓGICO DAS ESPÉCIES
BIOLÓGICAS NA SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA**

Belo Horizonte
2013

Celso Antônio Alves Neto

O ESTATUTO ONTOLÓGICO DAS ESPÉCIES BIOLÓGICAS NA SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA

Dissertação apresentada ao departamento de Filosofia da Faculdade de Filosofia e Ciências Humanas da Universidade Federal de Minas Gerais, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Filosofia.

Área de concentração: Filosofia da Ciência

Orientador: Túlio Roberto Xavier de Aguiar
Coorientador: Ernesto Perini Frizzera da Mota Santos

Belo Horizonte
2013

100

A474e
2013

Alves Neto, Celso Antônio

O estatuto ontológico das espécies biológicas na sistemática filogenética [manuscrito] / Celso Antônio Alves Neto. - 2013.

148 f. : il.

Orientador: Túlio Roberto Xavier de Aguiar.

Coorientador: Ernesto Perini Frizzera Mota Santos.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Minas Gerais, Faculdade de Filosofia e Ciências Humanas.

1. Filosofia – Teses. 2. Espécies - Teses. 3. Ontologia - Teses. 4. Ciência – Filosofia - Teses. I. Aguiar, Túlio Roberto Xavier. II. Perini-Santos, E. (Ernesto)
. III. Universidade Federal de Minas Gerais. Faculdade de Filosofia e Ciências Humanas. IV. Título.



UNIVERSIDADE FEDERAL DE MINAS GERAIS

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FILOSOFIA



ATA DA DEFESA DA DISSERTAÇÃO DO ALUNO CELSO ANTONIO ALVES NETO

Realizou-se, no dia 20 de setembro de 2013, às 14:00 horas, Auditório Baesse da FAFICH da Universidade Federal de Minas Gerais, a defesa de dissertação, intitulada *O Estatuto Ontológico das Espécies Biológicas na Sistemática Filogenética*, apresentada por CELSO ANTONIO ALVES NETO, número de registro 2011660020, graduado no curso de FILOSOFIA, como requisito parcial para a obtenção do grau de Mestre em FILOSOFIA, à seguinte Comissão Examinadora: Prof. Tulio Roberto Xavier de Aguiar - Orientador (UFMG), Prof. Ernesto Perini Frizzera da Mota Santos (UFMG), Prof. Gustavo Caponi (UFSC), Prof. Leandro Assis (UFMG).

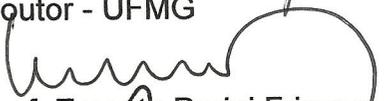
A Comissão considerou a dissertação:

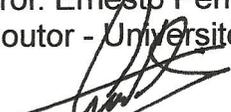
- Aprovada, com a média final C.E.M......(100,0)
 Aprovada condicionalmente, com a média final(.....),
sujeita a alterações, conforme folha de modificações, anexa
 Reprovada

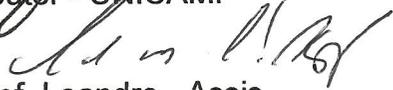
Finalizados os trabalhos, lavrei a presente ata que, lida e aprovada, vai assinada por mim e pelos membros da Comissão.

Belo Horizonte, 20 de setembro de 2013.


Prof. Tulio Roberto Xavier de Aguiar
Doutor - UFMG


Prof. Ernesto Perini Frizzera da Mota Santos
Doutor - Université de Tours


Prof. Gustavo Caponi
Doutor - UNICAMP


Prof. Leandro Assis
Doutor - USP

para Camilla Felicori,
o tempo.

Agradecimentos

A dissertação que você está prestes a ler encerra um ciclo pessoal. Minha vida universitária iniciou-se em 2003, 10 anos atrás. De lá para cá, graduação, mestrado e experiências acadêmicas de toda sorte, dentro e fora do país. Estranhamento e descoberta, dentro e fora da filosofia. As páginas que se seguem são uma celebração a tudo isso. E de tudo que poderá vir a seguir.

Início meus agradecimentos fazendo menção aos professores do departamento de Filosofia da UFMG por contribuírem, de diversas maneiras, para minha formação. Em especial, agradeço ao Ernesto por muitos anos de aulas e seminários inspiradores, os quais constituíram uma verdadeira pedra fundamental em meus estudos. Agradeço ao Túlio Xavier, professor que, em pouco tempo e da maneira serena que lhe é própria, mostrou-me que filosofia se faz com cautela. Seu olhar analítico sobre a argumentação combinada com sua grande disponibilidade e abertura para diálogo constituem marcas que carrego após esses dois anos de orientação de mestrado. Agradeço também à Patrícia Kauark e André Abath, exemplos, incentivadores e colegas. Por fim, Ivan Domingues, Telma Birchal e todos os colegas do Núcleo de Estudos do Pensamento Contemporâneo.

Durante os anos de graduação e mestrado, tive sorte de ser inspirado por amigos. Anna Catarina, Bárbara Ribeiro, Carlos Alberto Oliveira, Carlos Ratton, Daniel Pucciarelli, João Gabriel, Lillian Godoy, Maíra Nassif, Marta Bouissou, Rômulo Dornellas, Thiago Borges e William Mattioli são pessoas com as quais você dança e faz planos. Eles ainda te ajudam a não confiar demais nos jargões da filosofia anglo-saxã. Já Daniel De Luca, Guilherme Cardoso, Lincoln Frias, Luiz Helvécio, Marco Aurélio e Thiago Chaves são pessoas que te guiam por culinárias locais, jogos de bilhar e os melhores labirintos argumentativos. Você volta para casa animado com o ofício da filosofia. A todos eles, meu agradecimento.

Os últimos momentos deste ciclo foram marcados por importantíssimas presenças. Os professores Thomas Reydon (Hannover) e Matt Haber (Utah), pelo questionamento arguto e incentivo. O professor e colega Leandro Assis (botânica UFMG) pelo incentivo, atenção e diálogo franco. O professor Gustavo Caponi (UFSC), pela ótima experiência e feedback na ocasião da defesa. Aos colegas brasileiros Jerzy A. Brozowski (UFFS) e Vitor Marques (PUC-RS), pelas discussões sempre produtivas. Também aos colegas Gabriel Félix, Ítalo do Valle, Paula Vasconcelos e Thomaz Lüscher, pelos projetos.

Meu pai, Celso Filho, minha mãe, Marisa de Lourdes, minha irmã, Lorena Machado e minha sobrinha Cecília: não há o que dizer, só há incondicionalidade.

Para minha esposa, Camilla Felicori, também não consigo agradecer. Tudo é forte demais.

HAMLET
...mais filosofias
que coisas!

Orides Fontela

Resumo

Um dos problemas mais discutidos na Filosofia da Biologia contemporânea diz respeito ao *estatuto ontológico* das espécies biológicas. Por meio dele, filósofos e biólogos pretendem sumarizar, em termos bastante gerais, o tipo de organização que certas teorias biológicas prescrevem às espécies. Podemos dizer que a tese mais disseminada a esse respeito diz que espécies são *tipos naturais*. Tal tese ganhou bastante popularidade com os trabalhos de Hilary Putnam (1975) e Saul Kripke (1980) no mesmo período que, curiosamente, já encontrava a resistência de alguns filósofos da biologia. Estes, nomeadamente Willi Hennig (1966), Michael Ghiselin (1974), David Hull (1976), propuseram a tese alternativa de que espécies são *indivíduos*. Nossa dissertação avalia se espécies são tipos naturais ou indivíduos no âmbito específico da Sistemática Filogenética, metodologia de classificação biológica que foi desenvolvida pelo próprio Willi Hennig e hoje é largamente utilizada pela comunidade científica. Muito embora Hennig tenha defendido que espécies são indivíduos, ele não ofereceu uma exposição sistemática e filosoficamente clara da vinculação entre tal tese e aquela metodologia de classificação. A defesa e explicitação desse vínculo tornam-se necessários, em especial porque a tese de que espécies são tipos naturais tem sido refinada nas últimas décadas e, com ela, novas críticas à tese de que espécies são indivíduos têm surgido. Isso posto, nossa dissertação (i) explicita o comprometimento da Sistemática Filogenética com a tese de que espécies são indivíduos a partir da discussão filosófica acerca dos critérios de identidade; (ii) recusa a recente tentativa de caracterizar as espécies por meio de uma nova teoria dos tipos naturais, a saber, a teoria dos *clusters de propriedades homeostáticas* (Boyd, 1999); (iii) avalia problemas associados à tese de que espécies são indivíduos, em especial ao conceito de “coesão” a ela atrelado, sugerindo uma via de resposta a esses problemas que esteja dependente do uso que cientistas fazem de conceitos como “indivíduo”, “coesão” e “espécies”. Embora a chamada tese “espécies-como-indivíduos” não esteja livre de problemas, ela continua sendo a melhor opção a se adotar. Ademais, seus problemas são instrutivos para indicar como o debate sobre o estatuto ontológico das espécies pode colher melhores frutos ao se aproximar mais da prática científica.

Palavras-chave: Espécies, Tipos Naturais, Sistemática Filogenética, Indivíduos, Ontologia

Abstract

One of the most discussed issues in contemporary Philosophy of Biology concerns the ontological status of biological species. By its means, philosophers and biologists want to summarize, in very general terms, the type of organization that certain biological theories prescribe to species. We can say that the most widespread theory about it says that species are natural kinds. This thesis gained much popularity with the work of Hilary Putnam (1975) and Saul Kripke (1980) at around the same time that, interestingly, it was facing resistance from some philosophers of biology. These, in particular Willi Hennig (1966), Michael Ghiselin (1974), and David Hull (1976), proposed the alternate theory that species are individuals. Our dissertation assesses whether species are natural kinds or individuals in the specific context of Phylogenetic Systematics, a biological classification methodology that was developed by Willi Hennig himself and is widely used today by the scientific community. Although Hennig has argued that species are individuals, he did not offer a systematic and philosophically clear account of the association between this thesis and his classification methodology. The defense and explanation for this relationship become necessary, especially since the thesis that species are natural kinds has been refined in recent decades, and with it, new criticism of the thesis that species are individuals have emerged. That said, our dissertation (i) explains the commitment of Phylogenetic Systematics to the thesis that species are individuals from the philosophical discussion about the identity criteria, (ii) refuses the recent attempt to characterize species through a new theory of natural kinds, namely, the theory of homeostatic property clusters (Boyd, 1999), (iii) assesses the problems associated with the thesis that species are individuals, in particular the concept of "cohesion" that is attached to it, suggesting a response pathway to these problems that is dependent on the use that scientists make of concepts such as "individual", "cohesion" and "species". Although the thesis called "species-as-individuals" is not free of problems, it remains the best alternative to be adopted. Moreover, their problems are instructive of how the debate about the ontological status of species can reap better fruits as it gets closer to scientific practice.

Keywords: Species, Natural Kinds, Phylogenetic Systematic, Individuals, ontology

LISTA DE FIGURAS

| | |
|--|----|
| FIGURA 1 – Padrões de mudança | 24 |
| FIGURA 2 – O táxon dos répteis | 26 |
| FIGURA 3 – Relações ontogenéticas, tocogenéticas e filogenéticas | 29 |
| FIGURA 4 – Modos de agrupamento dos táxons superiores | 31 |
| FIGURA 5 – Níveis do processo evolutivo | 49 |
| FIGURA 6 – Especiação por hibridação..... | 82 |

SUMÁRIO

RESUMO

ABSTRACT

LISTA DE FIGURAS

| | |
|--|----|
| 1. INTRODUÇÃO | 9 |
| 2. ONTOLOGIA DAS ESPÉCIES NA SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA | 16 |
| 2.1 Classificação biológica | 16 |
| 2.1.1 Abordagem histórica da classificação | 19 |
| 2.2 Sistemática Filogenética | 23 |
| 2.2.1 Antecedentes | 24 |
| 2.2.2 O Sistema Hennigiano | 27 |
| 2.2.3 Espécies biológicas | 31 |
| 2.3 Tipos naturais | 34 |
| 2.3.1 Essencialismo de tipo | 35 |
| 2.3.2 Estatuto ontológico | 38 |
| 2.4 Indivíduos | 41 |
| 2.4.1 Indivíduos no espaço-tempo | 43 |
| 2.4.2 A coesão dos indivíduos | 46 |
| 2.4.3 Espécies: unidades de evolução | 48 |
| 2.4.4 Espécies: indivíduos na Sistemática Filogenética | 55 |
| 3. REPENSANDO OS TIPOS NATURAIS | 60 |
| 3.1 Ontologia e Epistemologia | 60 |
| 3.1.1 Indução e Realismo | 63 |
| 3.2 <i>Clusters</i> de Propriedades Homeostáticas | 68 |
| 3.2.1 O que tipos naturais <i>não</i> precisam ser | 69 |
| 3.2.2 O que são tipos naturais | 72 |
| 3.2.3 Espécies biológicas: CPH na evolução | 75 |
| 3.3 Sistemática Filogenética e a teoria dos <i>clusters</i> | 80 |
| 3.3.1 Crítica ao CPH de Richard Boyd | 81 |
| 3.3.2 Essências históricas | 87 |

| | |
|--|-----|
| 4. TIPOS NATURAIS OU INDIVÍDUOS? | 93 |
| 4.1 <i>Cluster</i> : Réplicas e trélicas | 94 |
| 4.1.1 Limites do essencialismo histórico | 99 |
| 4.2 Repensando os indivíduos | 108 |
| 4.2.1 Estado do problema: a coesão | 109 |
| 4.2.2 Individualidade naturalizada | 119 |
| | |
| 5. CONCLUSÃO | 131 |
| | |
| REFERÊNCIAS | 143 |

1. INTRODUÇÃO

Esta dissertação se inicia com uma anedota verídica: Tendo cursado a graduação em Filosofia, uma estudante resolve tornar-se bióloga e candidata-se a uma vaga no mestrado em Ciências Biológicas. Após passar por algumas etapas do processo seletivo, a estudante participa de uma entrevista, durante a qual é questionada sobre suas pretensões acadêmicas. Um dos entrevistadores, um biólogo renomado, indaga a ela: “você estudou Filosofia da Ciência, certo? Filósofos da Ciência tratam o cientista como se ele fosse um ratinho de laboratório, não é mesmo?”. A estudante respondeu afirmativamente, ainda que com certa relutância. Ela ficou constrangida, mas, felizmente, isso não foi o suficiente para impedir sua aprovação.

O questionamento do renomado biólogo ecoa um modo bastante comum de compreender o ofício do filósofo da ciência. Segundo esse modo de compreensão, o filósofo da ciência é aquele que *descreve* o fazer científico em termos bastante gerais e abstratos, almejando explicitar a constelação de conceitos e práticas que estão implicadas nessa atividade. Nós julgamos que essa é uma maneira justa de caracterizar o filósofo da ciência, ainda que claramente vaga e incompleta. Por outro lado, reconhecemos que ela é frequentemente associada a certas ideias preconcebidas. O filósofo da ciência é tido como alguém que observa o cientista de um ponto de vista externo, alheio ao próprio cientista, cujo trabalho permanece intocado pelas observações filosóficas. Trata-se da ideia corriqueira de que, em seu afã descritivo, o trabalho filosófico acerca da ciência é estéril e dispensável para a própria ciência. Nesse sentido, o caráter provocativo da anedota acima não poderia ser mais claro.

Não acreditamos que a filosofia da ciência seja estéril e dispensável ao cientista. Ao mesmo tempo, não acreditamos que ela precise ter consequências práticas para ser digna de valor. Acreditamos que, mesmo um trabalho filosófico puramente descritivo, pode auxiliar o cientista no esclarecimento e, sobretudo, na revisão de seus pressupostos teórico-metodológicos. É essa crença que motiva o presente trabalho. Ela inspira uma investigação acerca de certos comprometimentos que os biólogos consciente ou inconscientemente assumem ao utilizarem o conceito “espécies biológicas”. Nesse sentido, esta dissertação pretende jogar luz sobre esse conceito, analisando aspectos ontológicos que o circundam. Obviamente essa análise não pode ser feita de um ponto de vista inteiramente externo à ciência, mas precisa se basear nas próprias teorias e práticas científicas que tratam de espécies.

Não é exagero dizer que o conceito de “espécies biológicas” seja um dos mais importantes dentro da Biologia. Esse conceito desempenha um papel importante na organização dos objetos,

métodos e práticas de diversas áreas dessa ciência, como na Biologia Evolutiva, Taxonomia, Ecologia e Biogeografia (STAMOS, 2003, p. 2). Por isso, talvez fosse de se esperar uma maior clareza em relação a tal conceito, o que não é o caso. A literatura técnica sobre “espécies biológicas” é marcada por inúmeras controvérsias, as quais parecem estar longe de alguma solução. Dentre elas, umas das mais discutidas é o chamado *o problema das espécies*, a saber:

existem múltiplas maneiras, inconsistentes entre si, de dividir a biodiversidade em espécies, as quais se baseiam em conceitos de espécies múltiplos e conflitantes, sem nenhuma maneira óbvia de resolver tais conflitos. Nenhum conceito de espécie particular parece adequado (RICHARDS, 2010, p. 5)¹.

Assim colocado, o problema das espécies pode ser resumido a uma única questão: qual é a definição adequada do conceito “espécies biológicas”? Essa questão diz respeito ao *significado* do conceito, ou ainda, ao *conteúdo intensional* que vinculamos a ele. A importância dessa questão semântica decorre do fato de que o significado de “espécies biológicas” serve de base para o agrupamento dos organismos em diferentes espécies. Dependendo do significado que atribuímos a esse conceito se seguem diferentes maneiras de organizar a biodiversidade. Nesse sentido, a discussão sobre qual é a melhor definição de “espécies biológicas” embasa a escolha por *critérios de classificação*.

Por vezes, o problema das espécies recebe uma caracterização mais ampla na literatura (STAMOS, 2003; ERESHEFSKY, 2007). Segundo essa caracterização, tal problema abarca um conjunto de outras questões interdependentes. Por exemplo, questiona-se a possibilidade mesma de haver apenas uma única definição adequada para “espécies biológicas”. Nesse contexto, a posição monista defende que existe apenas uma única definição adequada, ainda que tal definição não seja conhecida ainda. Já a posição pluralista é aquela que se opõe ao monismo, aceitando diferentes definições como igualmente válidas. Dependendo da posição adotada, critérios classificatórios muito diferentes e incompatíveis podem ser referendados ao mesmo tempo.

Em sentido amplo, o problema das espécies também abarca a questão sobre a *realidade das espécies*: o nível de organização biológica referido por “espécies biológicas” existe na realidade? Notemos que essa pergunta não questiona se espécies particulares, como *Homo sapiens* (seres humanos) ou *Canis familiaris* (cães), existem de fato. Ela questiona a existência de uma divisão hierárquica real na natureza, tal que distinga o que é ser “espécie” do que é ser “gênero”, “classe”, etc. Nesse contexto, “nominalismo” refere-se à ideia de que tal divisão hierárquica é arbitrária e

¹ Todas as citações oriundas de trabalhos em língua estrangeira presentes nesta dissertação foram extraídas do original e suas traduções são de minha responsabilidade.

artificial (STAMOS, 2003, p. 31). Ao contrário, a posição realista propõe que o mundo é dividido em níveis hierárquicos de organização, um dos quais seria composto por espécies biológicas.

Outras questões poderiam ser consideradas parte do problema das espécies, formando um complexo mosaico de relações entre elementos semânticos, epistemológicos e ontológicos. Sem desprezar esse complexo contexto, nosso trabalho focaliza apenas uma dessas questões, qual seja: que *tipo* de entidades são as espécies biológicas? Essa questão é conhecida na literatura como a pergunta pelo *estatuto ontológico* das espécies biológicas, ou seja, pela *categoria ontológica* que melhor retrate o tipo de característica, comportamento e função que as espécies desempenham dentro da Biologia (HULL, 1978, p. 336-338).

Uma compreensão precisa da nossa questão exige alguns apontamentos. Em primeiro lugar, independente do seu significado, o conceito “espécies biológicas” corresponde a um *termo teórico* (HULL, 1989, p. 79). Tal conceito só adquire conteúdo intensional e referência a partir de um contexto teórico-científico determinado. Em segundo lugar, “estatuto ontológico” (ou categoria ontológica) denomina um tipo de preocupação filosófica bastante antiga, a qual corresponde à tentativa de enquadrar as entidades que povoam o mundo em categorias informativas (LOUX, 2002, p. 4). Por meio dessas categorias, ou de *distinções categorias*, seria possível compreender aquilo que existe em seus termos mais gerais. Esse nível de generalidade deveria ser investigado filosoficamente. É importante ressaltar que as categorias utilizadas na nossa questão são gerais, mas seu contexto de aplicação não é. O estatuto ontológico das espécies é pensado no interior da Biologia e, em particular, nos contextos da Biologia Evolutiva e da Taxonomia. Considerando o caráter teórico de “espécies biológicas”, o filósofo David Hull diz:

Não há nada de espantoso em um termo teórico mudar seu significado quando a teoria, dentro da qual ele está imerso, muda. Mas, por vezes, tal desenvolvimento possui uma dimensão complementar. Não apenas o significado do termo teórico é alterado, mas também o estatuto ontológico das entidades as quais ele se refere (HULL, 1989, p. 79).

O estatuto ontológico revela um tipo de comprometimento das teorias que vai além do significado dos seus termos. Mudanças teóricas frequentemente acarretam a revisão na definição desses termos, mas também podem acarretar a revisão de sua ontologia, isto é, do tipo de entidade a que eles se referem. Essa mudança pode ser exemplificada por alguns episódios da história da ciência. Por exemplo, a física newtoniana considerava o espaço e tempo como *grandezas absolutas*, isto é, como um tipo de entidade ou substância imaterial, real e independente de quaisquer outras entidades (HULL, 1976, p. 175). Esse comprometimento atrelado ao espaço e tempo mudou com a adoção da teoria einsteiniana da relatividade. Segundo essa teoria, espaço e tempo não são

grandezas absolutas, mas sim *propriedades relacionais* da matéria. A mudança operada pela Física de Einstein em relação à Física de Newton não diz respeito apenas ao significado dos termos “espaço” e “tempo”. Trata-se de uma mudança acerca do tipo de coisa que o espaço e tempo são. Essa mudança pode ser considerada altamente teórica, na medida em que estamos em um nível muito geral e abstrato de reflexão sobre as duas teorias físicas. Ela altera imediatamente a maneira dos cientistas lidarem com suas teorias, muito embora essa alteração independa da própria compreensão dos cientistas e possa não ter consequências práticas imediatas. Nesse momento, o filósofo da ciência entra em cena. Ao auxiliar na determinação do estatuto ontológico do espaço e do tempo, ele pode tornar a ciência física mais consciente do tipo de comprometimento que ela possui, abrindo caminho para novos desenvolvimentos conceituais e metodológicos nessa ciência.

Desenvolvida a partir da década de 1960, a discussão acerca do estatuto ontológico das espécies biológicas aconteceu principalmente no contexto da Biologia Evolutiva. Foi no interior da teoria evolutiva, da reflexão sobre seus mecanismos, modelos e pressupostos teóricos que a ontologia das espécies começou a se tornar uma pauta importante na Filosofia da Biologia (GHISELIN, 1974; HULL, 1976). Até aquele período a posição mais comum era a de que espécies seriam *tipos naturais*. Contra essa posição, alguns autores passaram a defender que espécies seriam *indivíduos*. As espécies são tipos naturais ou indivíduos dentro da Biologia Evolutiva? A hipótese do filósofo David Hull é que, tal como o estatuto do “espaço” e “tempo” mudou com o desenvolvimento da Física einsteiniana, o estatuto de “espécies biológicas” também mudou com o desenvolvimento da teoria evolutiva. As espécies seriam indivíduos, não tipos naturais.

Nossa abordagem do estatuto ontológico das espécies será feita em um contexto diferente, ainda que relativamente próximo, da Biologia Evolutiva. Interessa-nos investigar a ontologia desses grupos no seio da *Sistemática Filogenética*, metodologia de classificação biológica cujo objetivo é reconstruir as relações genealógicas entre todos os seres orgânicos (ERESHEFSKY, 2001, p. 66-67). Essa metodologia pretende recuperar a história evolutiva, representando o que comumente denominamos de “árvore da vida”: o padrão de todas as ligações genealógicas entre os seres e grupos ao longo da evolução. É significativo que o proponente dessa metodologia, o entomólogo alemão Willi Hennig (1966), tenha defendido que espécies são indivíduos. É significativo também que importantes adeptos dessa metodologia também abracem a mesma ideia, sugerindo a existência de uma relação estreita entre a Sistemática Filogenética e a individualidade das espécies (WILEY; LIEBERMANN, 2011).

Não é surpresa que a obra de Willi Hennig não nos forneça uma fundamentação filosófica clara e apurada sobre a vinculação entre sua metodologia classificatória e a tese de que espécies são indivíduos. Embora fosse explicitamente influenciada por trabalhos filosóficos, a obra de Willi

Hennig não era um trabalho de filosofia da ciência, mas de Taxonomia (RIEPPPEL, 2011). Por um lado, não é tarefa de Hennig fundamentar seus trabalhos filosoficamente. Por outro, essa fundamentação filosófica não deixa de ser menos necessária. A Sistemática Filogenética constitui a metodologia mais adotada atualmente na Taxonomia (MISHLER, 2009). Se levarmos também este fato em consideração, a adequada explicitação dos pressupostos adotados por boa parte dos taxônomos contemporâneos depende de escrutínio filosófico.

Cabe ao filósofo da ciência investigar a natureza do vínculo entre Sistemática Filogenética e a individualidade das espécies. Essa investigação é importante não apenas porque revela elementos filosóficos que, porventura, circundam a obra de Willi Hennig. Sua importância deve-se ao fato de que ela nos ajuda a refletir sobre elementos filosóficos que *podem* vir a ser incorporados na Sistemática Filogenética. As últimas décadas foram palco de um extenso debate em torno do estatuto ontológico das espécies, de diferentes versões da tese de que espécies são indivíduos, bem como de diferentes ataques a ela. Por isso mesmo, torna-se mais urgente compreender em que sentido e até que ponto a Sistemática Filogenética vincula-se a ela. Será que tal vínculo é necessário? Com qual das versões da tese ele está comprometido? Existe alguma alternativa viável a essa tese que seja compatível com a Sistemática Filogenética? Essas questões servem de ponto de partida para avaliarmos as possíveis mudanças que a própria Sistemática Filogenética sofre desde a década de 1960 e pode continuar sofrendo no futuro. Ao fazer tais questionamentos, nossa motivação não é somente de tornar o cientista mais consciente dos conceitos e métodos que utiliza. Trata-se de abrir espaço para a consolidação e revisão dos aspectos conceituais que constituem a metodologia da Sistemática Filogenética e influenciam o desenvolvimento de novas teorias e práticas no seu interior.

Espécies são indivíduos ou tipos naturais na Sistemática Filogenética de Willi Hennig? Eis a pergunta norteadora desta dissertação. Após apresentarmos os conceitos básicos e o contexto geral no qual a Sistemática Filogenética hennigiana está situada, nosso primeiro capítulo explorará as teses de que espécies são tipos naturais e de que elas são indivíduos. Nossa exposição focará os autores e interpretações iniciais do debate, isto é, aquelas que o moldaram na década de 1960 e 1970. Em particular, exploraremos os argumentos de David Hull em favor da tese de que espécies são indivíduos, entendendo que tais argumentos são filosoficamente mais sofisticados do que os apresentados por outros autores do período (DUPRÉ, 1993, p. 270). Esses argumentos nos permitirão desenvolver uma justificação filosófica para o fato de que a Sistemática Filogenética está vinculada à individualidade das espécies. Ademais, os argumentos de David Hull serão úteis para que possamos compreender as afinidades entre sua versão da tese de que espécies são indivíduos e as versões de Michael Ghiselin (1974) e do próprio Willi Hennig (1966).

Nosso segundo capítulo focaliza uma nova alternativa ao debate. Trata-se da teoria de Richard Boyd (1991, 1999a, 1999b) acerca dos tipos naturais, denominada teoria dos *clusters de propriedades homeostáticas*. Tal teoria encontra muitos adeptos na atualidade, além de representar um grande avanço nas discussões tanto acerca do estatuto ontológico das espécies, quanto dos elementos epistemológicos e ontológicos que constituem uma teoria dos tipos naturais em geral. Nosso interesse será avaliar se a justificação filosófica para a adoção da individualidade das espécies no contexto da Sistemática Filogenética oferecida no primeiro capítulo mantém-se de pé frente à proposta boydiana. O trabalho de Richard Boyd redefine “tipos naturais” e, com isso, altera os termos da tradicional dicotomia entre tipos naturais e indivíduos. A partir disso, não é óbvio que a argumentação desenvolvida no primeiro capítulo continue sendo aplicável. O segundo capítulo discutirá a teoria de Richard Boyd em detalhes, investigando se ela é capaz de substituir a tese de que espécies são indivíduos e ao mesmo tempo ser compatível com a Sistemática Filogenética. Avaliaremos ainda a interpretação que o filósofo Paul Griffiths faz da teoria de Boyd, uma vez que ele possui o claro objetivo de defender uma proposta de tipos naturais coerente com a Sistemática Filogenética.

O terceiro capítulo desta dissertação possui dois objetivos distintos. Em primeiro lugar, ele retoma os argumentos do segundo capítulo, no intuito de refletir sobre outras maneiras de defender as propostas de Richard Boyd e Paul Griffiths. Tais defesas serão avaliadas e, enfim, estaremos em condição de assumir algumas posições no tocante ao estatuto ontológico das espécies na Sistemática Filogenética. Um debate atual sobre essa questão deve levar em conta certos aspectos que foram tradicionalmente negligenciados, trazendo à tona discussões metateóricas sobre a função teórica e a individuação de categorias ontológicas. Essas discussões tornam o debate mais complexo, indo além da mera dicotomia entre indivíduos e tipos naturais.

A reflexão sobre a categoria dos tipos naturais recebe grande atenção no segundo capítulo e também na primeira parte do terceiro capítulo. A fim de oferecer uma análise balanceada do debate, a segunda parte do terceiro capítulo dirige suas atenções para a categoria de indivíduos. Nosso interesse é apontar e discutir alguns problemas conceituais que acometem a tese de que espécies são indivíduos. Ainda que muitos autores continuem a defender essa tese, é patente que ela possui mal-entendidos e dificuldades de toda sorte. Independente de essa tese ser superior ou não à sua rival, torna-se necessário um esclarecimento conceitual mais rigoroso da mesma. O ônus desse esclarecimento recai ainda hoje sobre os defensores da ideia de que espécies são indivíduos. A fim de pressionar tal esclarecimento, nós focalizamos as controvérsias em torno do conceito de “coesão”, o qual está presente em algumas versões da tese de que espécies são indivíduos. Essas controvérsias abrirão espaço para uma reflexão sobre o escopo e os limites da referida tese. A

segunda parte do terceiro capítulo não fornece respostas acabadas para tais controvérsias. Ao contrário, ela apresenta uma direção teórica geral para a discussão dessas controvérsias. Essa direção teórica foi pouco considerada ao longo da história do debate sobre o estatuto ontológico, embora ganhe força em diferentes contextos da filosofia da ciência. Desta feita, o final desta dissertação propõe um direcionamento para os futuros desenvolvimentos do debate.

Ao adentrar em aspectos metateóricos do debate e lidar com problemas conceituais da categoria de “indivíduos”, os últimos momentos da nossa narrativa evocam aquela provocação feita pelo renomado biólogo na anedota que abriu esta introdução. Afinal, a filosofia da ciência ajuda o cientista em alguma coisa? Nós defendemos que ela auxilia no esclarecimento e revisão de pressupostos teórico-metodológicos, os quais podem ter ressonância sobre as práticas científicas. Mas talvez não seja só isso. O filósofo da ciência pode utilizar conhecimentos científicos para pensar sobre as próprias questões metateóricas que o auxiliam na investigação filosófica da ciência. Desse modo, podemos ter uma relação interativa e mais profunda entre o fazer científico e a reflexão filosófica sobre a ciência. A ciência não precisa ser apenas o *objeto* do filósofo da ciência, mas ela pode direcionar os conceitos e métodos que o filósofo utiliza para pensar a própria ciência. É razoável considerar a hipótese de que o cientista fornece ferramentas que ajudam o filósofo a pensar melhor sobre a ciência e, assim, esclarecer e influenciar de modo mais efetivo a própria produção científica.

2. ONTOLOGIA DAS ESPÉCIES NA SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA

Classificar é uma atividade fundamental para os biólogos. Essa atividade se faz presente nas diversas áreas da biologia, auxiliando na organização de seus objetos, conceitos e métodos. Sua importância teórica é evidente se considerarmos a importância daquilo que produzem: as classificações. Segundo o zoólogo alemão Ernst Mayr (1982), as classificações são maneiras de ordenar uma diversidade de coisas em conjuntos de objetos individuais, organizando um amplo domínio de entidades em categorias que facilitam sua compreensão e manipulação. Nesse sentido, as classificações são úteis para a organização da biodiversidade, de modo que os biólogos possam levar a cabo suas pesquisas de modo sistemático e produzir conhecimento sobre o mundo natural.

Não é surpresa alguma que grande parte das pesquisas biológicas possuem implicações políticas, econômicas e sociais. Reconhecendo-se o papel das classificações sobre tais pesquisas, deve-se reconhecer também seu impacto sobre as dimensões práticas da vida humana. Um exemplo pode ilustrar esse tipo de impacto: na virada do século XIX para o século XX, a malária se espalhou pela Europa e mostrou ser de difícil erradicação, tornando-se um sério problema de saúde pública. A dificuldade em erradicá-la esteve ligada a uma classificação equivocada do vetor da doença, o mosquito *Anopheles maculipennis*. Quando se descobriu que tal vetor correspondia não a uma única espécie, mas pelo menos a sete espécies diferentes, foi possível um controle eficaz da doença (MAYR, 1969, p. 7). Desse modo, a classificação daquele vetor mostrou ser de fundamental importância. Até então, a classificação equivocada do vetor era um empecilho à solução da epidemia, mas, quando corrigida, tornou-se o fundamento de sua solução.

2.1 Classificação biológica

As classificações podem assumir várias configurações na biologia. Não obstante, o termo *classificação biológica* denota um tipo específico de classificação nessa ciência (MAYR, 1982, p. 147). Por meio dele, Ernst Mayr refere-se ao agrupamento (*grouping*) de organismos em grupos que possuem diferentes níveis de inclusão. Esses grupos são tecnicamente chamados de *taxa* ou *táxons* (singular: *táxon*) e representados no sistema classificatório, recebendo um nome e uma posição

específica dentro dele². Além de agrupá-los e nomeá-los, a classificação biológica ranqueia-os (posiciona-os em um *ranking*) em *categorias taxonômicas*. Tais categorias determinam os diferentes níveis hierárquicos de inclusão nos quais os grupos podem estar inseridos, como “espécie”, “gênero” ou “família”.

Um marco no desenvolvimento da classificação biológica foi o trabalho do naturalista sueco Carolus Linneaus no século XVIII. Linneaus propôs a ordenação da biodiversidade em um sistema contendo apenas quatro categorias taxonômicas: classe, ordem, gênero e espécie (MAYR, 1982, p. 174). De acordo com seu sistema, cada táxon pertence a uma única categoria e é parte de um único táxon no nível imediatamente superior, o qual se inclui em uma única categoria e assim por diante. O resultado desse sistema é uma cadeia hierárquica de grupos, na qual cada táxon ocupa uma posição definida. Por exemplo, *Homo sapiens* é um táxon que pertence à categoria de *espécie*, sendo parte integrante do táxon imediatamente superior *Homo*. Já este último pertence à categoria de *gênero* e é parte de algum táxon de nível imediatamente superior. Assim colocado, notamos que a categoria de espécie é menos abrangente do que a categoria de gênero. Notamos também que táxons de espécie fazem parte dos táxons de gênero, mas não o contrário.

Desde sua formulação na clássica obra *Systema Naturae* (1735), o sistema classificatório de Linneaus sofreu diversas modificações, como o aumento do número de categorias taxonômicas. Tais modificações não alteraram, entretanto, a estrutura básica desse sistema, o qual permanece hegemônico até hoje. Mesmo o advento da teoria evolutiva não parece ter inspirado, pelo menos até as últimas décadas do século XX, tentativas de revisão dessa estrutura e dos métodos tradicionais de classificação (DE QUEIROZ, 1997).

A classificação biológica organiza a biodiversidade em táxons e categorias e, desse modo, cumpre diversas funções teóricas. Ernst Mayr (1982, p. 148-149) enfatiza duas delas, fazendo eco a uma extensa literatura sobre o tema³. A primeira função consiste na capacidade de estocar (*storage*) e recuperar (*retrival*) informações sobre organismos e táxons. Para o autor, a classificação funciona como um sistema capaz de abarcar diferentes informações a serem acessadas pelos biólogos. Na classificação podem estar representadas, por exemplo, similaridades fenotípicas/genéticas e relações de parentesco entre organismos. Nesse sentido, informações sobre os caracteres compartilhados e sobre a história evolutiva desses seres são estocadas e depois compreendidas por qualquer biólogo treinado⁴.

² Ao longo da dissertação nós utilizaremos o termo “táxons” e não “taxa” para nos referir aos grupos taxonômicos, devido a esse termo ser o mais utilizado na literatura.

³ Dentre seus marcos iniciais, ver Gilmour (1951), Simpson (1961), Warburton (1967), Mayr (1969).

⁴ Por “caráter” (plural: caracteres) entende-se uma característica reconhecível e mensurável do organismo (RIDLEY, 2006, p. 701). Caracteres podem ser tanto fenotípicos (internos ou externos) quanto genotípicos. Eles são aqui

A segunda função elencada por Ernst Mayr diz respeito ao fato de que classificações podem servir de base para inferências indutivas. Ora, o agrupamento de organismos em táxons pode levar a crer que os organismos de um mesmo táxon possuem mais caracteres em comum do que se comparados com organismos de outros táxons. Esse raciocínio torna legítimo que se generalize um caráter a todos os organismos de um táxon sem a necessidade de observá-lo em cada um desses organismos. Torna-se legítimo inferir que, pelo simples fato de dois organismos pertencerem ao mesmo grupo, caracteres presentes no primeiro muito provavelmente estarão presentes no segundo. Por fim, será possível inferir que, por pertencer a determinado táxon, um organismo possui inúmeros caracteres que ainda não foram observadas nele (WARBURTON, 1967, p. 242-243). Todas essas inferências são variantes de processos indutivos que ampliam nosso conhecimento sobre o mundo natural.

É possível pensar que quanto mais informações são estocadas, mais inferências podem ser feitas. Entretanto, a relação entre essas duas funções não é tão simples. Mayr (1982, p. 149) lembra-nos que nem sempre o sistema mais conveniente para estocar e recuperar informações coincide com o sistema mais seguro e adequado para inferências. O biólogo Brent Mishler (2009, p. 61) segue uma argumentação similar, afirmando que algumas vezes as diferentes funções da classificação entram em choque e não podem ser igualmente satisfeitas. Nesse contexto, Mishler ressalta uma terceira função das classificações biológicas: sua capacidade de representar teorias específicas. Ele destaca que as classificações podem vincular-se a teorias científicas, capturando as entidades e processos naturais por elas descritos. O problema dessa função é que ela torna as classificações mais propensas a sofrer alterações, já que as teorias podem sofrer alterações com o tempo. Essa propensão poderia prejudicar as outras funções da classificação, limitando sua capacidade de estocar (e permitir recuperar) informações e sua capacidade de embasar inferências. Por tudo isso, Mishler reconhece que classificações exibem certa compensação – *trade off* – entre suas diversas funções. Algumas serão privilegiadas em detrimento de outras. Como veremos, grande parte dos taxônomos atuais privilegiam a função teórica das classificações. Eles defendem que a classificação deve representar aspectos da teoria evolutiva.

entendidos como aquilo que outros autores chamam de “estado de caráter”, isto é, como as variantes que determinado *tipo* de característica pode ter (FUTUYAMA, 2005, p. 22). Nesse sentido, o caráter “casco arredondado” é uma variante do tipo “forma do casco”. Os caracteres utilizados na classificação podem ser ditos *qualitativos e intrínsecos*, pois correspondem a atributos não relacionais e constitutivos dos organismos, como seu tamanho, cor e composição genética.

2.1.1 Abordagem histórica da classificação

Como devemos construir a classificação biológica? Quais princípios teóricos e práticos devem guiar essa construção? Nossa classificação deve procurar atender igualmente a todas as funções do sistema classificatório? Ela deve ancorar-se em alguma teoria biológica particular, como a teoria evolutiva? Perguntas desse tipo são objeto da Taxonomia, ciência que investiga a teoria e a prática da classificação (MAYR, 1969, p. 2). No séc. XX a Taxonomia foi marcada por uma disputa entre metodologias rivais, as quais ofereceram respostas diferentes às perguntas acima. Na próxima seção nós descrevemos essas metodologias e nos aprofundamos em uma delas: a Sistemática Filogenética. Antes disso, entretanto, é necessário distinguir dois critérios gerais que balizam essas metodologias e que permitem a elas servir (ou não) aos propósitos explicativos da teoria evolutiva.

Em *The poverty of linnean hierarchy* (2001) o filósofo Marc Ereshefsky distingue três abordagens sobre a classificação: essencialismo, análise *cluster* e classificação histórica. Segundo ele, tanto o essencialismo quanto a análise *cluster* agrupam organismos a partir de seus traços comuns. A diferença fundamental é que, enquanto para o essencialismo tais traços precisam estar presentes em todos os membros do grupo (i.e. são *essenciais*), para a análise *cluster* basta que eles sejam frequentes entre esses membros. Já a abordagem histórica difere-se radicalmente de ambas. Ela agrupa organismos levando em conta apenas as relações causais que eles estabelecem entre si, independentemente dos traços que compartilham.

Interessa-nos focar aqui a referida diferença entre as duas primeiras abordagens e a classificação histórica. Para apreciar corretamente essa diferença é necessário entender o que Ereshefsky chama de “traço”. Para o filósofo, “traço” é qualquer característica *qualitativa* e *intrínseca* aos organismos, ou seja, qualquer propriedade não relacional que compeça os organismos. Tal propriedade equivale ao que chamamos anteriormente de “caráter”. Assim entendido, Marc Ereshefsky não quer dizer que a abordagem histórica não utiliza caracteres para construir classificações. O filósofo é consciente de que a construção de toda classificação biológica começa com a análise e comparação de caracteres. O que ele quer ressaltar é que, na abordagem histórica, os caracteres servem apenas como *evidência* para relações causais (ERESHEFSKY, 2001, p. 28). Em outras palavras, a classificação histórica almeja ordenar a biodiversidade de acordo com certas relações causais e utiliza a análise dos caracteres como um *meio* de reconstruir essas relações. O mesmo não ocorre com o essencialismo e a análise *cluster*, pois para ambas as abordagens a classificação deve ordenar a biodiversidade segundo a *similaridade qualitativa* entre os organismos.

Isso significa dizer que a posse de caracteres comuns, produtora dessa similaridade, não estaria subordinada a qualquer outro fim. Ereshefsky atesta:

A abordagem histórica da classificação inverte os papéis entre similaridade qualitativa e relações causais: relações causais são primárias e a similaridade qualitativa é importante apenas ao servir de evidência para relações causais (ERESHEFSKY, 2001, p. 28).

Em suma, podemos caracterizar a diferença entre a abordagem histórica e as outras duas como uma diferença entre dois critérios de classificação dos grupos. Enquanto a primeira delimita os grupos a partir das relações causais entre seus membros, as outras os classificam a partir da similaridade qualitativa entre seus membros. Segundo Ereshefsky, essa diferença é crucial ao determinar que apenas a abordagem histórica seja capaz de incorporar a teoria evolutiva em seu sistema classificatório. Vejamos o porquê.

Desde o advento de *A origem das espécies*, de Charles Darwin (1859), a teoria evolutiva pode ser caracterizada grosseiramente como uma teoria de “descendência com modificação”. Essa expressão sinaliza os dois pilares centrais da teoria darwiniana: ancestralidade comum e evolução por seleção natural (SOBER, 2003, p. 267). O primeiro pilar indica que todas as formas de vida na Terra estão conectadas por meio de relações genealógicas, pois todas elas descendem de um ou poucos ancestrais comuns. Isso corresponde à ideia de que as relações evolutivas entre os seres formam uma estrutura arborescente, segundo a qual aqueles ancestrais dão origem a uma pluralidade de grupos e tendências evolutivas divergentes ao longo do tempo⁵. Eis a chamada “*árvore da vida*”. Já o segundo pilar da teoria evolutiva consiste na proposição de um mecanismo, dentre outros, capaz de explicar as alterações que organismos e grupos sofrem ao longo do tempo e que resultam na produção daquelas tendências evolutivas. Esse mecanismo é a seleção natural.

O estabelecimento desses dois pilares determinou uma nova maneira de explicar a biodiversidade. Segundo Marc Ereshefsky, essa biodiversidade passa a ser encarada como resultado de um processo longo e gradual, no qual os caracteres orgânicos foram transmitidos e tiveram sua frequência alterada dentro dos táxons ao longo de gerações (ERESHEFSKY, 2001, p. 110). Assim, a distribuição atual desses caracteres deve ser explicada por meio da reconstrução da história evolutiva desses táxons. Essa reconstrução precisa indicar quando e sob quais condições determinados caracteres apareceram, bem como quando e por que eles se tornaram proeminentes (ou não) após certas gerações.

⁵ Não devemos ignorar a existência de processos de convergência entre as formas na evolução, de modo que grupos distintos podem se tornar similares com o tempo. Ademais, a pluralidade de grupos não necessariamente implica no aumento gradativo do número de espécies na natureza.

Esse mesmo modelo explicativo foi bastante discutido por Ernst Mayr (1961, 1982). Segundo o zoólogo alemão, cabe à Biologia Evolutiva oferecer *narrativas históricas* sobre a evolução dos grupos, explicando o surgimento e a alteração dos caracteres ao longo do tempo (MAYR, 1961, p. 25-26). Suponhamos que, por exemplo, um biólogo evolucionista seja perguntado pela causa da migração em determinada espécie de pássaros. Caberá a ele explicar a evolução dos caracteres responsáveis por sua capacidade de migração, dentre os quais ele poderia citar a *hipófise* (ou glândula pituitária). Sabe-se que este caráter evoluiu nos pássaros a ponto de regular seus longos voos, condição necessária para a migração. Desse modo, o biólogo evolucionista discorrerá sobre como os mecanismos evolutivos e as condições ambientais particulares levaram, ao longo do tempo, à evolução da hipófise naquela espécie de pássaros em particular. Tais mecanismos e condições são chamados de causas remotas (*ultimate causes*) de sua migração⁶.

Ao tratar de causas remotas, uma explicação evolutiva menciona os mecanismos causais que produzem a evolução. Um deles é justamente a seleção natural. O próprio Darwin reconheceu, entretanto, que a seleção não é a única força motriz do processo evolutivo (1859, p. 21). Outro mecanismo passou a ser muito discutido a partir do século XX: a deriva genética. Tendo isso em vista, tanto a seleção quanto a deriva precisam ser analisadas para uma compreensão mais profunda do modelo explicativo evolucionista⁷.

Fazendo coro a uma longa tradição, Marc Ereshefsky afirma que a seleção natural depende de três condições básicas: variação, aptidão diferencial e hereditariedade (ERESHEFSKY, 2001, p. 110)⁸. A primeira garante a existência de caracteres variados (polimórficos) em organismos de uma mesma população. A segunda garante que esses caracteres confirmam diferentes graus de vantagem reprodutiva aos organismos que os portam. Já a terceira assegura que os caracteres vantajosos sejam passados adiante e tendam, por serem vantajosos, a aumentar sua frequência em gerações seguintes da população. Embora esse seja um modelo da seleção natural simplificado, ele é suficiente para mostrar a importância da hereditariedade na evolução por seleção natural. Isso porque apenas por meio dela a seleção pode ter influência sobre gerações futuras de uma população, gerando o acúmulo de pequenas alterações ao longo do tempo que produzirão efeitos em larga escala. Sem a

⁶ Contrastivamente, Mayr entende que a Biologia Funcional busca explicar a organização física, funcional e sistêmica dos organismos. Ao ser perguntado pela migração dos pássaros, por exemplo, o biólogo funcional discorrerá sobre as estruturas morfológicas, ambientais e físico-químicas que fazem com que cada pássaro de uma espécie particular migre. Ele não mencionará a evolução da hipófise, mas sim a constituição orgânica dessa glândula nos organismos. Essa é considerada uma causa próxima da migração (MAYR, 1961, p. 28).

⁷ Uma explicação evolutiva robusta envolve muitos outros mecanismos, como estrangulamentos desenvolvimentais e fatores epigenéticos. Para nosso argumento, entretanto, basta aceitarmos que seleção e deriva estão presentes em grande parte das explicações, sem a pretensão de esgotá-las.

⁸ Para uma caracterização dessa tradição e sua crítica, ver Godfrey-Smith (2009).

hereditariedade, a atuação da seleção seria restrita a cada geração e, por isso, não poderia ser responsável pela evolução gradual de novas formas orgânicas e suas estruturas complexas.

Marc Ereshefsky entende que casos de deriva genética são aqueles nos quais a frequência dos caracteres altera-se de modo aleatório em uma população, dado um evento contingente qualquer (ERESHEFSKY, 2001, p. 111). Eis um exemplo: uma catástrofe ambiental dizima uma população, deixando alguns poucos sobreviventes aleatórios. Estes iniciam então uma nova população, a qual inicialmente terá uma frequência de caracteres determinada de modo contingente pela catástrofe. A partir desse momento, a frequência desses caracteres na população dependerá do fato de eles serem herdáveis. Portanto, a hereditariedade mostra-se necessária para garantir que o evento contingente inicial acarrete efeitos significativos após inúmeras gerações.

Assim colocado, a evolução por seleção natural e por deriva genética depende das relações de hereditariedade que conectam diferentes organismos de diferentes gerações da população. Tais relações conectam causalmente esses organismos, produzindo aquilo que chamamos de *linhagens*: cadeias genealógicas de organismos que se sucedem no espaço-tempo (HULL, 1980, p. 146)⁹. Dada a exigência de hereditariedade, podemos afirmar que a evolução por seleção e deriva só pode ocorrer por meio, ou ao longo, de linhagens. Por conseguinte, qualquer explicação evolutiva que mencione seleção e deriva está comprometida com a ideia de que organismos estão causalmente interligados no tempo (ERESHEFSKY, 2001, p. 111). Supõe-se que esses organismos formam linhagens genealógicas.

Pelo que foi dito até aqui, é razoável pensar que uma explicação evolutiva bem sucedida é aquela que nos permite rastrear as relações genealógicas que produziram determinada distribuição ou o surgimento de caracteres em um táxon (seja ele uma população, espécie ou *táxon superior*)¹⁰. Esse rastreamento nos permitiria apresentar os mecanismos e eventos históricos que culminaram na distribuição ou surgimento de caracteres, explicando sua presença no táxon. Assim sendo, uma classificação afim com esse tipo de explicação histórica precisa se pautar em relações genealógicas. Ela precisa ordenar os táxons utilizando a genealogia como critério, caso contrário esses táxons não nos permitirão quaisquer inferências sobre a história evolutiva de seus caracteres. Em outras palavras, se a classificação pretende estocar informações, embasar inferências e reconstruir a *história evolutiva*, então ela deve agrupar os organismos em táxons a partir das relações que articulam essa história: as relações genealógicas.

⁹ O termo linhagens encontra diferentes sentidos na literatura. No trecho acima e em toda a dissertação, salvo quando indicado o contrário, ele será usado de modo mais neutro possível: refere-se a uma sequência individual que liga um organismo ancestral a um dos seus descendentes diretos e assim sucessivamente.

¹⁰ Entendemos que *taxa superiores* são agrupamentos acima do nível da espécie, como gênero, classe, etc. Esses *taxa* são compostos por espécies ou grupos de espécies (MAYR, 1969, p. 88).

Classificar organismos segundo o critério genealógico é um modo de classificar segundo a abordagem histórica. Marc Ereshefsky reconhece isso claramente ao exemplificar tal abordagem com a sugestão darwiniana de que “toda verdadeira classificação é genealógica” (ERESHEFSKY, 2001, p. 29). Segundo ele, Darwin reivindica uma abordagem histórica ao propor que a genealogia figure como critério de classificação. Além disso, o filósofo conclui que toda classificação de cunho evolutivo deve adotar a abordagem histórica, já que apenas essa abordagem faz jus ao papel que a genealogia possui nas explicações evolutivas. Em contrapartida, abordagens baseadas na similaridade qualitativa – como o essencialismo e a análise *cluster* – não são capazes de incorporar o mesmo papel e, por conseguinte, o modelo explicativo da teoria evolutiva.

Esta dissertação encontra na abordagem histórica seu pano de fundo. Mais especificamente, ela se atém ao contexto da chamada *Sistemática Filogenética*, uma metodologia classificatória bastante aceita nos dias atuais e que incorpora de maneira explícita essa abordagem. Nas páginas que se seguem, nós tomaremos essa metodologia como base para a análise da questão envolvendo o estatuto ontológico das espécies biológicas. Para tanto, caracterizamos a Sistemática Filogenética na próxima seção.

2.2 Sistemática Filogenética

A Sistemática Filogenética, ou cladismo, encontra sua origem nos trabalhos do entomólogo alemão Willi Hennig (1950, 1965, 1966). Seu objetivo é a reconstrução da *filogenia*, isto é, da história evolutiva dos táxons. Por isso, ela privilegia a função teórica da classificação biológica: esta deve capturar os grupos naturais prescritos pela história da evolução e fornecer informações sobre suas filogenias, permitindo, tanto quanto possível, práticas inferenciais sobre os mesmos. A Sistemática Filogenética promove uma classificação estritamente genealógica, agrupando os táxons superiores segundo um critério histórico de ancestralidade comum (ERESHEFSKY, 2001, p. 55). Uma breve caracterização das metodologias alternativas à Sistemática Filogenética nos ajuda na compreensão desse ponto. Ela fornece-nos ainda o contexto a partir do qual a Sistemática Filogenética tornou-se hegemônica. Com esse intuito, nosso trabalho apresenta duas “escolas” de classificação que historicamente antecederam a Sistemática Filogenética, mas também coexistiram com ela: a Taxonomia Evolutiva e o Feneticismo¹¹. A partir dessa apresentação, será possível

¹¹ Para os fins deste trabalho não é necessário apresentar aqui o chamado cladismo-padrão (*pattern cladism*), escola de classificação desenvolvida na década de 1980 (PATTERSON, 1980).

descrever a Sistemática Filogenética de modo mais detalhado, atentando-nos para seu caráter histórico em oposição ao caráter não estritamente histórico das demais.

2.2.1 Antecedentes

Proposta por Simpson (1961) e Mayr (1969), a Taxonomia Evolutiva surge na década de 1940. Essa metodologia enfatiza a função teórica da classificação biológica, afirmando seu compromisso com a evolução. Segundo ela, a classificação deve capturar dois padrões de mudança evolutiva: *cladogênese* e *anagênese* (ERESHEFSKY, 2001, p. 52). Por “cladogênese” entende-se a cisão (*branching*) populacional de uma espécie, de tal modo que suas populações passam a desenvolver caminhos evolutivos divergentes. O resultado é que, ao invés de uma única espécie, passa-se a ter duas (FIG. 1a e 1b). Por “anagênese” entende-se, ao contrário, que modificações ocorrem na espécie sem que suas populações desenvolvam caminhos divergentes. Tais modificações fazem surgir uma nova espécie que substitui a anterior (FIG. 1c). Para a Taxonomia Evolutiva, ambos os padrões de mudança são encontrados na natureza e capazes de gerar novas espécies.

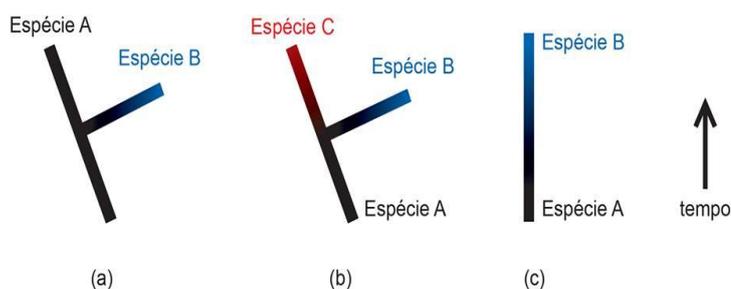


FIGURA 1 – Padrões de mudança. (a) Cladogênese 1: cisão populacional dá origem a uma nova espécie que passa a coexistir com espécie ancestral. (b) Cladogênese 2: cisão populacional dá origem a duas novas espécies e implica extinção da espécie ancestral. (c) Anagênese: transformação contínua da espécie que origina nova espécie¹².

¹²As figuras cuja fonte não é citada foram concebidas por mim, ainda que haja algumas similares na literatura que poderiam ter sido usadas. A opção por novas figuras é uma tentativa de escapar de certas ambiguidades frequentes nesse tipo de representação.

A Sistemática Filogenética não quer capturar o padrão de mudança anagenético. Isso porque, para capturar tal padrão, é necessário conferir um papel relevante à *similaridade qualitativa* e, portanto, abdicar de uma metodologia estritamente genealógica (HULL, 1978, p. 373-374). Concentremo-nos na figura 1c. Como podemos classificar organismos na espécie B? Certamente não basta dizer que B compõe-se dos organismos que descendem da espécie ancestral A, pois antes seria necessário delimitar os organismos que pertencem a A. E como delimitá-los? Não seria plausível recorrer ao critério genealógico novamente, fazendo referência a uma espécie ancestral de A, pois isso nos levaria a um regresso ao infinito. Assim, a identificação dos organismos de uma espécie qualquer deve ser feita por meio da similaridade qualitativa. Organismos com maior similaridade qualitativa pertencem à mesma espécie. Na anagênese, uma nova espécie surge apenas porque os organismos modificaram-se muito em relação a seus antecessores. Por isso, seria necessário recorrer a uma análise de similaridades para determinar quando surgiu uma nova espécie.

A utilização do critério de similaridade qualitativa não impede que a Taxonomia Evolutiva incorpore o critério genealógico até certo ponto. Ainda que não seja suficiente para a classificação dos grupos, o princípio de uma ancestralidade comum para todos os organismos de um mesmo táxon é condição *necessária* para essa classificação. Relações genealógicas a partir do ancestral comum conectam os membros do mesmo táxon. O problema é que, ao incorporar tanto o critério da similaridade quanto o da genealogia, a Taxonomia Evolutiva mostra-se uma metodologia ambígua e nem sempre fiel à filogenia (ERESHEFSKY, 2001, p. 67). Um exemplo ilustra essa crítica: grosso modo, o tradicional grupo dos “répteis” compõe-se de crocodilos, cobras e lagartos. Entretanto, pesquisas filogenéticas constataam que crocodilos e aves originam-se de um ponto de cisão (i.e. um ancestral comum) mais recente do que aquele partilhado por crocodilos, cobras e lagartos (FIG. 2). Uma classificação correta para a Sistemática Filogenética reúne crocodilos e aves primeiro, para então agrupar ambos com cobras e lagartos. Isso implicaria posicionar as aves dentro do grupo dos répteis. Mas esse novo agrupamento não é respeitável se levarmos em conta processos anagenéticos e, por conseguinte, a similaridade qualitativa entre os quatro grupos. Crocodilos são mais similares às cobras e lagartos do que às aves. Tal similaridade justificaria reunirmos crocodilos, cobras e lagartos em “répteis”, excluindo as aves do grupo de “répteis”. Ao incorporar a anagênese, a Taxonomia Evolutiva não é capaz de agrupar táxons superiores apenas segundo relações genealógicas, ou melhor, relações de ancestralidade comum.

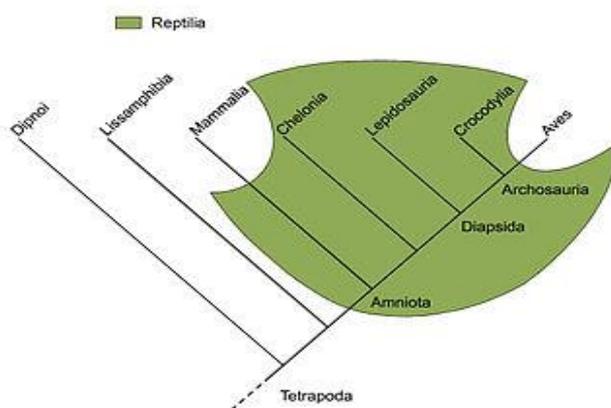


FIGURA 2 – O táxon dos répteis¹³.

FONTE: Disponível em: <<http://en.wikipedia.org/wiki/Paraphyly>>. Acesso em: 15/08/2013

A partir da década de 1950 desenvolveu-se a escola Fenética de classificação, também chamada de Taxonomia Numérica. Essa escola está ancorada no trabalho de Sokal; Sneath (1963) e pretende desvincular classificação e teoria evolutiva (ERESHEFSKY, 2001, p. 61). Seus adeptos defendem a neutralidade teórica da classificação, entendendo que dessa maneira ela seria um sistema estável de estocagem e recuperação de informação. Essa neutralidade tornaria a classificação imune a possíveis mudanças teóricas na biologia, bem como abriria espaço para que diferentes teorias biológicas usufríssem dela. O feneticismo pretendia ser uma metodologia capaz de servir a diferentes projetos teóricos (ERESHEFSKY, 2001, p. 62).

O feneticismo adota uma abordagem qualitativa da classificação (ERESHEFSKY, 2001, p. 25). Ele reúne os organismos em táxons tendo por critério única e exclusivamente a similaridade entre eles. Esse critério é denominado pelos feneticistas de *similaridade global* e utiliza o maior número possível de caracteres em sua análise (SNEARTH; SOKAL, 1973, p. 5). A todos os caracteres se atribui o mesmo *peso*, isto é, a mesma importância na classificação dos grupos. Mas isso gera um grande problema. Por exemplo, será que caracteres relacionados ao córtex cerebral (p. ex., seu tamanho) devem ter a mesma importância que caracteres relacionados à composição molecular (p. ex., a quantidade de hemoglobinas no sangue) na classificação dos primatas? Segundo Mayr (1982), uma resposta afirmativa a essa pergunta contraria a experiência dos taxônomos profissionais. Não haveria como negar que alguns caracteres são mais significativos do que outros.

O problema de atribuir o mesmo peso aos caracteres é acabar formando grupos *artificiais*, no sentido de sua ordenação não ser determinada pelos processos evolutivos. Essa é a queixa da

¹³ Tal como exposto na figura, o grupo completo dos répteis compõem-se dos grupos *Chelonia* (tartarugas e cagados), *Lepidosauria* (lagartos, cobras e tuataras) e *Crocodylia* (jacarés e crocodilos).

Sistemática Filogenética. O zoólogo Edward O. Wiley é um dos seus grandes representantes atuais e sustenta, por exemplo, que táxons naturais “se originam de processos naturais e, assim, precisam ser consistentes com eles” (WILEY, 1981, p. 72). Esses processos são entendidos como processos evolutivos, levando a crer que o caráter natural dos táxons depende do quão fiel esses grupos representam a história evolutiva. A atribuição do mesmo peso aos caracteres aliada ao critério de similaridade global acaba formando, por sua vez, grupos de organismos que não possuem um ancestral comum recente incluído no grupo. Tais grupos são incapazes de representar a história evolutiva e, portanto, não são considerados naturais pela Sistemática Filogenética.

2.2.2 O Sistema Hennigiano

A obra *Phylogenetic Systematics*, (1966) de Willi Hennig, foi um marco para a Sistemática Filogenética. Muito embora o entomólogo alemão já tivesse proposto essa metodologia classificatória em trabalhos anteriores, foi com a referida obra – publicada em inglês – que essa metodologia ganhou expressão na comunidade científica. Hennig caracteriza a relação entre organismos, espécies e táxons superiores em termos de relações genealógicas, instituindo um arcabouço conceitual capaz de capturar tais relações e, com isso, reproduzir tanto quanto possível a história evolutiva.

Já foi dito que o ponto de partida de toda classificação reside na identificação e análise de caracteres. Os organismos a serem classificados devem ser “fatiados” em suas características componentes para então serem comparados e agrupados. Ao analisar um organismo em termos de seus caracteres, devemos ter em mente, entretanto, que tais caracteres não acompanham o organismo ao longo de toda sua existência. Por isso, talvez fosse mais adequado dizer que a classificação inicia-se com a identificação e a análise de caracteres que coexistem em um dado momento da vida dos organismos a serem classificados. Essa ideia é o que Willi Hennig captura com o conceito de *semaforonte* (1966, p. 6). Segundo o autor, *semaforonte* é aquilo que um organismo é durante um curto período de tempo, quando ele possui determinados caracteres. Quando um taxônomo tem diante de si uma lâmina com diversos micro-organismos que pretende classificar, na verdade, ele tem diante de si certos *semaforontes*: micro-organismos “congelados” em uma faixa temporal T'. Tempos depois, na mesma lâmina poderiam estar outros *semaforontes*.

Willi Hennig caracteriza os organismos individuais como sequências de *semaforontes* (1966, p. 19). Para ele, o fato de os organismos persistirem e alterarem-se ao longo do tempo pode ser

traduzido pela ideia de que os semaforontes se sucedem em uma sequência causal, linear e direta. Hennig entende que os semaforontes de um mesmo organismo são aqueles conectados por certas *relações causais ontogenéticas* (FIG. 3). Mas, afinal, o que são essas relações? Hennig não fornece uma definição precisa das mesmas, mas utiliza o termo “ontogenia” no sentido mais comum na biologia, a saber: relações de desenvolvimento de um organismo, nas quais seus componentes – genéticos, morfológicos e fisiológicos – dão origem a novos componentes e reestruturam-no ao longo de seu ciclo de vida¹⁴. Nos termos de Hennig, relações ontogenéticas são relações genealógicas entre as partes de um organismo no decorrer de sua existência (HENNIG, 1966, p. 18).

Semaforontes se engajam também em outro tipo de relação causal. Segundo Willi Hennig, semaforontes pertencentes a organismos diferentes entram em relação reprodutiva e produzem novos semaforontes, isto é, novos organismos (HENNIG, 1966, p. 14). Isso equivale a dizer que, em algum dado momento de seu ciclo de vida, os organismos vão travar relações reprodutivas e deixar descendentes. Tais relações também possuem natureza genealógica, pois são responsáveis por gerar um padrão ancestral-descendente entre os organismos (HENNIG, 1966, p. 18). Em outras palavras, elas fazem com que os organismos formem *linhagens*. Hennig dá a essas relações o nome de *relações tocogenéticas* (FIG. 3). Note que, segundo a formulação acima, tais relações restringem-se a organismos de reprodução sexuada. Willi Hennig admite *parcialmente* que isso é uma limitação de tais relações, pois parece deixar de fora organismos assexuados e hemafroditas capazes de se autofertilizar (HENNIG, 1966, p. 44). Mas o etomólogo não considera essa limitação um grande problema. Segundo ele, espécies que não se dividem em organismos machos e fêmeas (i.e. hemafroditas) corresponderiam a uma pequena parcela do reino animal. Além disso, no tocante a organismos assexuados seria possível estabelecer uma diferença mínima entre relações tocogenéticas, ontogenéticas e filogenéticas. A partir dessa diferença seria lícito falar em relações tocogenéticas entre organismos assexuados, embora sua estrutura seja diferente e não tão bem definida quanto no caso de organismos sexuados¹⁵.

Willi Hennig afirma que ao tentar reconstruir todas as relações genealógicas existentes ao longo da história evolutiva, nós encontramos certas rupturas (HENNIG, 1966, p. 18). Essas rupturas dividem grupos de indivíduos que não podem travar relações reprodutivas entre si e, portanto, que não estão conectados genealógicamente. A tais grupos – conjuntos de populações – Hennig dá o nome de *espécies*. Para o entomólogo alemão as espécies são populações isoladas reprodutivamente

¹⁴ OXFORD DICTIONARY OF SCIENCE, 2010, p. 580.

¹⁵ Hennig não desenvolve esse ponto. A partir de seus trabalhos, o estatuto dos organismos e espécies assexuadas na Sistemática Filogenética é alvo de muitos debates. Para mais informações, ver Wheeler; Meier, 2000. Dado que nosso interesse é tratar das espécies no interior desse sistema de classificação, nos ateremos a pensá-las a partir das relações tocogenéticas hennigianas. Por outro lado, isso não significa que negligenciamos as limitações desse sistema.

que persistem ao longo do tempo. Elas são conjuntos ou emaranhados de linhagens individuais que se conectam, formando uma grande “teia” ou “rede”, cujos organismos componentes estão ligados por reprodução (FIG. 3).

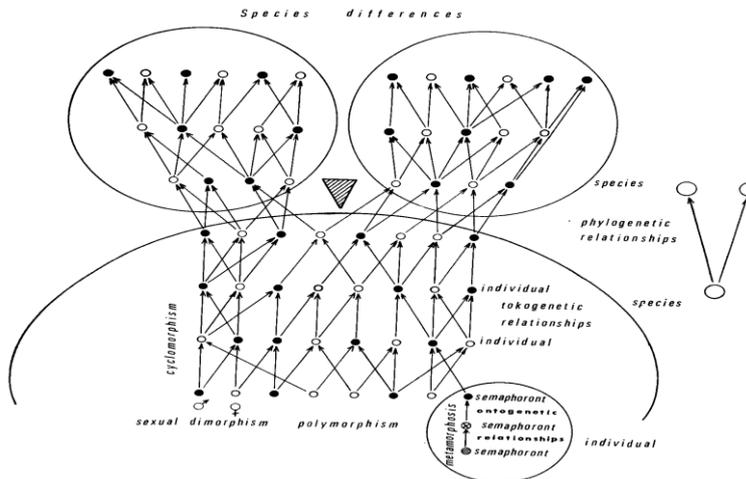


FIGURA 3 – Relações ontogenéticas, tokogenéticas e filogenéticas.
FONTE: Hennig, 1966, p. 31.

De acordo com a figura 3, as três grandes áreas circuladas representam espécies diferentes. Essas espécies compõem-se de organismos ligados por relações tokogenéticas, o que é ilustrado pelas setas que ligam as bolinhas brancas e pretas (organismos machos e fêmeas). Essas setas indicam a ligação genealógica que tais organismos estabelecem entre si ao longo do tempo. Por conseguinte, as espécies figuram como um emaranhado de linhagens compostas por organismos e suas relações. Já o triângulo marca a ruptura entre as espécies, indicando que houve um isolamento reprodutivo que originou duas novas espécies, ou seja, uma *cisão cladogenética* (FIG. 1b).

A partir da ilustração nós podemos falar agora em um tipo de relação causal entre as espécies biológicas. Willi Hennig chama de *relações filogenéticas* aquelas relações genealógicas que ligam diferentes espécies como um todo (HENNIG, 1966, p. 20). Elas são representadas em pequena escala no canto direito da figura 3, porque relacionam as três grandes áreas circuladas dessa figura. Segundo Hennig, as relações filogenéticas sempre possuem a mesma estrutura: uma espécie ancestral sofre cisão e origina duas novas espécies (espécies-irmãs). Tal estrutura deve-se ao fato de que, na Sistemática Filogenética, o surgimento de novas espécies sempre é fruto das cisões cladogenéticas.

Vale notar que a referida estrutura torna as relações filogenéticas passíveis de representação hierárquica. Nessa representação, cada espécie origina-se de uma determinada espécie ancestral, possuindo também uma espécie-irmã. O grupo formado pelas três espécies possui, ele mesmo, uma espécie ancestral. Ele forma com elas um grupo mais abrangente, o qual também possui uma espécie ancestral e assim por diante. Frente a esse raciocínio, Willi Hennig entende que cada táxon superior “inclui uma espécie ancestral e todas as suas espécies descendentes” (HENNIG, 1966, p. 73). O entomólogo alemão chama de *grupo monofilético* todo táxon superior que satisfaz essa definição (FIG. 4). Segundo ele, para construirmos uma classificação estritamente genealógica, nenhuma espécie pode ser classificada fora do táxon superior que contenha sua espécie ancestral mais recente. Isso porque, caso contrário, estaríamos desconsiderando a história evolutiva da espécie, isto é, suas relações estritamente filogenéticas.

Esse último ponto fica mais claro mediante a comparação dos grupos monofiléticos com os *grupos parafiléticos* e *polifiléticos*. Chama-se de “grupos parafiléticos” aqueles táxons superiores que reúnem uma espécie ancestral e apenas alguns de seus descendentes (WILEY; LIEBERMAN, 2011, p. 9) (FIG. 4). Um exemplo deles seria o grupo dos répteis discutido anteriormente (FIG. 2). Como vimos, esse grupo envolve crocodilos, lagartos e cobras, além do suposto ancestral comum mais recente entre eles. Esse grupo exclui, entretanto, um descendente do mesmo ancestral: as aves. Podemos dizer então que os répteis formam um grupo parafilético e, como tal, não são agrupados em termos *estritamente* genealógicos. Por isso, eles não fazem parte da classificação biológica aos moldes da Sistemática Filogenética. Já os grupos polifiléticos não podem sequer ser considerados *genealógicos*. Tais grupos reúnem espécies, mas deixam de lado seus ancestrais comuns (FIG. 4). Nesse sentido, eles abrem mão das relações filogenéticas e fiam-se apenas no critério de similaridade qualitativa para formar táxons superiores. Se a classificação é feita com base na similaridade, nada nos impede de agrupar espécies cujo ancestral comum mais recente está fora do grupo. Nada nos impede de incluir, por exemplo, as espécies de baleias – tradicionalmente incluídas na classe dos mamíferos – dentro da classe de peixes. Entretanto, a classe resultante dessa inclusão deixa de fora o ancestral comum mais recente entre as baleias e os peixes, a saber: algum tipo de vertebrado primitivo. Essa classe deixa de fora também inúmeros outros descendentes do mesmo ancestral, como os anfíbios e demais vertebrados. Por isso, essa classe que reúne peixes e baleias é polifilética e não pode ser validada pela Sistemática Filogenética.

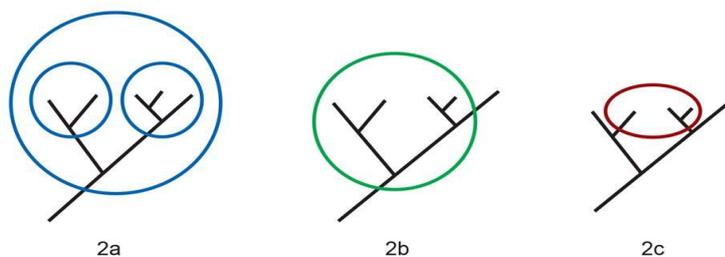


FIGURA 4 – Modos de agrupamento dos táxons superiores. (a) Grupos monofiléticos, (b) grupos parafiléticos, e (c) grupos polifiléticos.

2.2.3 Espécies biológicas

Foi dito que a Sistemática Filogenética prima por uma classificação histórica, agrupando os organismos a partir de suas relações genealógicas. Entretanto, essa afirmação precisa ser compreendida à luz das diferentes relações causais que compõem o sistema hennigiano: relações ontogenéticas, tocogenéticas e filogenéticas. Talvez a relação causal de natureza genealógica mais evidente seja aquela que agrupa espécies em táxons superiores: as relações filogenéticas. Nós podemos dizer que essas relações agrupam espécies a partir dos pontos de cisão cladogenética, já que tais pontos marcam a extinção de uma espécie ancestral para a geração de duas espécies-irmãs (FIG. 1a). A cisão cladogenética representa eventos de especiação. Assim sendo, a sistemática filogenética assume que duas espécies devam ser agrupadas se e somente se forem originadas da mesma cisão cladogenética (ERESHEFSKY, 2001, p. 67). Essa cisão indica a existência de um ancestral comum recente (agora extinto) que especiou e deu origem a duas espécies-irmãs, formando com elas um grupo monofilético. Por isso, podemos concluir que a formação de grupos monofiléticos baseia-se exclusivamente na reconstrução das relações filogenéticas (i.e., dos pontos de cisão) entre as espécies. Tais relações são genealógicas, pois levam em consideração a história dos táxons.

Daqui para frente o interesse da nossa dissertação restringe-se às espécies biológicas, as quais foram descritas por Willi Hennig (1966, p. 18) como grupos de organismos em relações tocogenéticas¹⁶. Assim sendo, cabe perguntar: será que tais relações fazem da classificação das espécies algo estritamente genealógico?

¹⁶ Nosso trabalho restringe-se à caracterização que Hennig oferece das espécies biológicas. Atualmente, existem diferentes conceitos de espécie em disputa no contexto da Sistemática Filogenética, mas não nos adentraremos nessa querela (WHEELER, MEIER, 2000). Por outro lado, considerando o nível de generalidade da nossa argumentação (ver seção 1.3.2), é provável que ela se aplique a inúmeros conceitos de espécie no referido contexto.

Lembre-mo-nos de que relações toco-genéticas são relações reprodutivas e, como tais, articulam os organismos em linhagens particulares. Sendo palco de relações toco-genéticas, as espécies são compostas por linhagens interligadas historicamente e possuem natureza genealógica. Elas são entidades que conectam organismos ao longo de gerações e existem enquanto segmentos contínuos no intervalo entre dois processos sucessivos de cladogênese (HENNIG, 1966, p. 63). Nesse intervalo, as relações toco-genéticas funcionam como *nexos causais* que conectam as diferentes gerações dos organismos que compõem cada espécie. A ruptura desses nexos causais é o acontecimento por trás de toda cisão cladogenética. Ele faz com que duas novas relações toco-genéticas diferentes possam ser instituídas, gerando as duas espécies-irmãs. Por isso mesmo, podemos dizer que tal acontecimento marca o fim da espécie ancestral¹⁷.

As relações toco-genéticas desempenham um papel na classificação das espécies. Somos levados a pensar que diferentes organismos pertencem a uma mesma espécie se e somente se pertencerem a uma mesma teia de relações toco-genéticas (FIG. 3). Essas relações figuram, portanto, como critérios para o agrupamento dos organismos em espécies, as quais podem ser discutidas em duas dimensões diferentes: a dimensão diacrônica e a dimensão sincrônica¹⁸. A primeira dimensão diz respeito à relação estabelecida entre organismos que não coexistem, ou seja, que existem em diferentes períodos de tempo. Qual é o critério para agrupar organismos que não co-existem em uma mesma espécie? Por exemplo, poderíamos perguntar por que Charles Darwin e Daniel Dennett fazem parte da mesma espécie. Uma resposta nos moldes da Sistemática Filogenética seria dizer que ambos os organismos fazem parte de um mesmo emaranhado de linhagens articuladas que persistem no tempo entre dois determinados pontos de cisão cladogenética, tendo origem e um fim únicos na história evolutiva. Nessa dimensão diacrônica, a classificação das espécies é claramente genealógica. A classificação depende das relações históricas estabelecidas por organismos ao longo do tempo, independentemente do quão similar eles possam ser.

Em uma dimensão sincrônica, o critério de classificação das espécies deve indicar o porquê de organismos coexistentes pertencerem à mesma espécie. Esse critério não envolve, por definição, qualquer menção ao tempo. Por exemplo, o que faz de Daniel Dennett e Saul Kripke membros de uma mesma espécie? Parece-nos lícito dizer que uma resposta para essa questão precisa mencionar o fato de que espécies são “*comunidades reprodutivas*” (HENNIG, 1966, p. 65). Segundo Hennig,

¹⁷ Podemos dizer que espécies são *metalinagens*: elas compõem-se de inúmeras linhagens individuais que se entrecruzam em vários pontos, linhagens que estabelecem a continuidade temporal da espécie como um todo, desde o evento de especiação que iniciou sua primeira linhagem até o evento de especiação (ou extinção) que rompeu as relações toco-genéticas ocorridas em seu interior. O rompimento das relações toco-genéticas impede que linhagens individuais se interliguem no interior da metalinagem.

¹⁸ É comum na literatura afirmar que relações toco-genéticas são diacrônicas e não sincrônicas (MISHLER; THERIOT, 2000, p. 44). Apesar disso, entendemos que aspectos sincrônicos possam ser auferidos dessas relações, em particular devido ao seu apelo à capacidade de reprodução.

uma espécie é tal que seus organismos coexistentes devem ter a *capacidade* de estabelecer relações reprodutivas. Eles formam populações que, apesar de espacialmente dispersas, poderiam em princípio trocar material por meio do intercruzamento de seus organismos¹⁹. Essa capacidade pode ser usada como critério de classificação dos organismos que existem em um mesmo instante de tempo: a cada “instante” temporal, pertencerão à mesma espécie aqueles organismos capazes de intercruzamento. Note que essa perspectiva sincrônica não se interessa *por definição* pela genealogia das espécies, pois “isola” cada instante de tempo que compõe essa genealogia para pensar o que faz os organismos coexistentes, em cada um desses instantes, pertencerem à mesma espécie. Por outro lado, essa perspectiva continua fiel à natureza genealógica da Sistemática Filogenética. Em especial, relações tocogenéticas são *relações causais* e não fazem apelo à similaridade qualitativa, mas sim à capacidade reprodutiva dos organismos. Essas relações são responsáveis por produzir a genealogia entre organismos na dimensão diacrônica, gerando o padrão de uma “rede” ou “teia” de linhagens que se estende continuamente no tempo. Nesse sentido, as dimensões diacrônica e sincrônica são complementares e determinam relações genealógicas²⁰.

Essas observações estão em consonância com o que vimos nas seções anteriores. Foi dito que a similaridade qualitativa desempenha um papel importante no Feneticismo e na Taxonomia Evolutiva, mas não na Sistemática Filogenética. Essa escola encarna aquilo que Ereshefsky (2001) chamou de abordagem histórica da classificação, valendo-se de relações causais para classificar os organismos. Por esse motivo a Sistemática Filogenética se opõe ao essencialismo e à análise *cluster*, abordagens fundamentadas na similaridade qualitativa. Como veremos agora, essa similaridade balizou a compreensão das espécies como exemplos de *tipos naturais* pela tradição filosófica. Essa tradição encontra-se em apuros tão logo adotemos a perspectiva da Sistemática Filogenética, podendo nos levar a crer que as espécies não são tipos naturais, mas *indivíduos*.

¹⁹ Podemos ter o impulso de relacionar essa caracterização das espécies com o chamado conceito biológico de espécies proposto por Ernst Mayr, segundo o qual “espécies são grupos de populações que, de modo atual ou potencial, cruzam entre si e estão reprodutivamente isoladas de outros tais grupos” (MAYR 1982, p. 273). Esse impulso deve ser contido. Segundo Hennig, sua caracterização das relações tocogenéticas não se restringe necessariamente a espécies com reprodução sexuada (embora isso seja alvo de controvérsias) e resolve outra limitação do conceito de Mayr: a desconsideração da espacialidade (HENNIG, 1966, p. 45). Hennig afirma que o conceito de Mayr não leva em conta que diferentes organismos da mesma espécie podem ter sua capacidade de cruzamento reduzida devido à gradativa distância espacial entre eles. A ruptura entre a proposta de Hennig e de Mayr também está ligada ao tema da delimitação das espécies no tempo. Isso porque o conceito de Mayr não busca delimitar as espécies no tempo e, portanto, não oferece uma resposta sobre quando começa e termina uma espécie. Para Hennig seria fundamental oferecer tal resposta, o que ele faz mediante a ideia de que espécies existem entre dois pontos de cisão cladogenética consecutivos.

²⁰ Deve-se ter em mente que, apesar de genealógicas, as relações tocogenéticas possuem um padrão bastante diferente das relações filogenéticas. Enquanto as primeiras estabelecem-se na forma de reticulações (relação muitos-muitos), as segundas ocorrem na forma de ramos divergentes (relação um-muitos). Evitamos qualificar as relações tocogenéticas como estritamente genealógicas no intuito de enfatizar essa diferença e também reforçar a natureza reprodutiva de tais relações. Voltaremos a discutir a diferença entre tocogenia e filogenia no último capítulo.

2.3 Tipos naturais

Uma longa tradição em filosofia concebe as espécies biológicas como agrupamentos naturais, independentes de convenções ou práticas sociais que possam influenciar sua classificação (HACKING, 1991; BOYD, 1991). Muitas vezes recuada até Platão e Aristóteles, essa tradição assume que os táxons de espécies são delimitados por características do mundo natural. Eles seriam demarcados por conjuntos de características reunidas naturalmente, representando, portanto, certas divisões naturais entre os seres. Cada espécie seria um grupo de organismos com características naturais comuns, um grupo *feito* pela própria natureza.

Essa caracterização inicial de agrupamentos naturais pode ser entendida mediante algumas comparações. Em primeiro lugar, eles contrapõem-se a *agrupamentos artificiais*. Um conjunto de cadeiras é composto por objetos que possuem características em comum, mas tais características são artificiais no sentido de terem sido produzidas pelo homem. Esse conjunto não captura, portanto, uma divisão da natureza. Em segundo lugar, grupos naturais distinguem-se de *agrupamentos inteiramente convencionais*. O conjunto formado por plantas ornamentais compõe-se de organismos que partilham certas características naturais. Entretanto, “ser ornamental” é uma propriedade convencionalizada pelo homem, dependente dos nossos interesses práticos e de aspectos sócio-culturais²¹. Por fim, uma terceira comparação mostra-se útil: além das espécies biológicas, os elementos químicos também são tidos como grupos naturais (ERESHEFSKY, 2008). Por exemplo, o elemento “ouro” seria um grupo natural formado por diversos materiais dotados de certas características naturais em comum. Parece razoável dizer que suas características existem e se inter-relacionam independentemente dos nossos interesses práticos. Se espécies também são tipos naturais, seu caráter natural também não depende de nós.

Em *A system of logic* (1884), John Stuart Mill introduz o conceito de “tipos” para denotar o que até aqui se chamou de agrupamentos ou grupos naturais²². Esse conceito foi expandido por John Venn (1866), que cunhou o termo “tipos naturais” (*natural kinds*). Segundo o filósofo Ian Hacking (1991), nesse período o interesse da discussão sobre tipos naturais era lidar com o chamado *problema da indução*. Dado que os membros de um tipo natural possuem muitas características em

²¹ A distinção entre grupos naturais, artificiais e convencionais é útil em uma primeira aproximação, mas não é instrutiva em muitos casos. Não precisamos afirmar – mesmo de um ponto de vista realista – que grupos naturais são independentes de interesses humanos (ver DUPRÉ, 1993).

²² Até aqui optamos por usar os termos “grupo”, “classe” e “tipos naturais” indistintamente, pois fazíamos referência a uma ideia genérica de agrupamentos na classificação. A partir de agora, com a definição de “tipos naturais”, a natureza precisa desses agrupamentos será discutida no contexto filosófico. Não mais utilizaremos os termos “grupo” e “classe”.

comum, pode-se sugerir que o conhecimento do tipo nos habilita a fazer generalizações indutivas sobre as características desses membros. Assim sendo, evocar tipos naturais pode ser uma maneira de justificar porque o próximo pedaço de ouro a ser encontrado terá características já observadas em outros pedaços de ouro. O problema da indução consiste justamente na tentativa de fornecer uma justificativa para esse tipo de raciocínio inferencial.

Voltaremos à epistemologia dos tipos naturais no próximo capítulo. Por hora, nosso interesse é estritamente ontológico. Interessa-nos discutir a ontologia dos tipos naturais a fim de compreender sua adequação à ontologia das espécies na Sistemática Filogenética. Nesse sentido, cabe-nos perguntar qual é o fundamento ontológico a partir do qual os membros dos tipos naturais partilham características naturais em comum. O que faz com que, por exemplo, a espécie *Homo sapiens* agrupe organismos dotados de diversas características naturais?

2.3.1 Essencialismo de tipo

Um olhar retrospectivo sobre a longa tradição filosófica dos tipos naturais revela uma resposta dominante para a questão ontológica acima. Como apontam inúmeros autores, essa resposta assume que os tipos naturais são definidos por *essências* (SOBER, 2000; OKASHA, 2002b). Tais essências determinam a natureza dos tipos naturais, revelando o que faz de cada um deles um tipo natural específico. Além disso, elas estabelecem as condições necessárias e suficientes a partir das quais objetos particulares pertencem aos tipos, trazendo à tona a pergunta pelo *critério de identidade* dos tipos naturais: o que faz com que as instâncias de um tipo natural sejam instâncias *desse* tipo natural e não de qualquer outro?²³ Se aceitarmos o essencialismo, seremos levados a dizer que Daniel Dennett é um membro de *Homo sapiens* e não de qualquer outra espécie porque possui a essência própria da nossa espécie. Manter essa essência é condição necessária e suficiente para que Daniel Dennett pertença a *Homo sapiens*, a despeito das mudanças que ele possa sofrer com o tempo.

A visão de que tipos naturais possuem essências é denominada *essencialismo de tipo* (WILSON *et al*, 2009, p. 3). Essa visão entende que as essências do tipo são características

²³ Os critérios de identidade desempenharão importante papel nesta dissertação. Não obstante, entendemos que aqui eles podem ser tratados de maneira neutra, sem nos obrigar a assumir posições consagradas no debate metafísico sobre identidade. Nosso interesse será apontar tão somente como a teoria essencialista dos tipos naturais, a tese de que espécies são indivíduos e a Sistemática Filogenética relacionam-se a determinados critérios de identidade, independentemente (i) da discussão sobre como esses critérios podem ser logicamente formulados (LOWE, 1989) e (ii) da discussão sobre se esses critérios devem ser tratados de modo *dependente de conceitos sortais* (GEACH, 1957).

qualitativas, intrínsecas e comuns aos seus membros, o que equivale a dizer que elas são propriedades não relacionais presentes na constituição física de cada um dos membros do tipo. Outro aspecto acerca das essências é que elas possuem *poderes causais*, no sentido de que têm a capacidade de influenciar ou mesmo produzir diversas outras propriedades dos objetos (ERESHEFSKY, 2001, p. 17)²⁴. Se todos os membros do tipo natural possuem a mesma essência, então é de se esperar que eles tenham muitas propriedades em comum. Por isso mesmo, deve-se fazer recurso às essências, a fim de explicar as propriedades que objetos do mesmo tipo têm em comum.

Retomemos o exemplo do ouro para ilustrar o essencialismo de tipo. É comum definir o tipo natural ouro por meio de sua estrutura atômica, tomando-a como sua essência (SOBER, 2000, p. 146). No caso, a propriedade “ter número atômico 79” é a escolhida como essencial. Essa propriedade é qualitativa, não relacional e existe de modo concreto na estrutura física de cada pedaço ou objeto composto de ouro. Possuí-la é condição necessária e suficiente para algo no mundo ser considerado uma instância do tipo ouro, não importa seu tempo ou lugar. A essência do ouro é responsável, por exemplo, pelos graus de maleabilidade e densidade próprios desse elemento químico. Ela influi sobre diversas características auríferas. Nesse sentido, essa essência explica porque determinados materiais e objetos no mundo possuem essas mesmas características, as quais passam a ser consideradas “típicas” dos membros do tipo natural. A similaridade entre esses membros deve-se, portanto, à atuação causal de uma mesma essência. É esta que fundamenta ontologicamente a divisão natural que capturamos com o termo “ouro”. Dito isso, deve-se admitir que se espécies biológicas são tipos naturais, então elas possuem essências qualitativas, intrínsecas e comuns aos seus membros. Por exemplo, *Homo sapiens* precisa ser definido por essências não relacionais, internas a cada ser humano. Suponhamos que tais essências correspondam a uma sequência de DNA XYZ. Possuir XYZ é o que faz de Daniel Dennett, Charles Darwin e Saul Kripke membros de nossa espécie. É ela que causa e explica diversas propriedades que esses seres possuem ou possuíam em comum com outros seres humanos.

No último século, o essencialismo dos tipos naturais ganhou evidência pelos trabalhos de Kripke (1980) e Putnam (1975) em filosofia da linguagem. Curiosamente, na mesma época ele foi abandonado por muitos teóricos e filósofos da biologia, a ponto de hoje se falar em um “*consenso*

²⁴ A relação causal entre as essências e as outras propriedades dos objetos não se estende no tempo, mas é simultânea. Isso pode sugerir que o termo “causal” é equivocadamente empregado. Optamos por manter esse uso, pois o mesmo está presente na literatura que discute o essencialismo em filosofia da biologia. (ERESHEFSKY, 2001; OKASHA, 2002b). Fazemos, portanto, o adendo de que esse uso seria controverso em discussões clássicas sobre causalidade, dado que, nesse contexto, a relação entre causação e tempo é matéria de grande debate. (LEWIS, 1979).

antiessencialista” (OKASHA, 2002b). A ideia de que as espécies possuem essências qualitativas tem sido recusada veementemente e a base dessa recusa se situa na própria teoria evolutiva.

Grosso modo, podemos resumir as críticas ao essencialismo em duas grandes linhas argumentativas. Em uma primeira linha, teóricos dizem que a evolução indica que *não é provável* que se encontre um conjunto de caracteres que responda pela essência de uma espécie (HULL, 1965; ERESHEFSKY, 2001). Suponhamos que, por exemplo, alguém queira identificar a essência da espécie humana com a sequência de DNA XYZ. Para contar como essência, essa sequência precisa estar presente em cada ser humano que já existiu, que existe e que existirá. Isso significa que a nossa espécie precisa reter tais características por toda sua existência, ou seja, desde o evento cladogenético que a iniciou até sua extinção. Porém, isso não basta, uma vez que XYZ também não pode estar presente em nenhum organismo não humano ao longo de toda história do planeta (ERESHEFSKY, 2001, p. 98). A dificuldade em aceitar tal possibilidade reside no fato de que a evolução prevê que todo e qualquer caráter está sujeito à variação. A evolução não “isola” alguns caracteres no sentido de impedir com que eles sofram variação no interior de uma espécie. Ademais, investigações empíricas indicam que a variabilidade é de fato um fenômeno pervasivo no mundo natural. Dificilmente encontraríamos a sequência XYZ em todos os organismos que os cientistas *concordam em chamar de humanos*.

Em uma segunda linha de argumentação, Ernst Mayr (1959) e Elliott Sober (1980) entendem que a evolução torna a postulação de essências algo *desnecessário*. Sober afirma que o essencialismo busca caracterizar os grupos naturais apenas em termos das propriedades individuais dos seus membros (SOBER, 1980, p. 332). Nesse raciocínio as essências são importantes enquanto uma maneira de explicar o que torna os organismos membros de uma mesma espécie. Com o darwinismo, entretanto, as espécies são tidas como fenômenos populacionais sujeitos a forças e processos causais que não são a mera soma das forças e processos que acometem cada organismo isoladamente (SOBER, 1980, p. 344). Torna-se problemático querer explicar a formação e característica das espécies através de propriedades individuais, na medida em que tal formação e característica são resultados de relações entre indivíduos, isto é, de atividades populacionais. Esse modo de conceber as espécies está vinculado ao que Ernst Mayr chamou de *pensamento populacional*:

[...] todos os organismos e fenômenos orgânicos são compostos de características únicas e podem ser descritos coletivamente apenas em termos estatísticos. Indivíduos, ou qualquer tipo de entidade orgânica, formam populações das quais é possível determinar apenas a média aritmética e as estatísticas de variação (Mayr, 1975, p. 326).

Segundo Mayr, espécies não são formadas a partir de uma essência presente em seus organismos. Por isso mesmo, tais organismos não devem ser tratados como produtos – cópias – da essência, mas sim como entidades dotadas de caracteres únicos e variáveis. A composição orgânica de uma espécie formada por esses organismos só pode ser pensada em termos estatísticos. Essa composição deve ser retratada a partir do cálculo de *todos* os caracteres orgânicos, sejam eles variáveis ou não. Nesse sentido, é importante notar que estamos diante de outro modo de conceber a variabilidade orgânica. Para o essencialismo, só as essências tinham papel causal e explicativo, sendo responsáveis pela formação e caracterização da espécie. Os caracteres variantes eram interpretados como “desvios”, como resultados da interferência de certas forças “desviantes” sobre a esperada ação causal das essências (SOBER, 1980, p. 339). Mas o pensamento populacional não aceita que existam caracteres privilegiados (essências) que expliquem o que há de comum entre organismos a ponto de formarem uma espécie. Sem esse privilégio, não há por que dizer que os poderes causais de alguns caracteres “essenciais” devem produzir algo que é considerado “típico”, enquanto quaisquer outras forças causais produzem algo que é “desviante”. A composição fenotípica e genotípica dos organismos é fruto de diversas forças causais e nenhuma delas pode ser descartada quando estamos explicando a formação e composição das espécies.

2.3.2 Estatuto ontológico

O essencialismo de tipo choca-se com a abordagem histórica da classificação que figura no núcleo da Sistemática Filogenética. Isso ocorre na medida em que o essencialismo define as espécies em termos de propriedades qualitativas. Essas propriedades determinam, por exemplo, que Charles Darwin é um membro de *Homo sapiens* e que todos os outros membros dessa espécie terão um conjunto necessário de caracteres comuns, como a sequência de DNA XYZ. Essa sequência é responsável pela *identidade* da espécie na perspectiva do essencialismo de tipos naturais, que pode ser assim formulada:

Identidade das espécies na tradição essencialista: um organismo P é uma instância da espécie Q se e somente se possuir a essência qualitativa XYZ²⁵.

²⁵ Nós optamos por formular os critérios de identidade utilizando o bicondicional “se é somente se”, mas entendemos que eles podem ser facilmente reformulados em termos contrafactuais, com ou sem o uso da semântica de mundos possíveis. Por limitações de espaço, nós evitamos discussões acerca da formulação e formalização desses critérios.

O choque entre as abordagens essencialista e histórica pode ser agora colocado de outra maneira. Uma vez que o essencialismo só trata de propriedades *qualitativas*, pode-se dizer que seu critério de identidade para as espécies está vinculado à noção de *similaridade qualitativa*. Garantir a identidade de uma espécie implica identificar certo grau de similaridade entre seus organismos, dado que estes partilham essências comuns, ou seja: organismos P e L são instâncias da mesma espécie Q se e somente se ambos possuírem a essência XYZ. Nesse sentido, nota-se um aspecto comum entre o essencialismo e a escola fenética de classificação: ambos consideram a similaridade não um *diagnóstico* de relações causais que classificam as espécies, mas sim o objetivo que guia sua classificação. Um essencialista de tipo pode até aceitar que espécies são compostas por linhagens, mas ele nunca aceitará que relações causais delimitam as espécies. Um adepto do feneticismo também não delimita as espécies através de sua história, mas sim através da similaridade global. Mas se espécies são formadas a partir das relações tocogenéticas, como prescreve a Sistemática Filogenética, então a similaridade qualitativa não cumpre o papel ensejado por essencialistas e feneticistas. Isso fica ainda mais claro quando caracterizamos a identidade das espécies na Sistemática Filogenética. Em uma primeira aproximação, ela poderia ser assim formulada:

Identidade das espécies na Sistemática Filogenética: um organismo P é uma instância da espécie Q se e somente se fizer parte de uma rede de relações tocogenéticas R.

Lembremo-nos que essa rede existe no intervalo entre dois eventos cladogenéticos. Organismos formam linhagens individuais, as quais se interconectam dado o contato reprodutivo entre seus organismos. Tão logo a rede tocogenética for rompida, a espécie Q deixa de existir e duas novas redes são formadas. Por isso mesmo, a querela entre abordagem histórica e abordagem essencialista parece-nos guardar em seu cerne um problema fundamental: afinal, qual é o critério de identidade das espécies biológicas? Sendo este critério causal no contexto da Sistemática Filogenética, como a tradição dos tipos naturais pode acomodá-lo? Tais perguntas expressam a problemática que norteia esta dissertação. Interessa-nos saber se a tradição dos tipos naturais faz jus à natureza tocogenética (e, em especial, genealógica) das espécies biológicas na Sistemática Filogenética. Ainda que recusemos o essencialismo, parece que na base dessa tradição está o vínculo entre tipos naturais e a abordagem qualitativa de classificação. Pode-se questionar, então, se essa vinculação é constitutiva da noção mesma de tipos naturais ou pode ser desfeita em alguma medida. Caso seja constitutiva, a recusa da abordagem qualitativa leva à recusa da tese de que

espécies são tipos naturais no contexto da Sistemática Filogenética. Caso possa ser desfeita, resta o desafio de reformular o conceito de tipos naturais a ponto de acomodar o caso das espécies. Seja qual for a opção adotada, é certo que a tradição dos tipos naturais deve ser posta em escrutínio e que a grande aceitação da Sistemática Filogenética na atualidade torna-o urgente.

Desde a década de 1960, período em que se acirrava o debate entre as escolas de classificação e o essencialismo começava a sucumbir, filósofos da biologia passaram a discutir a adequação do conceito de tipos naturais às espécies biológicas (GHISELIN, 1974; HULL, 1976 e 1978; KITTS & KITTS, 1979). Essa discussão ganhou a alcunha de “o problema do estatuto ontológico das espécies biológicas”, partindo de uma pergunta bastante geral: que tipo de entidade as espécies são? Afinal, elas são tipos naturais ou o quê? Grosso modo, esse problema visa identificar uma categoria metafísica – em um rol de categorias possíveis que tradicionalmente inclui tipos naturais, processos, relações e indivíduos – capaz de retratar o que é ser uma espécie²⁶. A categoria adequada deve acomodar características gerais que atribuímos às espécies biológicas, refletindo um modo bastante amplo de se pensar sobre elas em meio a outros tipos de entidades que podem povoar nossa ontologia ou distinções ontológicas (RICHARDS, 2010, p. 145). Entendemos que uma dessas características gerais é justamente o *critério de identidade* das espécies biológicas: qual categoria pode retratar o fato de que relações tocogenéticas determinam a identidade delas? Se a identidade das espécies depende das relações tocogenéticas, qual seria a categoria ontológica que melhor captura essa característica? Frente a tais questões, nós assumimos que parte substancial das discussões acerca do estatuto ontológico das espécies possui como pano de fundo uma disputa em torno de diferentes critérios de identidade.

O problema do estatuto ontológico é um problema metafísico, pois se ocupa com a compreensão da realidade por meio de categorias abstratas (RICHARDS, 2010, p. 146). Trata-se de caracterizar aquilo que existe, o que aceitamos em nossa ontologia ou na ontologia de teorias científicas, como exemplificando certo tipo de entidade. Isso nos permite ter uma visão global da ontologia, isto é, das relações entre as entidades e suas características. Entretanto, não significa que o problema do estatuto ontológico das espécies esteja às voltas com uma metafísica puramente especulativa. Por um lado, é patente que o problema possui irreduzível carga teórica, lidando com categorias e propriedades gerais no intuito de organizar nosso entendimento das espécies biológicas. Ele não pode ser resolvido em termos estritamente empíricos, sem levarmos em conta outros aspectos que circundam aquelas categorias e propriedades (HULL, 1976, p. 175). Por outro lado,

²⁶ Assim colocado, pode se alegar que o estatuto ontológico das espécies não pode ser colocado apenas em termos da dicotomia entre tipos naturais e indivíduos. Poderia haver outras opções em jogo. Não descartamos essa possibilidade, mas entendemos que no contexto da Sistemática Filogenética as categorias de tipos naturais e indivíduos são as candidatas mais bem desenvolvidas.

esse mesmo problema não pode ser resolvido sem que tenhamos a ciência, suas teorias e resultados empíricos, como base. Os filósofos que participam desse debate não se interessam pelo modo como espécies são referidas em contextos ordinários (*folk biology*). Ao contrário, eles buscam categorizar as espécies tendo em vista o que a ciência nos diz sobre elas. Isso é patente nas palavras de David Hull, para quem a noção de “espécie” é um termo teórico tal como “elétron” e diversos outros. Segundo esse filósofo, os compromissos ontológicos suscitados por “espécie” vinculam-se às teorias científicas nas quais figuram (HULL, 1989, p. 91)²⁷.

Por fim, podemos dizer também que o problema do estatuto ontológico tem como uma de suas motivações a própria ciência: ele pretende auxiliar na identificação de como nossos compromissos ontológicos e teóricos em geral podem mudar com o contexto científico. Como será visto no restante do capítulo, a tese “espécies-como-indivíduos” tem precisamente essa motivação como pano de fundo. Busca-se compreender como o estatuto ontológico das espécies mudou no contexto de uma teoria evolutiva e seus desdobramentos (GHISELIN, 1974; HULL, 1976, 1978 e 1989). Ao apresentar qual seria essa mudança, nosso interesse é mostrar como ela é uma escolha “natural” para os adeptos da Sistemática Filogenética e representa, enfim, uma ruptura com a tradição dos tipos naturais.

2.4 Indivíduos

A tese de que espécies são indivíduos possui uma história mais longa do que aquela muitas vezes sugerida (RIEPEL, 2008). No cenário contemporâneo, todavia, ela é associada aos trabalhos de Michael Ghiselin (1974, 1987, 1997), David Hull (1976, 1977, 1978) e de Willi Hennig (1966). Nossa dissertação enfatiza a versão proposta por David Hull, julgando os argumentos desse autor mais refinados do ponto de vista filosófico (DUPRÉ, 1993, p. 270). Antes de discutimos a argumentação de Hull, cabe fazer algumas breves observações gerais sobre a tese.

Michael Ghiselin sublinha um traço semântico ligado à individualidade. O biólogo entende que os termos que utilizamos para nos referir a indivíduos não possuem *intensão*, ou seja, não

²⁷ Nesse sentido, o debate acerca do estatuto ontológico das espécies almeja descrever e esclarecer compromissos ontológicos já assumidos no interior das teorias científicas. Se esse esclarecimento abrirá novas possibilidades conceituais para as teorias e influenciará de maneira direta a prática científica, isso é outra questão. Todavia, vale frisar que esse debate está interligado com outras questões envolvendo espécies biológicas, formando um complexo de problemas cuja interpenetração é de difícil mensuração. Não há dúvida de que esse “pacote” de questões influencia diretamente a prática científica e inspira alterações teóricas substanciais, como é o exemplo da proposição da substituição do sistema de classificação linneana pelo chamado Phylocode (DE QUEIROZ; GAUTHIER, 1994).

evocam propriedades do referente na ocasião do seu uso (GHISELIN, 1974, p. 537). Embora os indivíduos tenham propriedades características, seus nomes não são portadores de quaisquer propriedades intensionais. Ghiselin também não supõe que a referência do nome ao indivíduo seja feita pela mediação dessas propriedades, no sentido de que estas funcionariam como condições necessárias e suficientes para a aplicação correta do termo. Em resumo, o significado dos nomes não é *composto* por propriedades e sua referência não é *fixada* por meio da satisfação dessas propriedades. Os termos que denotam indivíduos são nomes próprios e teriam uma definição ostensiva: seu significado é a própria coisa a que se referem. Sua referência seria fixada por meio de uma cadeia histórico-causal de comunicação que remonta ao emprego original do termo, quando se vinculou pela primeira vez o nome ao objeto.

Visto por este ângulo, o debate sobre individualidade aproxima-se dos primeiros desenvolvimentos da teoria causal da referência de nomes próprios (PUTNAM, 1975, KRIPKE, 1980). Michael Ghiselin trata a distinção entre indivíduos e tipos naturais opondo duas maneiras de *referir*: a primeira, utilizando nomes próprios, seria uma maneira direta; a segunda, utilizando termos gerais, seria mediada por intensões. David Hull incorpora essa oposição, mencionando explicitamente aos trabalhos de Kripke e Putnam. O filósofo lembra-nos que Kripke almejava estender sua teoria causal para termos gerais (i.e., tipos naturais), extensão da qual Hull não partilhava (HULL, 1976, p. 179). Assim, Hull enfatiza que tipos naturais ainda seriam referidos de modo intensional.

Uma segunda observação vale destaque. David Hull admite que uma das motivações centrais para distinguirmos indivíduos e tipos naturais está no papel que cada uma dessas categorias desempenha na ciência (HULL, 1978, p. 364). Em especial, ele afirma que as leis científicas predicam de tipos naturais, mas não de indivíduos. Estes recaem sobre leis justamente por serem instâncias, ou membros, dos tipos naturais. Todavia, não existem leis *sobre* indivíduos. Não existem leis *sobre* Daniel Dennett, o que não implica que esse filósofo não esteja submetido a leis científicas como a lei da gravidade. É certo que o papel diferenciado dos indivíduos e dos tipos naturais nas leis científicas supõe uma noção tradicional do que são tais leis (HULL, 1976, p. 187-188). Segundo essa noção, as leis são enunciados gerais que expressam regularidades eternas, imutáveis e independentes de condições espaço-temporais. Tais enunciados aplicam-se a todas as instâncias (passadas, presentes e futuras) do tipo natural predicado, para todo tempo e lugar. Como veremos a seguir, indivíduos são entidades que existem no espaço-tempo e, por isso, dependem de condições espaço-temporais. Eles existem por um período de tempo determinado, dentro do qual estão sujeitos a diversas mudanças. Isso impede que possamos expressar regularidades eternas e imutáveis *sobre* eles.

Os dois aspectos mencionados acima estão ligados à categoria metafísica de indivíduos, mas não definem sua *ontologia*. Reconhecer isso é importante, pois nos permite compreender o que realmente está em jogo na defesa de que espécies são indivíduos. Entendemos que ambos os aspectos citados *não* precisam ser evocados nessa defesa. Antes de qualquer coisa, tais aspectos parecem exigir comprometimentos teóricos duvidosos. A ideia de que a referência de tipos naturais ocorre por meio de uma semântica intensional é questionável em um contexto pós-kripkeano e pós-putnamiano. Nesse contexto a semântica dos tipos naturais é frequentemente vinculada a teorias da referência direta, a qual também serve de base para a semântica dos indivíduos (SOAMES, 2002). Assim, seria bastante temerário basear a defesa da tese “espécies-como-indivíduos” na diferença semântica entre indivíduos e tipos naturais defendida por Michael Ghiselin e David Hull, dado que essa diferença não mais se sustenta. Vincular a discussão à problemática das leis científicas não seria menos discutível. Como dito, por trás dessa vinculação figura uma concepção estreita e mesmo questionável de leis científicas. Uma defesa da tese “espécies-como-indivíduos” baseada nessa vinculação seria frágil, pois dependeria de posições gerais acerca do que são leis científicas. Por tudo isso, tanto a questão semântica quanto a questão das leis científicas devem ser deixadas de fora quando defendemos a tese individualista. Ambas *podem* ser deixadas de fora, ao contrário da questão sobre a diferença ontológica entre indivíduos e tipos naturais envolvendo espaço-temporalidade e, talvez, coesão²⁸.

2.4.1 Indivíduos no espaço-tempo

A fim de caracterizar a ontologia dos indivíduos, David Hull (1976, p. 176) recorre ao que seriam indivíduos paradigmáticos: os organismos biológicos. Estes seriam os exemplos mais claros da individualidade sob o ponto de vista do sujeito cognoscente humano, o que faria deles um bom ponto de partida para a argumentação. A primeira característica ressaltada dos organismos é sua espaço-temporalidade. Segundo Hull,

[...] organismos apresentam-se a nós como entidades razoavelmente discretas desenvolvendo-se continuamente no espaço e tempo. Cada organismo é espaço-temporalmente localizado e, como tal, é único. Dois organismos podem ser

²⁸ Isso não significa que os aspectos semânticos e das leis científicas não possam ser desenvolvidos e levar a novos aprofundamentos da tese “espécies-como-indivíduos”. Prova disso é, como apontado anteriormente, o desenvolvimento de um novo sistema de nomenclatura denominado Phylocode (DE QUEIROZ; GAUTHIER, 1994). Esse sistema encontra na tese “espécies-como-indivíduos” um de seus fundamentos teóricos (RIEPEL, 2006).

idênticos em todas as suas características, salvo sua espaço-temporalidade, sem que sejam o mesmo organismo. (HULL, 1976, p. 170)

Organismos são entidades que existem de modo discreto no espaço e no tempo, no sentido de que, a cada instante da sua existência, é possível localizá-los e delimitá-los espacialmente. De acordo com Hull, isso implica reconhecer que a espaço-temporalidade é uma característica fundamental para a *individação* dos organismos: a partir dela podemos dizer que um organismo Y é *um único* organismo e não muitos. Por exemplo, devemos dizer que gêmeos univitelinos são dois organismos, não um só. Apesar de serem idênticos em suas qualidades, cada um dos gêmeos possui uma existência única e contínua no quadro de coordenadas espaço-temporais (HULL, 1978, p. 371). Cada um deles posiciona-se de modo bem delimitado no espaço a cada instante de tempo, existindo ininterruptamente desde seu nascimento até sua morte. Nesse sentido, é lícito afirmar que cada organismo possui uma história individual que pode ser – em princípio – reconstruída por meio do rastreamento de suas sucessivas posições espaço-temporais. Apesar de usar recorrentemente o termo *individação*, David Hull acaba chamando atenção para a relação entre espaço-temporalidade e *identidade*. Isso ocorre na medida em que existir no espaço-tempo é uma condição para que um organismo seja considerado o *mesmo* organismo. A história de cada indivíduo, constituída por suas sucessivas e contínuas localizações no espaço-tempo, é uma condição que nos permite determinar se um organismo observado em determinado instante é o mesmo organismo observado em um instante posterior. Torna-se necessário aprofundar nesse ponto.

Vale ressaltar que *individação* e *identidade* são conceitos diferentes, apesar de guardarem certa relação entre si (LOWE, 2003). Enquanto o primeiro trata das condições que tornam uma entidade individual *um único e determinado indivíduo*, o segundo trata das condições que tornam uma entidade *a mesma entidade e diferente das outras*²⁹. A *individação* trata do modo como um indivíduo satisfaz as condições para ser um indivíduo e as condições que o tornam precisamente o indivíduo que ele é. Por outro lado, a *identidade* é a relação que uma entidade – não necessariamente individual – guarda consigo mesma a ponto de dizermos que ela é *numericamente* a mesma entidade.

Para entendermos melhor a relação entre espaço-temporalidade e identidade é necessário aludir a uma distinção já apresentada anteriormente. Trata-se da distinção entre dimensão diacrônica e dimensão sincrônica. Ao falarmos das espécies, nós apresentamos como as relações tocogenéticas

²⁹ Lowe (2003) aponta dois sentidos básicos de “*individação*”: o primeiro, cognitivo, denota a singularização de objetos no pensamento; o segundo, metafísico, denota aquilo que faz algo ser uma única entidade e ser aquela entidade que ela é. Hull utiliza o termo *individação* no segundo sentido, embora não diga isso explicitamente. Uma maneira de demarcar a diferença entre *individação* e *identidade* é dizer que a primeira ocupa-se da diferença *um-muitos* e a segunda da diferença *mesmo-outro*.

são importantes na classificação tanto em uma dimensão quanto em outra. Agora, essa distinção é relevante para pensarmos dois tipos de critérios de identidade *envolvendo indivíduos*³⁰. Por um lado, fala-se em *identidade diacrônica* de indivíduos quando se procura estabelecer as condições que tornam um indivíduo em um instante de tempo T' idêntico ao indivíduo em um instante de tempo T". Por exemplo, o que nos garante que um leão visto atrás de uma árvore hoje é numericamente o mesmo leão visto atrás de uma árvore ontem (LOWE, 2003, p. 90)? Por outro lado, fala-se em *identidade sincrônica* quando se procura estipular as condições que tornam um indivíduo em T' idêntico ao indivíduo também em T'. Essa perspectiva fica clara se tratarmos os indivíduos a partir de suas partes componentes. Por exemplo, suponha que o leão esteja atrás de uma árvore, de modo que só consigamos enxergar sua cabeça e sua cauda. A cabeça e a cauda são partes de um mesmo organismo? O leão que possui a cabeça observada é o mesmo leão que possui a cauda observada? A relação entre as duas partes (cabeça e cauda) é determinante para dizermos que se trata de um *mesmo* indivíduo em dado instante de tempo.

Dissemos que, a cada momento, os indivíduos podem ser identificados por meio de suas respectivas posições no quadro de coordenadas espaço-temporais, o que nos permite rastrear sua história. Essa afirmação nos auxilia a entender o papel da espaço-temporalidade na identidade diacrônica dos indivíduos. Como os organismos, os indivíduos perduram continuamente no tempo desde o evento que marca seu "início" até o evento que marca seu "fim". Dessa maneira, não é o caso que um indivíduo volte à existência, ressurja. Sua morte consiste na impossibilidade *conceitual* de seu ressurgimento, indicando que a identidade diacrônica dos indivíduos depende de eles terem uma única origem e uma história irrepetível que culmina em um fim (HULL, 1978, p. 373). Nesse ponto, vale citar o exemplo de Hitler oferecido por David Hull (1978). Uma pessoa idêntica ao Führer hoje em dia não poderia ser o Hitler, a não ser que, após uma longa pesquisa, sejamos capazes de rastrear o indivíduo atual e descubramos que ele é o *mesmo* organismo que supostamente havia se suicidado em 30 de abril de 1945. Alguém genética e fenotipicamente idêntico a Hitler não é, por si só, Hitler. Resultado: a continuidade do indivíduo no espaço-tempo é o que importa para sua identidade diacrônica, não suas propriedades qualitativas. A continuidade espaço-temporal institui-se a partir de certas relações causais (no caso de organismos essa relação é ontogenética) e constitui o critério necessário e suficiente para a identidade dos indivíduos ao longo do tempo:

³⁰ Lowe (2003) discute ainda um terceiro critério de identidade: identidade entre mundos, ou seja, as condições que tornam um indivíduo no mundo atual o mesmo indivíduo em mundos possíveis próximos ao mundo atual. Entendemos que a supressão desse critério não traz prejuízos para nossa argumentação, pois ele poderia ser desenvolvido a partir dos outros dois critérios.

Identidade diacrônica dos indivíduos: um indivíduo I em T' é o mesmo indivíduo I em T'' se e somente se mantiver sua continuidade espaço-temporal entre T' e T'' por meio de relações causais.

No tocante à identidade sincrônica, somos levados a crer que cada indivíduo ocupa uma posição no espaço a um instante de tempo T'. Essa posição permite a identificação e distinção do indivíduo frente a outros indivíduos, ou pelo menos esse parece ser o caso, se investigarmos o exemplo dos organismos. Uma cabeça e um rabo são partes de um *mesmo* organismo caso estejam conectados espacialmente em um instante de tempo T'. Nesse ponto, entretanto, devemos ter cautela. David Hull (1978, p. 186) não quer sugerir que todos os indivíduos precisem ter suas partes espacialmente conectadas. Segundo ele, ao analisarmos o comportamento de alguns fungos podemos observar que a divisão espacial dos organismos nem sempre indica que eles deixaram de existir enquanto um único e mesmo organismo. Nesse sentido, a contiguidade espacial *não* é condição para a identidade sincrônica dos indivíduos. A conclusão de que a contiguidade espacial não é condição para a identidade sincrônica dos indivíduos nos impõe um dilema: afinal, qual é a importância da espaço-temporalidade para a identidade *sincrônica*, se é que existe alguma? Para responder ao dilema, adentraremos no segundo aspecto da individualidade considerada por David Hull.

2.4.2 A coesão dos indivíduos

Grosso modo, denomina-se “coesão” a característica que os indivíduos possuem ao exibirem uma unidade ou organização interna (HULL, 1976, p. 183). Essa característica é responsável pela ideia de que cada indivíduo é um “todo”, uma entidade composta por partes articuladas. Em outras palavras, ela indica que os componentes de um indivíduo estão em relação *parte-todo* com ele, de modo que a individualidade do “todo” dependa da organização entre suas partes. O caso mais intuitivo dessa coesão parece ser o dos sistemas biológicos. O corpo humano é um deles e, como tal, é composto de partes diferentes que se articulam para seu funcionamento e unidade. Coração, fígado e rins são órgãos desse corpo; eles executam funções diferentes que se organizam de algum modo e contribuem para o bom funcionamento do corpo individual. Nesse sentido, Hull apela novamente para analogias com os organismos:

Em qualquer dado instante de tempo, um organismo possui certa organização interna. Essa organização pode mudar ao longo do tempo. Por exemplo, os vários estágios do ciclo de vida das borboletas possuem poucas, quando alguma, característica fenotípica em comum, ainda assim eles são estágios do ciclo de vida de um mesmo organismo. De uma perspectiva senso comum [cognitivo humano], um indivíduo mantém-se o mesmo indivíduo frente a todas essas mudanças porque elas são graduais e porque ele mantém sua unidade e continuidade. (HULL, 1976, p. 176).

David Hull chama atenção para o fato de que, para ser ele mesmo, um organismo precisa possuir uma organização interna *a cada instante de tempo*. Hull deixa clara a diferença entre as dimensões sincrônicas e diacrônicas. Na primeira dimensão, a organização interna é responsável pela manutenção da identidade do organismo. Já na segunda dimensão, o importante é a continuidade (espaço-temporal) e o gradualismo de suas possíveis mudanças. Assim sendo, podemos dizer que a coesão é o aspecto da individualidade que figura como condição para a *identidade sincrônica* dos indivíduos para David Hull:

Identidade sincrônica dos indivíduos: um indivíduo I em T' é o mesmo indivíduo I em T' se e somente se exibir uma coesão O entre suas partes, fruto de relações causais.

Nesse ponto vale enfatizar o quão diferente a identidade dos indivíduos é da identidade dos tipos naturais. Indivíduos são compostos por partes e a coesão entre essas determina se algo é um mesmo indivíduo em um mesmo instante de tempo T'. As partes estabelecem relações causais entre si. Por sua vez, tipos naturais não possuem partes, mas *membros* (HULL, 1978, p. 176). A identidade do tipo é determinada por uma essência qualitativa XYZ que deve estar presente em cada um dos seus membros. Desse modo, enquanto as partes de um indivíduo são partes do mesmo indivíduo por se articularem de modo coeso, os membros do tipo são membros do mesmo tipo por partilharem uma essência comum. É necessário que tais membros sejam similares entre si, o que é dispensável para as partes de um indivíduo.

Voltemos à pergunta sobre a espacialidade para a identidade sincrônica. Por um lado, ela não é diretamente relevante, já que indivíduos possuem identidade sincrônica segundo sua coesão interna e não por sua localização no espaço. Por outro lado, o espaço pode ser, em alguns casos, a condição para o estabelecimento dessa coesão. O corpo humano, por exemplo, só possui coesão na medida em que seus órgãos estão articulados *espacialmente*. Se desacoplarmos tais órgãos, o corpo deixa de ser uma entidade coesa. Mas mesmo essa relevância indireta do espaço só existe em alguns casos. Isso porque, se Hull quer admitir que existem indivíduos que não são contíguos

especialmente (como as espécies), ele deve admitir que o espaço não é importante para a coesão *desses* indivíduos.

A discussão sobre coesão é alvo de muitos mal-entendidos e críticas (BARKER; WILSON, 2010). A fonte desses mal-entendidos e críticas parece residir na existência de certas ambiguidades no texto de David Hull, bem como na insistência do filósofo em tratar os organismos como indivíduos paradigmáticos. A despeito disso, a coesão cumpre um papel importante na caracterização da individualidade para Hull. Ela pretende acomodar um aspecto da individualidade que, embora não falem em “coesão”, outras versões da tese espécies-como-indivíduos também pretendem acomodar: a ideia de que a identidade sincrônica dos indivíduos é determinada por certas *relações causais* entre seus componentes, e não pela similaridade qualitativa. Por exemplo, Michael Ghiselin (1974, 1997) e Willi Hennig (1966) afirmam que espécies são indivíduos sem se comprometerem com a ideia de que indivíduos precisem ser entidades coesas. Ao mesmo tempo, ambos caracterizam as espécies como “comunidades reprodutivas”, levando a crer que o rompimento das relações reprodutivas acarreta a perda da identidade sincrônica da espécie. Nesse sentido, eles parecem aceitar que a identidade sincrônica dos indivíduos em geral é determinada por relações causais (i.e. reprodutivas). No último capítulo da dissertação voltaremos ao conceito de coesão de maneira aprofundada. Até lá, interpretaremos esse conceito como dizendo respeito simplesmente a um tipo de organização interna fruto de relações causais, as quais determinam a identidade sincrônica dos indivíduos.

2.4.3 Espécies: unidades de evolução

Para defender que as espécies biológicas são indivíduos, David Hull volta-se para o papel teórico que elas desempenham na teoria evolutiva. O filósofo afirma:

A tese que eu gostaria de defender é que genes, organismos e espécies, tal como funcionam no processo evolutivo, são necessariamente indivíduos espaço-temporalmente localizados. Eles não poderiam desempenhar a função [teórica] que desempenham se não o fossem. [...]. Segundo os evolucionistas, unidades de seleção, sejam elas genes particulares, cromossomos, organismos, colônias ou grupos de parentesco, são indivíduos. Nesse artigo eu pretendo estender essa análise às unidades de evolução (HULL, 1978, p. 365).

Segundo David Hull, espécies possuem o papel teórico de *unidades de evolução* no contexto dos processos evolutivos. Grosso modo, isso significa dizer que o nível das espécies é aquele capaz de absorver as mudanças evolutivas ocorridas em pequena escala, acumulando-as e, por isso, sendo capaz de exprimir efeitos em larga escala (HULL, 1978, p. 369). Processos envolvendo genes, cromossomos, organismos, etc. são acumulados ao longo de linhagens e conjuntos de linhagens interligadas, as quais expressam unidades fenotípicas e genéticas que chamamos de espécies.

Uma caracterização precisa das unidades de evolução exige a compreensão de como David Hull entende o processo evolutivo. Segundo o filósofo, a evolução pode ser tratada como um processo em três níveis: mutação (e recombinação), seleção e evolução (FIG. 5)³¹. O primeiro nível envolve genes, mas também pode envolver nucleotídeos, genótipos e cromossomos (HULL, 1980, p. 324). A mudança ocorrida nesses níveis é base para a variabilidade biológica, criando novos arranjos nucleicos, gênicos, genotípicos e cromossomiais. Entretanto, essa variabilidade só gera efeitos representativos quando transmitida de organismo para organismo em longas linhagens. É necessário, portanto, que organismos se reproduzam e passem adiante suas variações genéticas (i.e. gênicas, nucleicas, cromossomiais, etc). Diante da pressão seletiva do meio, as variações que representam vantagens reprodutivas serão provavelmente transmitidas às próximas gerações. A seleção natural exercerá pressão sobre os organismos, de modo que estes se sobressaiam uns frente aos outros dependendo das variações que possuem. Aqueles que obtiverem vantagens tenderão a se reproduzir mais e a espalhar suas variações, as quais tenderão a aumentar em futuras gerações.

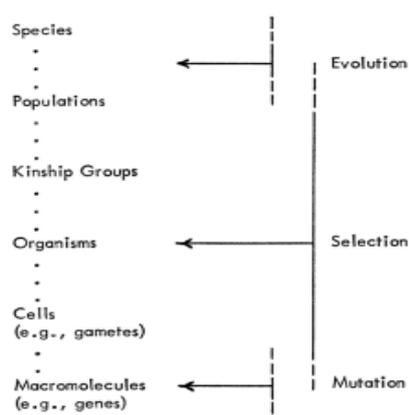


FIGURA 5 – Níveis do processo evolutivo.
Fonte: Hull, 1976, p. 182.

³¹ Essa caracterização da evolução se situa no mesmo contexto histórico das explicações evolutivas aludidas em 2.1.1, e como essas explicações ainda não abarcam fatores epigenéticos, desenvolvimentais e outras possíveis extensões da teoria evolutiva. Além disso, filósofos como Peter Godfrey-Smith (2009), têm criticado a formulação teórica dessa caracterização. A despeito disso, a noção de unidades de evolução não é ser comprometida por tais problemas e críticas.

Descritas acima como “variações genéticas”, todas aquelas entidades biológicas que são alvo da mutação (e recombinação) e são transmitidas por meio da reprodução podem ser chamadas de *replicadores* (HULL, 1980, p. 317). Replicadores produzem cópias razoavelmente fiéis de si mesmos, as quais são o material a ser passado de geração em geração³². Eles admitem variação durante o processo de cópia e, por isso mesmo, são a base da variabilidade biológica. Em certo sentido, sua transmissão é indireta, pois só ocorre graças à reprodução dos organismos. Estes são considerados por David Hull como *interagentes*, isto é, entidades que interagem diretamente com o ambiente externo, sofrendo as pressões da seleção natural nesse ambiente e reproduzindo-se (HULL, 1980, p. 317-318). Não apenas organismos desempenham esse papel, mas também colônias, grupos de parentesco e talvez populações. O importante é compreender que, pela interação entre essas entidades e o meio, a seleção natural é capaz de filtrar e acumular os replicadores vantajosos, produzindo efeitos em larga escala.

Segundo David Hull, o conceito de *unidades de seleção* desmembra-se em replicadores e interagentes. Dado que esse conceito aplica-se irrestritamente a tudo aquilo que “é selecionado” durante a evolução, ele abarca de modo ambíguo aqueles dois níveis evolutivos. Interagentes são selecionados dado que sobrevivem ou não em um cenário de seleção natural. Já os replicadores são selecionados dado que são aquilo que é filtrado ou acumulado (por meio de cópias) ao longo de linhagens. Por isso, ao falarmos em unidades de seleção estamos querendo dizer ou *unidades de replicação* ou *unidades de interação*. A relação entre esses dois níveis ao longo de inúmeras gerações produz o nível da evolução propriamente dita. É uma necessidade conceitual que esse nível seja composto por linhagens; caso contrário os replicadores não poderiam ser transmitidos ao longo de gerações, assim como a seleção dos interagentes não poderia influenciar sua distribuição. As linhagens particulares e os conjuntos de linhagens interligadas podem ser tratados como canais evolutivos por meio dos quais a relação entre replicação e interação produz mudanças contínuas e se acumula, gerando padrões fenotípicos e genotípicos observáveis ao longo de inúmeras gerações. Essas linhagens e teias são as *unidades de evolução* (HULL, 1976, p. 182).

Não é difícil compreender que um requisito das unidades de evolução é que haja continuidade espaço-temporal no seu interior (HULL, 1976, p. 182). Elas compostas por linhagens e, enquanto tais, cadeias de organismos conectados por hereditariedade. Essa hereditariedade concretiza-se por meio das relações reprodutivas, que são responsáveis pela transmissão e acúmulo de caracteres ao longo do tempo. Torna-se possível rastrear a história de uma linhagem ou “teia” de linhagens ao acompanharmos os nexos reprodutivos entre seus organismos, uma vez que tais nexos

³² Os conceitos de replicação e replicador foram extraídos por David Hull dos trabalhos de Richard Darkins, tal com explícito, em particular, na obra *O gene egoísta* (1976).

ocorrem em coordenadas espaço-temporais. Esse rastreamento reflete o fato de que, particulares ou não, linhagens são entidades que existem ao longo do tempo de modo ininterrupto entre seu início e fim.

Outro requisito das unidades de evolução é que elas possam alterar substancialmente suas configurações genéticas antes de serem extintas ou darem origem a uma nova unidade (HULL, 1976, p. 182). Dito de outro modo, elas devem manter sua identidade a despeito de acumularem as mudanças graduais advindas dos outros dois níveis ao longo do tempo. Entre o início e fim de uma linhagem (ou conjuntos de linhagens interligadas) devem ser possíveis muitas alterações em sua configuração genética. Só assim, podemos dizer, é possível tratá-la como um canal para que mudanças em pequena escala acumulem-se e produzem efeitos em larga escala. David Hull afirma que, por esse requisito, genes e organismos nunca poderiam ser considerados unidades de evolução. Tais entidades biológicas possuem um limite muito restrito de mudanças genéticas compatíveis com a manutenção de sua identidade.

Um terceiro requisito importante seria de que unidades de evolução possuam aquele tipo de coesão característica dos indivíduos (HULL, 1976, p. 183-184). A cada instante do tempo essas unidades precisam apresentar uma organização interna tal que as distinga umas das outras, permitindo que funcionem como canais de mudança evolutiva independentes entre si. Isso nos sugere que, analogamente aos indivíduos, a coesão auxilia na identidade sincrônica das unidades de evolução: por serem coesas elas constituem unidades individuais determinadas, distintas das demais a cada instante de tempo.

O que deve nos chamar atenção é que os requisitos das unidades de evolução são também condições de sua individualidade. Esse passo argumentativo é crucial para Hull (1978) afirmar que espécies são indivíduos por serem unidades de evolução. Em primeiro lugar, indivíduos e tais unidades são contínuos no espaço-tempo. Organismos (indivíduos paradigmáticos) e linhagens (e conjuntos de linhagens interligadas) existem no tempo e possuem uma história particular que pode ser reconstruída pelo rastreamento dessas entidades por meio de suas coordenadas espaço-temporais. A continuidade entre essas sucessivas coordenadas (i.e. localizações) no espaço-tempo é responsável pela *identidade diacrônica* dos indivíduos e unidades de evolução. Em segundo lugar, indivíduos e unidades de evolução também possuem uma coesão interna que lhes garante certa unidade. Seus componentes estão submetidos a certas relações causais capazes de fazer deles componentes de uma única e mesma entidade a cada instante de tempo. Sem a coesão, indivíduos e unidades de evolução não podem ser identificados como as mesmas entidades particulares. Disso se segue que a coesão figura como critério de *identidade sincrônica* dessas entidades. O fato de as unidades de evolução serem coesas sugere ainda que, como os indivíduos, elas são caracterizadas

por *relações mereológicas*. Os organismos que convivem e criam uma unidade entre si em um dado instante de tempo seriam *partes* do que uma linhagem ou conjunto de linhagens é naquele instante de tempo. Por tudo isso, unidades de evolução devem ser consideradas indivíduos.

Para David Hull (1976), as espécies são as unidades de evolução juntamente com as populações individuais. Elas preenchem todos os requisitos listados acima, o que lhes garante consequentemente o estatuto ontológico de indivíduos. Grosso modo, as espécies abarcam inúmeras linhagens populacionais interconectadas, dado que seus organismos são capazes de estabelecer relações reprodutivas entre si. As espécies são compostas de diversas populações de organismos que se sucedem de geração em geração e ocupam diferentes posições no globo terrestre. Todavia, essas populações possuem como origem comum um único evento de cladogênese e sua proliferação pode ser rastreada por meio dos nexos reprodutivos entre seus organismos. Podemos dizer que a história particular da espécie é a história dessa “teia” complexa de linhagens particulares. O rastreamento dessa história exige, portanto, que as diferentes populações e organismos de uma espécie tenham tido contato causal, devido ao fato de umas terem originado as outras. Portanto, ainda que as populações e organismos de uma espécie não estejam unidos em um ponto determinado do espaço – o que implicaria dizer que só há sempre uma população de cada espécie – eles precisam ter se encontrado de modo *serial* em algum ponto do espaço em algum momento ao longo da história da espécie. Entendemos que esse é o cerne das considerações de Hull acerca da continuidade e localização espaço-temporal das espécies.

Hull (1976) admite sem problemas que espécies podem ter sua configuração genética bastante modificada antes mesmo de serem extintas ou sofrerem um novo evento cladogenético. Ao longo do tempo, desde sua população inicial até suas populações terminais, a espécie pode ser um canal de alterações genéticas substantivas. Por conseguinte, o padrão morfológico, comportamental e genético que caracteriza uma espécie pode ir alterando-se gradualmente ao longo do tempo sem fazer com que ela deixe de ser a mesma espécie.

Que as espécies sejam entidades coesas é um ponto mais controverso que os anteriores. Afinal, falamos de modo vago sobre o que seria a coesão em geral: um tipo de organização, de arranjo interno, que permite à entidade a cada instante de tempo se distinguir das demais. Falamos que os órgãos de um corpo, por exemplo, estruturam-se de maneira determinada, o que lhes permite constituir um único e mesmo corpo. Contudo, quais forças existem e capazes de promover a estruturação de organismos e populações em espécies, tornando-as coesas?

David Hull (1978, p. 370) apresenta três mecanismos causais promotores da coesão nas espécies: fluxo gênico, pressões seletivas comuns e homeostase genética. O primeiro consiste na movimentação de genes no interior de uma população, seja por migração ou reprodução. Essa

movimentação pode fazer com que certos genes se tornem mais disseminados que outros em futuras gerações das populações de uma espécie. Uma consequência disso é que os genes vantajosos tenderão a se espalhar por todos os organismos das populações, favorecendo maior similaridade entre eles. O fluxo gênico atua como força estabilizadora da espécie, já que favorece a disseminação dos genes vantajosos no interior das populações. Ao mesmo tempo, ele instaura uma barreira para a entrada de novos genes no seu interior: se organismos de diferentes espécies não podem se reproduzir, então eles não trocam genes e não podem alterar a configuração genética das populações um do outro. Para se fixar nas suas populações, os novos genes devem surgir no interior de cada espécie e precisam mostrar-se adaptados aos outros genes que já se movimentam nela (RIDLEY, 2006, p. 380). À título de exemplo, suponhamos duas populações A e B, de espécies diferentes, em um mesmo território. Seus organismos não podem se reproduzir entre si, o que impede a troca de material genético entre A e B. Esse impedimento favorece o isolamento genético e fenotípico das duas espécies. Por sua vez, no interior de A e B os organismos se reproduzem e seus genes são transmitidos de geração e geração. O aparecimento de novos genes no interior de A e B é constante, mas tais genes encontram dificuldade para serem disseminados via reprodução. A razão disso é que eles têm de competir com os genes vantajosos que já estão disseminados e que são transmitidos pela maior parte da população. Os novos genes precisam ser mais vantajosos que esses últimos, oferecendo maiores ganhos ao organismo na sua relação com o meio. Eles também precisam estabelecer relações com os outros genes tais que sejam mais vantajosas ao organismo do que aquelas estabelecidas até então. Diante de condições como essa, podemos dizer que o fluxo gênico dificulta mudanças no interior das populações, conferindo certa uniformidade a seus organismos.

Já as pressões seletivas ocorrem no seio de um nicho ecológico determinado. Tal nicho estabelece condições ambientais específicas a partir das quais a seleção natural atuará sobre os organismos (RIDLEY, 2006, p. 381). Nesse sentido, organismos de determinada espécie que povoam o mesmo nicho ecológico sofrem o *mesmo* tipo de pressão seletiva. O famoso caso da evolução do melanismo na mariposa sarapintada (*Biston betularia*) exemplifica a força das pressões seletivas. Os organismos dessa espécie que povoavam certas regiões industriais da Inglaterra do século XIX começaram a sofrer, devido à poluição, uma seleção em favor de sua forma melânica: ao invés de uma cor clara e com poucas pintas escuras, as mariposas evoluíram uma aparência com muitas pintas escuras (melania). Essa evolução mostrou-se vantajosa ao servir de camuflagem para tais organismos na região poluída, sendo disseminada em mais de 90% de suas populações (RIDLEY, 2006, p. 138). Assim, a pressão seletiva atuou sobre essas populações e organismos, de modo a favorecer transformações uniformes para os ocupantes do mesmo nicho ecológico. Note que, para produzir tal uniformidade na população ao longo do tempo, a pressão seletiva supõe o

fluxo gênico, isto é, a reprodução e a transmissão de genes. Isso nos leva a concluir que o mecanismo das pressões seletivas não é independente do mecanismo de fluxo gênico.

Por último, a chamada homeostase genética produz certa estabilidade genética e fenética entre os integrantes da mesma espécie (ERESHEFSKY, 2001, p. 115). Sua base empírica figura na constatação de que há uma constante variação genética nos organismos e de que, em princípio, essa variação pode romper fenótipos bem adaptados. Sendo este o caso, é de se esperar não só que a seleção tenda a preservar os genótipos que produzam os fenótipos mais bem adaptados, como também que os genótipos sejam capazes de incorporar variações genéticas sem romper com a produção desses fenótipos. Isso equivale a dizer que existe uma seleção para genótipos cuja variação interna não afete diretamente fenótipos bem adaptados. Além disso, é de se esperar que os genótipos selecionados sejam aqueles cujos fenótipos bem adaptados sejam mais resistentes às alterações do ambiente externo. Tem-se, nesse caso, uma seleção para genótipos que produzem fenótipos estáveis diante do meio externo cambiante. A homeostase é um produto dessas diversas forças seletivas. Trata-se de um fenômeno de *autorregulação genética* que torna os genótipos resistentes às forças internas e externas que podem desestabilizar sua produção de fenótipos. Em suma, ela faz com que os genótipos produzam fenótipos estáveis (i.e. uniformes) e bem-adaptados, a despeito das mudanças genéticas e influências do meio³³.

Não obstante as diferenças, David Hull afirma que os três mecanismos levam a uma coesão das espécies. Todos eles fazem com que certos organismos e populações formem unidades morfológicas, fisiológicas, comportamentais e genéticas em um dado momento (ERESHEFSKY, 2001, p. 114). Para Hull, o tipo de uniformidade que seus organismos possuem é indício de que as espécies apresentam uma organização interna estabelecida pelos mecanismos causais supracitados. Isso motiva a ideia de que organismos e populações sincrônicas de uma espécie são *partes* dela, pois esses organismos e populações estão submetidos aos mesmos mecanismos de fluxo gênico, pressões seletivas e homeostase. A ação de tais mecanismos é o que determina que organismos e populações sincrônicas estejam organizados e pertençam a uma mesma espécie.

Em alguns momentos David Hull (1976) expõe sua argumentação de modo negativo. Trata-se de enfatizar que, por todas as características que tornam as espécies unidades de evolução, as espécies *não* podem ser tipos naturais. Hull parece apto a aceitar que talvez se chegue a uma categorização das espécies diferente da que ele propõe, embora não tão diferente a ponto de

³³ Tradicionalmente o termo “homeostase” aplica-se ao nível das células, organismos e demais sistemas orgânicos individuais, referindo-se ao tipo de regulação e ajuste a partir do qual tais sistemas se mantêm estáveis perante perturbações internas e externas. Um exemplo desse uso seria o fenômeno da termorregulação humana, já que a temperatura do corpo humano depende de uma regulação interna do corpo que visa compensar alterações térmicas do ambiente e, com isso, manter estável nossa temperatura. Assumir a homeostase *genética* como mecanismo de coesão consiste em admitir que genes estabelecem uma regulação entre si que lhes permite gerar a estabilidade do fenótipo.

abandonar o caráter *individual* dessas entidades. Seja como for, sua conclusão é de que a categoria de tipos naturais não é adequada para as espécies no contexto evolutivo (HULL, 1978, p. 369). Isso porque tipos naturais são entidades irrestritas espaço-temporalmente, quer dizer, entidades cuja determinação de suas instâncias e cuja identidade não dependem de relações estabelecidas no espaço-tempo. Esse critério não faz distinção entre perspectivas diacrônica e sincrônica. Se as espécies funcionam como unidades de evolução, entretanto, sua identidade diacrônica depende de sua localização e continuidade no espaço-tempo. Já sua identidade sincrônica depende de relações e processos causais como o fluxo gênico, pressões seletivas comuns e homeostase. O rompimento dessas relações e processos é o que determina quando a espécie deixou de ser a *mesma* espécie, ou quando organismos e populações deixaram de pertencer à *mesma* espécie.

2.4.4 Espécies: indivíduos na Sistemática Filogenética

A tese de que espécies são indivíduos é, atualmente, bem aceita na Filosofia da Biologia (GONZÁLEZ, 2011). Tal como apresentada por David Hull, seu contexto original não é a Sistemática Filogenética, mas sim a Biologia Evolutiva. Apesar disso, devemos lembrar que a Sistemática Filogenética busca capturar a história evolutiva em termos genealógicos. Por isso ela apoia-se em conceitos da Biologia Evolutiva, como o conceito de cladogênese, e trata as espécies em consonância com essa ciência: espécies são linhagens, cadeias genealógicas ou canais evolutivos que perduram no tempo. O próprio David Hull (1976, 1988) chega a dizer que a Sistemática Filogenética procura representar as unidades de evolução em um sistema de classificação, sugerindo que as espécies são indivíduos para essa escola. Lembremo-nos ainda que o fundador da Sistemática Filogenética, Willi Hennig, já defendia a referida tese antes dos argumentos propostos por Hull:

Se nós buscarmos avaliar as categorias do sistema filogenético a partir do ponto de vista desenvolvido até aqui, não há dúvida que todas as categorias supra-individuais, que vão das espécies até as categorias mais altas, possuem individualidade e realidade. Cada uma delas é um segmento de uma linha temporal composta de sucessivas “populações capazes de intercruzamento” (HENNIG, 1966, p. 81).

O sistema hennigiano para a Sistemática Filogenética trata as espécies nas dimensões diacrônica e sincrônica. Na dimensão diacrônica, espécies são teias formadas por linhagens

interligadas, perdurando de modo contínuo no espaço-tempo. Na dimensão sincrônica, espécies são “comunidades reprodutivas” no sentido de serem compostas por organismos capazes de estabelecer relações tocogenéticas entre si. Essa capacidade é o que confere unidade à espécie, ou seja, aquilo que faz com que seus organismos pertençam à mesma espécie. Assim colocado, essas duas dimensões das espécies vão ao encontro da caracterização da individualidade feita por David Hull. Indivíduos são entidades contínuas e localizadas no espaço-tempo, bem como organizadas por “partes” que travam relações causais entre si a cada instante do tempo.

Willi Hennig tinha uma concepção mais fraca do que a de Hull em relação à individualidade: para ser indivíduo bastaria que algo tivesse continuidade no tempo, sem menção ao espaço (HENNIG, 1966, p. 81). Segundo Hennig, indivíduos precisam somente ter começo e fim razoavelmente discretos. Nada sobre localização espacial ou coesão necessita ser dito. Assim sendo, espécies são indivíduos porque são metalinhagens (i.e, conjuntos de linhagens interligadas) que existem no intervalo contínuo entre dois eventos cladogenéticos (HENNIG, 1966, p. 64). Mas as diferenças entre Hennig e Hull não são tão grandes quanto parecem ser. O rompimento de relações tocogenéticas é fundamental para se caracterizar um evento cladogenético e, por isso, ele cumpre uma função análoga àquela desempenhada pela coesão em David Hull: a cada instante de tempo os constituintes de uma espécie estão relacionados causalmente (tocogeneticamente), de modo que o rompimento dessa relação acarreta o fim da espécie. Se a coesão for entendida apenas como a existência de relações causais entre organismos de uma mesma espécie em um dado instante de tempo, então Hennig não nos parece disposto a negá-la. Vale lembrar que o entomólogo alemão enfatiza o papel do fluxo gênico no interior das espécies, assumindo que ele é constitutivo de relações tocogenéticas. Nesse sentido, Hennig atribui ao fluxo gênico a mesma função que David Hull havia atribuído a ele: mecanismo causal que garante a identidade sincrônica da espécie.

A diferença entre Willi Hennig e David Hull acerca da espacialidade também é mais aparente do que real. A concepção de localização espacial exposta nesse capítulo não se compromete com a ideia de que a mera posição de uma espécie no espaço (i.e. de seus organismos) faz dela um indivíduo (CAPONI, 2011, p. 90). Ao contrário, tal concepção significa que as relações causais que conectam organismos *ao longo do tempo* ocorrem em posições do espaço e permitem a reconstituição da história das espécies a partir da reconstituição dessas sucessivas posições espaciais. Por exemplo, a história da espécie humana pode ser reconstruída por meio do restabelecimento das relações reprodutivas e migratórias entre seus organismos e populações: aceita-se que a primeira população humana se originou na África, então se reproduziu, modificou e dispersou para outras regiões do planeta, finalmente desembocando no homem moderno, com sua atual distribuição em diversas partes do globo. Para que uma narrativa histórica desse tipo seja feita,

é necessário assumir que existe uma continuidade na distribuição espacial das espécies ao longo do tempo (i.e. na localização de seus organismos). Assim sendo, indivíduos são entidades localizadas no espaço, devido a uma continuidade entre suas sucessivas distribuições espaciais ao longo do tempo, a qual desempenham um papel importante na sua identidade diacrônica. A continuidade histórica, estabelecida espaço-temporalmente por relações causais, determina essa identidade. Se esse é o lugar da espacialidade na caracterização dos indivíduos, então ela está implicada na ideia hennigiana de que espécies são entidades contínuas ao longo do tempo. É possível rastrear tais entidades no tempo por meio de suas sucessivas localizações no espaço.

Nosso interesse principal neste capítulo não é comparar as diferentes versões da tese espécies-como-indivíduos, nem expor de que maneira a versão de Willi Hennig emerge do interior da sua Sistemática Filogenética. Nós adotamos um ponto de vista mais neutro: escolhemos uma versão daquela tese que não tenha um interesse direto na taxonomia, a versão de David Hull, para mostrar como ainda assim ela fundamenta a ontologia das espécies na Sistemática Filogenética. Nosso interesse é investigar as razões para vincularmos essa escola de classificação à individualidade *mesmo* em uma versão filosoficamente mais sofisticada e teoricamente “mais carregada” – por lançar mão da “coesão” e da analogia com os organismos – como a defendida por Hull. Em outras palavras, procuramos responder à seguinte questão: por que, mesmo em uma versão como a de David Hull, a tese espécies-como-indivíduos parece ser a opção correta a ser adotada pela Sistemática Filogenética acerca do estatuto ontológico das espécies? Partir da versão de David Hull também nos parece *metodologicamente* acertado. Por ser mais teoricamente carregada, ela nos permite desvelar os elementos fundamentais da categoria de indivíduos (presentes também nas outras versões da tese) ao mesmo tempo em que abre espaço para a reflexão sobre sua abrangência e possíveis fraquezas. Essa reflexão ocupará o quarto capítulo dessa dissertação, relacionando-se em especial com o conceito de “coesão”.

Após uma longa argumentação, parece-nos lícito concluir que a categoria de indivíduos captura os critérios de identidade sincrônica e diacrônica que subjazem à caracterização das espécies feita pela Sistemática Filogenética. Essa categoria aborda a identidade a partir de certas *relações causais*. Da perspectiva sincrônica, indivíduos são compostos por partes que estão submetidas a mecanismos causais, cujo cessamento implica no fim dos indivíduos. A identidade é perdida tão logo esses mecanismos tornem-se inefetivos. Da perspectiva diacrônica, indivíduos perduram no tempo, apresentando uma história particular que pode ser rastreada por meio de suas coordenadas espaço-temporais. Sua identidade é perdida tão logo esse rastreamento seja interrompido, quer dizer, assim que não haja continuidade no espaço-tempo entre o indivíduo no presente e no passado. A identidade das espécies biológicas na Sistemática Filogenética possui essa

mesma estrutura. Por um lado, as relações tocogenéticas são relações causais que garantem a identidade sincrônica da espécie. Isso se reflete no fato de que organismos coexistentes são classificados na mesma espécie caso integrem uma mesma comunidade reprodutiva. Por outro lado, as relações tocogenéticas garantem também que organismos da mesma espécie formem linhagens, ou melhor, uma rede de linhagens contínuas no tempo (FIG. 3). Trata-se de uma rede de relações reprodutivas que perdura no tempo entre dois eventos cladogenéticos e cujos nexos causais estabelecem-se no espaço. A identidade dessa rede depende, portanto, da continuidade entre os organismos que formam tais nexos causais. Por tudo isso, podemos reconsiderar o critério de identidade das espécies na Sistemática Filogenética esboçado em seções anteriores, desdobrando-o em:

(i) **Identidade sincrônica das espécies:** um organismo P é uma instância da espécie Q em T' se e somente se fizer parte de uma comunidade reprodutiva C em T'.

(ii) **Identidade diacrônica das espécies:** um organismo P é uma instância da espécie Q em T' se e somente se estiver causalmente conectado às instâncias da espécie Q em T'' por meio de cadeias genealógicas espaço-temporalmente contínua.

Se entendermos que a comunidade reprodutiva – ou rede de relações tocogenéticas – estabelece uma forma de coesão entre os organismos de cada espécie, a semelhança com os critérios de identidade para indivíduos torna-se mais clara. Na perspectiva sincrônica, a identidade de uma espécie é determinada pela coesão entre seus organismos (como “partes” de um mesmo “todo”). Na Sistemática Filogenética, excluem-se mecanismos não reprodutivos de coesão, como as pressões seletivas e a homeostasia genética. A capacidade de estabelecimento do fluxo gênico mediante a reprodução é o que determina a identidade sincrônica das espécies. Já na perspectiva diacrônica, a identidade é determinada pela continuidade espaço-temporal entre aquilo que constitui a espécie (i.e. seus organismos) em diferentes períodos sincrônicos³⁴.

³⁴ Nesse ponto, podemos ficar tentados a associar a identidade diacrônica e a categoria de indivíduos ao debate entre endurantismo e perdurantismo em metafísica (REYDON, 2008). Enquanto endurantistas assumem que um indivíduo é composto por partes coexistentes e existe por completo a cada instante de tempo, perdurantistas afirmam que indivíduos também possuem *partes temporais* e, portanto, nunca temos acesso a ele como um todo (i.e. a todas as suas partes juntas). Talvez fosse intuitivo dizer, assumindo a perspectiva perdurantista, que a identidade diacrônica da espécie depende da continuidade espaço-temporal entre suas *partes temporais*. Isso também parece intuitivo de ser dito quando entendemos a espacialidade como uma questão de sucessão de distribuição espacial ao longo do tempo. Entretanto, parece-nos perfeitamente possível manter-se neutro em relação ao debate endurantismo vs. perdurantismo. A ideia de que organismos sejam partes temporais de uma espécie não precisa ser assumida literalmente.

A categoria de indivíduos figura desde a década de 1960 como a melhor alternativa capaz de vincular a identidade das espécies às relações causais existentes entre seus organismos. Desde a década de 1990, entretanto, sua hegemonia tem sido posta em questão por uma versão renovada da teoria de tipos naturais e da análise *cluster* da classificação. Essa versão tem ganhado força e nos impele a refletir sobre a maneira como *clusters* podem ou não caracterizar as espécies na Sistemática Filogenética. Adeptos dessa versão reivindicam que os tipos naturais capturam todos os ganhos da tese espécies-como-indivíduos e ao mesmo tempo livra-se de seus problemas (BOYD, 1999b). Se esse é realmente o caso, isso significa que essa nova versão precisa oferecer um modelo para a Sistemática Filogenética formular a identidade das espécies em termos de relações causais toco genéticas. Mas será que a nova teoria dos tipos naturais fornece tal modelo? Esse será o tema do próximo capítulo.

3. REPENSANDO OS TIPOS NATURAIS

Os filósofos que discutem o estatuto ontológico das espécies têm diante de si um grande desafio: definir de modo coerente e informativo as categorias ontológicas em debate. Esses filósofos precisam estabelecer definições que reflitam os aspectos fundamentais da pergunta pelo estatuto ontológico das espécies. Afinal, podemos perguntar-lhes, para que serve a distinção entre indivíduo e tipo natural? De que maneira essa distinção faz jus à relevância filosófica atribuída ao problema? Quanto menos clareza os filósofos tiverem sobre essas questões, maior o risco do debate se transformar em uma mera disputa verbal.

Mostra do desafio é que não raro se acusa um filósofo, ou uma tradição filosófica, de ter adotado uma definição equivocada das categorias ontológicas. Quando bem fundamentada, tal acusação configura uma estratégia argumentativa bastante eficiente. Isso porque ela questiona o conteúdo e a extensão atribuídos a essas categorias, provocando a reconfiguração do debate. Um exemplo dessa estratégia é a teoria dos *clusters de propriedades homeostáticas* (daqui em diante: CPH). Ao propor essa teoria, o filósofo Richard Boyd (1999b) criticou a distinção habitual entre tipos naturais e indivíduos, redefinindo-as e defendendo que espécies seriam tipos naturais em uma acepção diferente. Dada sua importância no cenário atual, essa teoria merecerá nossa atenção neste capítulo. Caberá avaliar se a conclusão do capítulo anterior – de que a identidade das espécies na Sistemática Filogenética é acomodada pela categoria de indivíduos, mas não de tipos naturais – se mantém quando redefinimos os tipos naturais como CPH³⁵.

3.1 Ontologia e Epistemologia

No capítulo anterior, nossa caracterização dos tipos naturais teve um viés *ontológico*. Naquela ocasião interessava-nos discutir apenas a *natureza* dos grupos naturais, isto é, sua definição e ligação com a realidade. A esse respeito, dissemos que o *essencialismo de tipo* constituiu uma posição bastante aceita ao longo da história. Essa posição assumiu que propriedades necessárias e suficientes (as essências) definem cada tipo natural e determinam sua existência objetiva na

³⁵ A teoria dos CPH é uma versão do que Marc Ereshefsky denominou “análise *cluster*” (ERESHEFSKY, 2001, p. 24). Como colocamos no início do capítulo anterior, Ereshefsky condena esse tipo de análise, entendendo que ela não é compatível com uma classificação de cunho evolutivo. Assim sendo, nossa discussão no presente capítulo acabará avaliando também se a crítica de Ereshefsky aos *clusters* é justificada.

realidade. Tais propriedades produzem o comportamento padronizado dos membros do mesmo tipo natural, sugerindo que esse padrão existe no mundo independentemente de nossas práticas classificatórias.

O filósofo Thomas Reydon lembra-nos que os tipos naturais são uma preocupação filosófica antiga e muito anterior à introdução do termo “tipos naturais” no século XIX (REYDON, 2010, p. 249). Aliás, é esse reconhecimento que nos permite recuar o debate até Platão e Aristóteles, uma vez que esses filósofos não utilizaram o referido termo. Tal recuo é prática comum em grande parte das discussões sobre tipos naturais (RUSE, 1987). Thomas Reydon mantém essa prática, afirmando que o interesse dos dois filósofos dirigia-se em especial à *ontologia* dos tipos naturais. Ambos buscavam determinar a relação entre certas divisões naturais e uma realidade metafísica fundamental. Por outro lado, Thomas Reydon afirma que esse viés ontológico sobre os tipos naturais perdeu força com o empirismo inglês, quando o debate ganhou maior teor *epistemológico*. Empiristas como John Locke enfatizaram o papel teórico que os tipos naturais desempenhavam em induções, previsões e generalizações (REYDON, 2010, p. 250). Grosso modo, eles passaram a dar mais atenção ao lugar que os agrupamentos ocupam nas teorizações e menos à sua ontologia. A preocupação central de John Venn e Stuart-Mill, autores que primeiro utilizaram o termo “tipos naturais”, também era prioritariamente epistemológica (HACKING, 1991).

Essa breve caracterização de Thomas Reydon sobre a história do debate pode gerar mal-entendidos. Pode-se criar a impressão de que o problema dos tipos naturais mudou ao longo da história e, na verdade, corresponde a dois problemas diferentes e independentes: um ontológico e outro epistemológico (REYDON, 2010, p. 251). Mas Reydon recusa essa interpretação, afirmando que a diferença entre o viés adotado pelos gregos e o viés adotado pelos empiristas ingleses diz respeito à *prioridade* metodológica de determinadas perguntas sobre outras. Platão e Aristóteles trataram os tipos naturais a partir de questões ontológicas, enquanto Locke e os empiristas partiam de questões epistemológicas. Isso não quer dizer que gregos e empiristas ingleses restringiam-se às respectivas questões.

Thomas Reydon (2010, p. 251) enfatiza que questões ontológicas e epistemológicas estão conectadas em alguma medida. Por um lado, discutir a natureza ontológica dos tipos naturais suscita a discussão sobre sua epistemologia. Ao dizer o que são grupos naturais nós somos levados a responder como e eles servem às nossas práticas epistêmicas. Por outro lado, a compreensão dessas práticas epistêmicas influencia nossa caracterização da ontologia desses grupos. Essa ligação entre ontologia e epistemologia pode ser ilustrada pelo essencialismo de tipo. Dado que as essências desencadeiam inúmeras propriedades comuns aos membros dos tipos naturais, elas justificam o papel desses tipos em inferências indutivas. Nesse sentido, as essências constroem o tipo de

prática epistêmica que podemos fazer utilizando tipos naturais. Tomando o caminho inverso, é possível argumentar que o tipo de práticas indutivas e contextos teóricos que envolvem tipos naturais influenciam suas definições e comprometimentos ontológicos (DEVITT, 2008)³⁶. Nesse caso, é a epistemologia dos tipos que constrange sua ontologia.

Embora epistemologia e ontologia estejam interligadas, a escolha sobre por onde começar o debate sobre tipos naturais não é trivial. Segundo Thomas Reydon, adotar um viés ontológico exige que saibamos quais são os tipos naturais existentes, no sentido de que precisaríamos saber *quais são* os tipos naturais para investigar *o que eles são*. Mas a pergunta que se coloca é: qual é o critério para dizermos quais são os tipos naturais? Com base em quê podemos identificar exemplos de tipos naturais? Uma resposta possível seria dizer que os tipos naturais são tudo aquilo que os cientistas julgam como tipos naturais. Entretanto, a pergunta pelo critério imediatamente volta à cena: com base em quê um cientista diz quais são os tipos naturais? Se tal critério se basear em qualquer definição ontológica de tipos naturais, chegamos a um círculo vicioso, pois pressuporíamos aquilo que buscávamos determinar³⁷. Segundo Reydon (2010, p. 251), haveria duas saídas possíveis a esse círculo vicioso. Primeiro, poderíamos afirmar que os tipos naturais reconhecidos pelos cientistas são aqueles que cumprem certas funções na sua atividade teórica de obter conhecimento. Notemos que isso equivale a estabelecer um critério epistemológico para discriminar os exemplos de tipos naturais. Assim, essa saída pressupõe que se adote um viés epistemológico de tratamento dos tipos naturais.

Outra saída ao círculo vicioso seria oferecer uma definição *a priori* da ontologia dos tipos naturais em geral. Também aqui o essencialismo de tipo serve de exemplo. Notemos que esse essencialismo não resulta de constatações empíricas sobre o modo como os tipos se comportam, mas de uma estipulação apriorística sobre sua ontologia. Primeiro ele define os tipos naturais como grupos formados por entidades que possuem propriedades necessárias e suficientes. Depois ele identifica quais grupos na natureza preenchem tal definição. Mas esse tipo de saída ao círculo vicioso gera o seguinte problema: definir os tipos naturais de modo *a priori* pode levar à exclusão de muitos grupos que os cientistas tenderiam a considerar tipos naturais de um ponto de vista epistemológico (REYDON, 2010, p. 252). Justo por não se valer de considerações empíricas ou exemplos de quais são os tipos naturais, essa saída do círculo vicioso corre o risco de se distanciar da prática científica. Ela pode criar uma definição mais arbitrária e restrita do que o desejável pelos cientistas.

³⁶ Como veremos, Richard Boyd (1999b) opera o mesmo raciocínio, embora para defender um tipo diferente de essencialismo. Tanto no caso de Boyd quanto no de Devitt é importante notar como seus argumentos dependem da vinculação entre epistemologia e ontologia.

³⁷ Em outro contexto teórico, Chisholm (1982) define esse tipo de círculo vicioso como o “problema do critério”.

O viés epistemológico parece uma abordagem mais próxima da prática científica, já que parte da pergunta pelo papel teórico que os tipos naturais desempenham nas práticas epistêmicas da ciência. Entretanto, ela pode acabar gerando uma concepção muito liberal de tipos naturais. Thomas Reydon afirma que caso os tipos naturais sejam todos aqueles grupos que se enquadram em certas práticas epistêmicas científicas bem-sucedidas, então “em princípio cada termo geral [*kind term*] que nós usamos deve ser pensado como se referindo a um tipo natural” (REYDON, 2010, p. 252). Em outras palavras, se o sucesso dessas práticas e o papel teórico desempenhado nelas é o que importa para delimitarmos quais são os tipos naturais, então todos ou quase todos os termos gerais que nelas figuram se referem a tipos naturais. O risco dessa liberalidade é tornar a distinção entre tipos naturais e não naturais cada vez mais arbitrária. Por exemplo, o tipo “plantas ornamentais” talvez possa figurar em generalizações e explicações científicas bem-sucedidas, mas será que isso faz dele automaticamente um tipo natural como “água”? Será que os termos gerais presentes em práticas científicas são igualmente tipos naturais? Reydon sugere que, ao adotarmos um viés epistemológico, tencionamo-nos a dizer que sim, o que seria um erro³⁸. Apesar das limitações desse viés, sua ênfase em detrimento do viés ontológico mostrou-se importante para o aprofundamento das discussões sobre tipos naturais na década de 1980³⁹.

3.1.1 Indução e Realismo

Richard Boyd é um exemplo de filósofo que investiga os tipos naturais a partir de um viés epistemológico. Segundo esse autor americano, os tipos naturais são primeiramente uma maneira de tornar nossos esquemas classificatórios úteis para nossas práticas epistêmicas (BOYD, 1999b, p. 146). Trata-se de uma ferramenta conceitual que, ao organizar nossas classificações, serve como base para induções, predições, generalizações e explicações. Nesse sentido, investigar os tipos naturais exige antes compreender as práticas epistêmicas de sucesso na ciência. Boyd tem consciência de que essa abordagem pode gerar uma caracterização muito liberal dos tipos naturais, notando um “grande entusiasmo” nos trabalhos recentes sobre tipos naturais (BOYD, 1991, p. 128).

³⁸ Escapa a Reydon que o viés epistemológico também sofre do círculo vicioso envolvendo a noção de “critério”. Se o papel teórico desempenhado por tipo em certas práticas é um critério geral para que eles sejam considerados naturais, de onde vem a justificação para tal critério? Se ela vier de exemplos de práticas e tipos particulares, então, de onde vem a justificação para a escolha desses exemplos?

³⁹ Não negligenciamos discussões acerca de tipos naturais em contextos linguísticos ordinários ou sobre a possibilidade de continuidade entre tais contextos e a empresa científica (DUPRÉ, 1993). Todavia, atemo-nos aqui ao contexto estritamente científico, pois é no seu interior que se situa o interesse desta dissertação.

Contudo, o filósofo é receptivo a tal entusiasmo. Segundo ele, a maioria dos termos gerais [*kind terms*] refere-se legitimamente a tipos naturais⁴⁰. O interesse epistemológico e a liberalidade da proposta de Richard Boyd são atestados pela chamada *tese da acomodação*:

O caráter natural [*naturalness*] dos tipos naturais consiste em sua aptidão para induções e explicações [...]. A tese que eu defendo aqui (a tese da acomodação) assume além disso que o que está em questão no estabelecimento da fiabilidade das práticas indutivas e explicativas, fiabilidade tal que é possível graças a representação do fenômeno em termos de tipos naturais, é a acomodação das práticas inferenciais à estruturas causais relevantes. (BOYD, 1999b, p. 147).

Nesse trecho, o filósofo americano reforça que a teoria dos tipos naturais é uma teoria sobre como esquemas classificatórios contribuem para práticas epistêmicas e explicita a prioridade metodológica da epistemologia sobre a ontologia. Além disso, no trecho, contata-se que os tipos naturais promovem uma *acomodação* entre aquelas práticas e a realidade. Os tipos servem de mediadores entre o conhecimento humano e as estruturas causais do mundo, no sentido de produzirem classificações que capturam ao menos parcialmente tais estruturas (BOYD, 1999b, p. 147). É precisamente o fato de capturarem parte dessas estruturas reais que faz com que as práticas epistêmicas sejam bem-sucedidas. Nesse sentido, a tese da acomodação afirma que a fiabilidade das práticas epistêmicas depende de seu embasamento em tipos naturais que capturem traços da realidade.

Richard Boyd (1999b) ilustra essa tese com o seguinte exemplo: suponhamos um experimento, no qual amostras de sódio são expostas ao fogo. Em muitos casos, o fogo passa a ter a cor amarela, o que nos leva a concluir que esse efeito se repetirá em muitas exposições futuras do sódio ao fogo. Suponhamos que essa conclusão seja de fato corroborada por diversas exposições, tornando-se uma indução com respaldo científico. Boyd afirma que, sendo esse o caso, o sucesso da indução depende das categorias *sódio*, *fogo* e *amarelo* (i.e, chama de cor amarelada) serem tipos naturais na química. Só assim as regularidades constatadas ao longo das diferentes exposições seriam regularidades vinculadas à estrutura causal do mundo.

A adequada compreensão desse exemplo exige alguns aprofundamentos. Richard Boyd (1999b, p. 147) entende que o sucesso das práticas epistêmicas depende delas se basearem em hipóteses projetáveis, remetendo-nos ao conceito de *projetibilidade* desenvolvido por Nelson Goodman (1983). Grosso modo, esse conceito indica que hipóteses projetáveis são aquelas confirmadas por todas e apenas suas instâncias positivas (QUINE, 1969, p. 185-186). Tais hipóteses

⁴⁰ Richard Boyd defende a grande abrangência do conceito de tipos naturais em resposta à posição de Ian Hacking (1991) em um célebre debate entre os dois, registrado no periódico *Philosophical Studies* (n. 61, 1991). Em particular Boyd defende, *contra* Hacking, que tipos definidos socialmente, como “cão de guarda”, são tipos naturais.

possuem credibilidade científica e podem embasar inferências indutivas. Tomemos a hipótese: “toda chama (de fogo) exposta ao sódio torna-se amarela”. Tal hipótese será considerada projetável se e somente se cada observação particular dessas chamas que se tornaram amarelas após o contato com o sódio confirmar a hipótese. Cada observação é denominada uma instância positiva da hipótese e a confirma. Em contrapartida, hipóteses não projetáveis são aquelas cuja observação de suas instâncias positivas *não* confirma a hipótese. Essa distinção entre projetável e não projetável pode ser mais bem apreciada em outro exemplo. O predicado “verzul” (*grue*) aplica-se a qualquer objeto que observado antes do tempo *t* é verde e também a qualquer outro objeto que seja azul (GOODMAN, 1983, p. 74). Consideremos o tempo *t* como se referindo ao dia de hoje. Se nós observamos diversas esmeraldas verdes até o dia de hoje, tais observações fornecem evidência para a hipótese de que “toda esmeralda é verde”. Entretanto, elas também fornecem evidência para a hipótese de que “toda esmeralda é “verzul”, já que essa hipótese supõe que toda esmeralda observada antes do dia de hoje é verde. Nesse sentido, a observação de esmeraldas verdes é evidência para duas hipóteses distintas. Essa distinção fica clara quando consideramos o que as duas hipóteses supõem acerca das esmeraldas *após* o tempo *t* (após o dia de hoje). Por um lado, “toda esmeralda é verde” supõe que toda esmeralda, observada antes e depois de hoje, é verde. Por outro lado, “toda esmeralda é verzul” supõe que toda esmeralda observada depois de hoje é azul. Contudo, por todas as esmeraldas verdes observadas até hoje, as pessoas inferem que esmeraldas observadas depois de hoje serão verdes ou azuis?

Nelson Goodman (1983, p. 74) afirma que todos nós sabemos qual é a inferência normalmente praticada pelas pessoas. Segundo ele, todos nós inferimos que esmeraldas serão verdes, mas não azuis. Isso é evidência de que a hipótese “toda esmeralda é verde” é projetável, pois as observações de esmeraldas verdes confirmam e dão credibilidade a essa hipótese, levando-nos a inferir que esmeraldas futuras também serão verdes. Quanto mais observamos esmeraldas verdes, mais esperamos que esmeraldas encontradas serão verdes. Já a hipótese de que “toda esmeralda é verzul” não é projetável. Apesar de observarmos esmeraldas verzuais (verdes até hoje), essas observações não conferem credibilidade à inferência de que esmeraldas observadas amanhã serão verzuais (i.e, azuis). Traçada essa diferença, a questão que permanece é saber efetivamente *porque* nós inferimos do verde para o verde, mas não do verde para o azul. Afinal, porque a primeira inferência é projetável (e, por isso, confiável), ao passo que a segunda não?⁴¹

No célebre artigo “Natural Kinds”, de 1969, Quine afirma:

⁴¹ Esse problema é apresentado por Goodman como o “novo paradoxo da indução” (1983). Segundo o autor, não deveríamos buscar uma resposta ao problema humano da indução, o qual consistiria em fornecer uma justificação lógica, e não circular, para os raciocínios indutivos. Ao contrário, deveríamos explicar porque certas induções são confiáveis e outras não.

A resposta intuitiva está na similaridade, por mais subjetiva que seja. Duas esmeraldas verdes são mais similares do que duas verzuís seriam, caso apenas uma delas fosse verde. Coisas verdes, ou pelo menos, esmeraldas verdes, são uma espécie [*kind*]. Um predicado projetável é um predicado que é verdadeiro de todas as coisas e apenas das coisas de uma espécie (QUINE, 1975, p. 186).

Nessa passagem, encontramos certa vinculação entre projetibilidade e tipos naturais, a qual estará presente em diversos outros autores, dentre eles, Richard Boyd. Quine entende que predicados projetáveis, como “verde”, são aqueles que se aplicam a instâncias de um mesmo tipo natural. O predicado “verde” pode ser aplicado a todas as esmeraldas, em oposição ao predicado “verzul”, porque as esmeraldas verdes formam um tipo natural. Nesse sentido, podemos considerar a cor verde como uma similaridade natural existente entre esmeraldas. Isso torna a hipótese “todas as esmeraldas são verdes” projetável e, por isso mesmo, confiável. Tal hipótese baseia-se no nosso reconhecimento de similaridades naturais com ou sem a ajuda da ciência. De maneira análoga, poderia ser dito que a hipótese “toda chama (de fogo) exposta ao sódio torna-se amarela” é projetável na medida em que “o efeito da cor amarelada a partir da exposição ao sódio” é algo que se predica das instâncias de um mesmo tipo natural: o fogo. Cada exposição do fogo ao sódio que resulta em chamas de cor amarela confirma a hipótese, pois se aplica a um tipo natural. Assim sendo, o sucesso de induções deriva do fato de elas serem projetáveis, o que, por sua vez, deriva do fato delas predicarem sobre membros do mesmo tipo natural.

Interessa-nos agora notar algumas particularidades da relação entre projetibilidade e tipos naturais para Richard Boyd. O filósofo americano afirma que, para ser projetável, uma hipótese precisa caracterizar fenômenos com base em teorias de fundo [*background theories*] bem estabelecidas na comunidade científica (BOYD, 1991, p. 136). Isso significa dizer que as hipóteses projetáveis são justificadas a partir de inferências extraídas das teorias previamente aceitas. Além disso, o conteúdo semântico das hipóteses projetáveis depende do conteúdo teórico (que envolve inobserváveis) e do conteúdo observacional (que envolve observáveis) das teorias de fundo⁴². Os termos expressos pelas hipóteses ganham sentido a partir dessas teorias. Desse modo, Richard Boyd (1991, p. 137) conclui que elas são sempre julgamentos *a posteriori*. Novos dados empíricos ou alterações no conteúdo teórico podem gerar mudanças nas teorias de fundo, conseqüentemente alterando a justificação ou o conteúdo das hipóteses projetáveis.

⁴² A distinção entre fenômenos ou entidades observáveis e inobserváveis possui lugar de destaque na filosofia da ciência contemporânea (VAN FRAASSEN, 1980). Grosso modo, observável é aquilo que pode ser detectado pelos sentidos sem o auxílio de instrumentos científicos, enquanto inobservável é tudo aquilo que só pode ser detectado mediante tais instrumentos. Disso se segue que a caracterização dos inobserváveis envolve um vocabulário “teórico”, desenvolvido no interior da teoria, cujo conteúdo semântico depende desta última.

O caráter *a posteriori* das hipóteses projetáveis relaciona-se aos tipos naturais. Segundo Richard Boyd (1991), tipos naturais são ferramentas de *deferência* na formulação de hipóteses projetáveis⁴³. Trata-se de “etiquetas” que se conectam à estrutura causal do mundo, mas cuja definição específica só é dada *a posteriori*. Na indução envolvendo o sódio e o fogo, por exemplo, o termo “fogo” corresponde a um tipo natural e denota algo no mundo. A definição correta de “fogo” só pode ser determinada *a posteriori*, no sentido de que depende de uma teoria de fundo correta. Sendo cada tipo natural definido *a posteriori*, nossa compreensão do termo “fogo” pode mudar tão logo nosso conhecimento científico mude. Por conseguinte, o conteúdo e a justificação que atribuímos a hipótese projetável também podem mudar. Assim sendo, o caráter revisável das hipóteses projetáveis deve-se, ao menos em parte, ao caráter revisável dos tipos naturais que nelas figuram. Richard Boyd (1991, p. 139) afirma ainda que não existe uma maneira *a priori* de identificar e justificar hipóteses projetáveis, dado seu caráter *a posteriori*. A projetibilidade das hipóteses, sua justificação e reconhecimento dependem da presença de tipos naturais.

Vale indicar como essa caracterização dos tipos naturais relaciona-se ao *realismo científico*. Richard Boyd (1980, 1983) é conhecido como um dos principais defensores da posição realista, segundo a qual as teorias científicas almejam fornecer descrições verdadeiras (ou aproximadamente verdadeiras) e literais sobre o mundo. Nessa perspectiva, entende-se que todos os termos postulados pelas teorias são referenciais, isto é, denotam entidades existentes no mundo. Isso vale, inclusive, para termos que se referem a entidades inobserváveis, como elétrons, fótons e campos gravitacionais (BOYD, 1983, p. 613). Outro traço importante do realismo assumido por Richard Boyd é que o progresso das ciências depende de aproximação progressiva em direção à verdade. Quanto mais próxima da verdadeira descrição dos fenômenos tiver uma teoria, diz o filósofo, mais bem sucedida ela será (BOYD, 1980, p. 65). Note que esse raciocínio está na base da tese da acomodação descrita anteriormente. Essa tese defende que os tipos naturais mediam a relação entre realidade e práticas epistêmicas, contribuindo para o sucesso de tais práticas. Esse sucesso depende da precisão com que nossos esquemas de classificação capturam a estrutura causal do mundo. Assim sendo, tal sucesso seria por si só evidência da verdade (aproximada) das teorias e da existência das entidades que postulam⁴⁴.

⁴³ A teoria causal da referência de Hilary Putnam (1975) e Saul Kripke (1980) serve de inspirações para as considerações de Richard Boyd sobre o papel dos tipos naturais em inferências indutivas. Ao mesmo tempo, nas próximas seções ficará claro como, apesar de sua vinculação à Putnam e à Kripke, Richard Boyd desenvolve uma teoria dos tipos naturais bem diferente daquela proposta por esses filósofos.

⁴⁴ O tipo de raciocínio subjacente à tese da acomodação e boa parte da argumentação realista corresponde à chamada “inferência para a melhor explicação”. Esse raciocínio infere a verdade de uma hipótese a partir de considerações explicativas dela, ou seja, a partir de considerações sobre como ela se adéqua às evidências. O sucesso das práticas epistêmicas é visto como evidência para a verdade (ainda que aproximada) das teorias que a sustentam (OKASHA, 2002a).

Por fim, percebe-se que a adoção do viés epistemológico por Richard Boyd é justificada do ponto de vista de seu realismo. Afinal, o filósofo presta-se a investigar as práticas epistêmicas ao entender que seu sucesso revela algo sobre a estrutura do mundo. Induções envolvendo tipos naturais são bem sucedidas, pois esses tipos capturam traços causais da realidade. Nesse sentido, a epistemologia é o caminho para se compreender a ontologia. Na próxima seção nós analisaremos como os elementos epistemológicos e ontológicos se relacionam na teoria dos tipos *clusters de propriedades homeostáticas* (CPH) de Boyd, com especial atenção à sua aplicação às espécies biológicas.

3.2 *Clusters de Propriedades Homeostáticas*

Na perspectiva de Richard Boyd (1999b, p. 147) o caráter “natural” dos tipos naturais está relacionado ao quanto eles contribuem para a acomodação dos nossos esquemas classificatórios à estrutura causal do mundo. Segundo o filósofo, nós só podemos falar que os tipos são naturais – e não artificiais – no sentido de que eles promovem a convergência entre classificação e mundo. Essa convergência é evidenciada, como exposto na tese da acomodação, pelo sucesso das práticas epistêmicas. Quanto maior esse sucesso, maior será a *naturalidade* dos tipos, ou seja, melhor eles capturarão divisões naturais da realidade.

A proposta boydiana não toma a naturalidade dos tipos como algo absoluto. Dado que ela está vinculada a nossas práticas epistêmicas e estas são diferentes dependendo dos campos do conhecimento no qual figuram, devemos concluir que a naturalidade é *relativa* a esses campos de conhecimento (BOYD, 1999b, p. 148). Estes últimos são chamados de *matrizes disciplinares*⁴⁵. As matrizes disciplinares não correspondem necessariamente às divisões entre disciplinas conhecidas na comunidade acadêmica, mas sim a uma família de práticas epistêmicas dotada de uma mesma base conceitual. Por exemplo, estados psicológicos são tipos naturais dentro de uma única matriz disciplinar que pode englobar tanto psicologia quanto sociologia, antropologia e outras disciplinas. Boyd admite que o limite entre as diferentes matrizes disciplinares é vago. Por outro lado, ele defende que ainda assim a diferença entre elas é importante: essa diferença diz respeito às *demandas de acomodação* próprias de cada uma delas. Tais demandas são requisitos teóricos e

⁴⁵ O termo “matriz disciplinar” possui uso consagrado na filosofia da ciência por Thomas Kuhn (1962), sendo utilizado como um substituto de “paradigmas” na obra desse filósofo. A despeito de possíveis semelhanças, manteremos o uso desse termo tal como entendido por Richard Boyd.

práticos que cada matriz deve cumprir a fim de acomodar seus esquemas classificatórios à estrutura causal do mundo. Como cada matriz disciplinar possui uma base conceitual e uma classificação diferente, é de se esperar que possuam demandas de acomodação diferentes. O reconhecimento dessa diferença é o primeiro passo para a formulação de uma nova e abrangente teoria dos tipos naturais, a qual é o objetivo de Richard Boyd.

3.2.1 O que tipos naturais *não* precisam ser

No capítulo anterior deste trabalho nós caracterizamos certa “tradição dos tipos naturais” bastante disseminada na filosofia, segundo a qual tipos naturais são definidos por propriedades necessárias e conjuntamente suficientes. Essas propriedades são intrínsecas e qualitativas, pois fazem parte da constituição *material* das instâncias do tipo. Nós expusemos que essa tradição está ligada ao *essencialismo de tipo*, para a qual as referidas propriedades seriam essenciais, imutáveis e independentes de variáveis espaço-temporais.

Partindo da tese da acomodação, Richard Boyd (1999b, p. 151-156) denuncia o caráter restritivo da caracterização acima. O filósofo afirma que não é necessário que os tipos naturais tenham as características descritas, em especial se levarmos em conta a grande diferença entre as matrizes disciplinares e suas demandas de acomodação específicas. A aceitação da tradição dos tipos naturais impediu que os filósofos apreciassem essa diferença. Segundo Boyd (1999b, p. 146), tamanha aceitação advinha, em grande medida, da influência do empirismo lógico. Os empiristas lógicos disseminavam um ideal de rigor científico, inspirando-se em uma visão idealizada da Física elementar. Dessa ciência eles acreditavam extrair exemplos de definições terminológicas precisas, bem como exemplos pretensamente inequívocos de leis científicas (BOYD, 1999b, p. 151). Nesse contexto, as leis foram entendidas como generalizações universais, eternas e que não admitiriam exceção. Tais generalizações nada mais seriam do que hipóteses projetáveis, as quais possuem tipos naturais como seus constituintes.

Uma importante influência do empirismo lógico sobre a concepção tradicional dos tipos naturais foi concebê-los como parte de generalizações universais, eternas e que não admitem exceção (i.e, leis científicas). Entretanto, se este fosse realmente o caso nós deveríamos admitir que diversas ciências não possuem leis e tipos naturais. Recusando essa consequência, Richard Boyd afirma os tipos naturais não figuram apenas em generalizações universais, já que estão presentes sempre que houver a necessidade de explicar o sucesso de nossas práticas epistêmicas em geral.

É evidente que tal sucesso ocorre mesmo naquelas ciências que não dispõem de leis (BOYD, 1999b, p. 152). Boyd defende que tipos naturais desempenham um papel importante em generalizações projetáveis, mas estas não precisam ser imutáveis e universais. O filósofo cita o exemplo da Biologia e da Geologia para ilustrar esse ponto. Segundo ele, o grande número de fatores causais e contingências históricas que afetam os fenômenos biológicos e geológicos inviabilizam a formulação de generalizações universais e imutáveis (BOYD, 1999b, p. 153). Tal inviabilidade faz com que a tarefa de acomodar nossas classificações à estrutura causal do mundo seja mais difícil e complexa, mas não menos necessária.

Ao contrário do que sugere o empirismo lógico, Richard Boyd afirma que os tipos naturais não precisam ser definidos por propriedades necessárias e conjuntamente suficientes, muito menos por propriedades intrínsecas e qualitativas. Pensemos em fenômenos ou padrões meteorológicos, como tempestades, por exemplo. Boyd chama nossa atenção para a impossibilidade de definirmos tais fenômenos (enquanto *tipos naturais*) de modo exato. Não há porque esperar que “tempestade” seja caracterizada por um conjunto finito de propriedades necessárias e conjuntamente suficientes se este conjunto não abarca todos os fatores causais que produzem o referido tipo natural. Além disso, não há porque negar *a priori* que fatores relacionais (i.e, não intrínsecos e não qualitativos) possam contar como propriedades que definem os tipos. Não resta dúvida de que fenômenos meteorológicos são definidos, ao menos em parte, por características relacionais, dependentes do meio externo. Richard Boyd (1999b, p. 153) nos oferece outro exemplo de tipos naturais definidos por propriedades relacionais: papéis sociais como o de “macho alfa”. Esse papel social não é uma propriedade interna a cada objeto que a possui, mas só existe em um meio social e a partir do que acontece nesse meio específico.

Outra característica restritiva dos tipos naturais motivada pelo empirismo lógico é sua não historicidade: recusa-se que os membros de um tipo natural qualquer sejam *necessariamente* restritos a uma parcela do espaço-tempo (BOYD, 1999b, p. 154). Contudo, tal recusa também não é implicada pela tese da acomodação, diz Richard Boyd, sob pena de não aceitarmos tipos naturais em disciplinas como história, economia e ciências políticas. É de se esperar que nessas ciências pelo menos alguns tipos sejam restritos no espaço-tempo. Um exemplo oferecido pelo filósofo consiste em tipos naturais definidos por periodização histórica, como “feudalismo europeu”. Por definição os membros desse tipo são eventos e processos circunscritos a um período histórico. Tais eventos e processos adquirem importância teórica (explicativa) apenas se compreendidos a partir dessa periodização. Por isso, Boyd conclui que tipos naturais definidos por meio de periodização histórica

não deixam de ser relevantes na explicação do sucesso de nossas práticas epistêmicas⁴⁶.

Na tradição do empirismo lógico as definições atribuídas aos tipos naturais são consideradas eternas e imutáveis (BOYD, 1999b, p. 156). Se a definição correta de “água” é “H₂O”, por exemplo, supõem-se (i) que ela permaneça como tal para todo sempre e (ii) que todas as instâncias de água sejam necessariamente compostas de H₂O. Todavia, Richard Boyd lança mão de alguns exemplos para mostrar que esse nem sempre é o caso. O filósofo alude aos conceitos de cristianismo, islamismo, empirismo, dentre outros, pressupondo que eles denotam tipos naturais. Boyd defende que a definição correta desses conceitos não permanece intacta com o passar do tempo, dado que suas propriedades características se alteram. Por conseguinte, as instâncias desses conceitos não precisam compartilhar *um mesmo* conjunto de propriedades necessárias e conjuntamente suficientes.

A argumentação de Richard Boyd até aqui pode parecer superficial, em especial se considerarmos a estranheza dos exemplos oferecidos. Afinal, porque conceitos como “feudalismo europeu” e “empirismo” referem-se a tipos naturais? Entretanto, em certo sentido essa é a pergunta que o próprio Boyd quer nos fazer refletir. O filósofo rompe com uma investigação dos tipos naturais centrada em conceitos e práticas da Física idealizada e adota como ponto de partida o princípio de que cada ciência (i.e. *matriz disciplinar*) precisa acomodar suas classificações à estrutura causal do mundo. Cada ciência possui seus próprios tipos naturais, por mais diferentes que sejam. Assim sendo, não há razão para que a física elementar estabeleça uma definição geral de “tipos naturais” que se aplique *a priori* às demais ciências. Ao contrário, é necessário compreender quais são os tipos naturais em cada ciência a partir das particularidades de suas práticas explicativas. Se os tipos naturais possuem uma estrutura e definição geral, esta precisa ser abrangente o suficiente para permitir que os tipos e práticas explicativas das diferentes ciências sejam contemplados. Essa é a grande lição do viés epistemológico adotado por Richard Boyd: primeiro devemos entender as particularidades das ciências e os papéis que os tipos naturais desempenham em seu interior, depois podemos almejar fornecer uma definição global de “tipos naturais”.

⁴⁶ O caráter histórico dos tipos naturais possui dois sentidos diferentes na argumentação de Boyd. Por um lado, tipos como “feudalismo europeu” são definidos por meio de variáveis espaço-temporais: a Europa do século IX ao século XVII. Por outro lado, o filósofo também menciona tipos como “economia feudal”, os quais não são definidos em termos espaço-temporais, mas por meio de características econômicas que *em princípio* poderiam ocorrer em diversos lugares e momentos. Neste último caso, o caráter histórico dos tipos figura no fato de que, para instanciar as características econômicas correspondentes, seus membros precisam se situar em condições históricas determinadas. Alguém poderia alegar que esse segundo sentido não é *irredutivelmente* histórico, pois não são os tipos que se definem historicamente. Não obstante, a argumentação de Boyd quer nos persuadir apenas de que não há motivos para recusar *a priori* a existência de tipos restritos no espaço-tempo.

3.2.2 O que são tipos naturais

Ao romper com a tradição dos tipos naturais e a influência do empirismo lógico, Richard Boyd (1991, 1999a, 1999b) se vê diante da tarefa de propor uma nova teoria dos tipos naturais. Essa teoria denominou-se teoria dos “*clusters de propriedades homeostáticas*” (CPH). De acordo com ela, para cada tipo natural há um conjunto (F) de propriedades agrupadas de forma contingente, nenhuma das quais é individualmente necessária para seus membros (BOYD, 1999b, p. 142). Tais propriedades são *coinstanciadas* com frequência pelos membros do tipo, ou seja, elas figuram ao mesmo tempo em muitos desses membros. Nesse sentido, (F) não é um conjunto de propriedades necessárias e conjuntamente suficientes, mas o que chamamos de um conjunto *cluster*: um conjunto definido por propriedades frequentes, mas que (i) nenhuma delas é necessária para o conjunto e (ii) nenhuma delas é exclusiva do conjunto (ERESHEFSKY, 2001, p. 24). Isso significa que nem todos os membros de um tipo precisam instanciar cada uma das propriedades de (F), nem que essas propriedades precisam figurar *apenas* nos membros desse tipo. Importante é que todos os membros instanciem *algumas* propriedades de (F). Em outras palavras, cada membro do tipo natural instancia um *subconjunto* de (F), não necessariamente o mesmo, de modo que tal instanciação é *suficiente* para seu pertencimento ao tipo natural. Nota-se que a condição de *suficiência* é flexibilizada, pois a instanciação de subconjuntos de (F) torna-se suficiente para algo pertencer ao tipo natural.

A teoria de Richard Boyd (1999b, p. 143) assume que a coinstanciação das propriedades de (F) resulta da *homeostase*. Esta não consiste no mecanismo estritamente genético descrito no capítulo anterior como “homeostase genética”, mas em uma inter-relação estável entre as diferentes propriedades de (F). Trata-se da tendência ao aparecimento conjunto dessas propriedades. Boyd afirma que essa tendência se expressa de duas formas. Em primeiro lugar, a presença de algumas propriedades de (F) nos membros do tipo natural pode favorecer a presença de outras propriedades nos mesmos membros. Um exemplo desse favorecimento ocorre na química, quando o grau de ductibilidade dos materiais químicos tende a influenciar seu grau de maleabilidade e vice-versa. Em segundo lugar, podem existir mecanismos capazes de gerar ou transmitir inúmeras propriedades ao mesmo tempo, produzindo sua coinstanciação. Essa segunda forma de homeostase ocorre quando, supondo que as espécies possam servir de exemplo, a reprodução promove a transmissão conjunta de muitas propriedades orgânicas ao longo de suas gerações (BOYD, 1999b, p. 165).

As duas formas de homeostase não são excludentes. Ambas podem atuar ao mesmo tempo, contribuindo para que as propriedades de (F) sejam frequentemente coinstanciadas. Richard Boyd (1999b, p. 144) chama de “*mecanismos homeostáticos*” todos os mecanismos produtores da

homeostase. Já os elementos de (F) ele denomina “*propriedades homeostáticas*”, dado que sua coinstanciação é fruto de homeostase. Assim colocado, podemos dizer que sua teoria possui dois níveis básicos: (i) o conjunto *cluster* de propriedades em homeostase e (ii) os mecanismos que a produzem. Boyd (1999b, p. 143) sustenta que a conjunção entre os dois níveis é aquilo que explica as capacidades causais dos CPH e fornece sua *definição natural*. Essa definição corresponde ao critério de agrupamento dos tipos naturais, já que não se pode prescindir de (F) nem dos mecanismos homeostáticos para tanto.

Embora Boyd não diga explicitamente, somos levados a crer que os mecanismos homeostáticos também formam um *cluster*. Afinal, nenhum deles é individual ou conjuntamente necessário e nem exclusivo dos membros de determinado tipo natural. Esses mecanismos são apenas frequentes. Nesse sentido, chamaremos o conjunto *cluster* dos mecanismos homeostáticos de (F*). Bastaria instanciar algum subconjunto de (F*) – somado a um subconjunto de (F) – para que algo pertencesse a certo tipo natural (BOYD, 1999b, p. 143-144). Vale lembrar que os elementos de (F) e (F*) não precisam ser intrínsecos e qualitativos. Relações de diversas naturezas podem ser consideradas propriedades e mecanismos homeostáticos, se assim o contexto teórico exigir.

Os CPH não possuem definição natural *a priori*, mas *a posteriori*. Segundo Richard Boyd (1999b, p. 144), (F) e (F*) só podem ser determinados a partir de estudos empíricos, de maneira que a definição de cada tipo natural possa ser revista a qualquer momento. Isso implica que nosso conhecimento da extensão dos tipos naturais depende do aporte empírico e também pode ser revista. Com tal revisão, muitas instâncias de um tipo podem deixar de fazer parte dele ao passo que novas instâncias podem ser a ele incorporadas. Por exemplo, se algum dia se acreditou que baleias eram instâncias de peixes, há muito tempo isso foi revisado e está fora de questão na Sistemática Filogenética (QUINE, 1975, p. 198). A despeito da possibilidade de revisão, existe um elemento irredutivelmente vago na extensão dos CPH. Por um lado, os membros do tipo natural não instanciam todas as propriedades e mecanismos homeostáticos. Por outro, as propriedades e mecanismos que eles instanciam também podem estar em parte presentes em membros de outros tipos naturais. Disso se segue que a fronteira entre os tipos (e seus membros) nunca será inteiramente clara. Mais além, se segue também que não há parâmetros definitivos para se arbitrar sobre ela (BOYD, 1999b, p. 144).

Foi dito inicialmente que para ser membro de um tipo natural basta que uma entidade instancie um subconjunto de (F) e também de (F*). Por sua vez, deve ficar claro que um membro do tipo natural não pode instanciar qualquer subconjunto de (F) e/ou (F*). Richard Boyd (1999b, p. 144) admite que as propriedades e mecanismos homeostáticos de um tipo natural possuem

relevância variada, podendo contribuir variadamente para que entidades comportem-se como membros de um tipo natural específico. Grosso modo, é necessário que cada membro de um tipo natural instancie um subconjunto de (F) e (F*) que seja *representativo* o bastante para fazer dele um membro daquele tipo natural. A pergunta que podemos fazer então é a seguinte: em que consiste essa representatividade? Como determiná-la? Boyd apenas diz que ela também é determinada *a posteriori*.

A questão sobre a relevância ou representatividade dos subconjuntos de (F) e (F*) liga-se a outra questão: qual é o papel causal dos elementos de (F)? Sabemos que os elementos de (F*) têm o papel causal de produzir a coinstanciação dos elementos de (F). Sabemos também que a conjunção entre (F) e (F*) fornece a definição natural do tipo natural e explica todas as suas capacidades causais. Por fim, sabemos que os elementos de (F) são capazes de se reforçar mutuamente. Mas ao mesmo tempo em que nota a influência das propriedades homeostáticas umas sobre as outras, Boyd dá a entender que o *cluster* (F) também engloba propriedades superficiais e sem poder causal sobre as demais (BOYD, 1999a, p. 141). Isso nos leva a crer que as propriedades homeostáticas de (F) possuem força causal variada. Embora o conjunto de mecanismos homeostáticos por definição não incorpore elementos sem poder causal algum, é razoável admitir que seus mecanismos também possuem força causal variada. Essa constatação reforça o caráter vago da extensão dos tipos CPH e a dificuldade em determinar a representatividade dos subconjuntos de (F) e (F*).

Outro aspecto dos CPH mostra-se distintivo. Richard Boyd afirma que os conjuntos *clusters* (F) e (F*) não precisam possuir sempre as mesmas propriedades e mecanismos:

Ao contrário, o *cluster* de propriedades é individuado como um (*tipo* ou *token* de) objeto ou processo histórico: certas mudanças ao longo do tempo (e no espaço) nas propriedades do *cluster* ou nos mecanismos homeostáticos subjacentes preservam a identidade do *cluster* (BOYD, 1999, p. 144).

Boyd defende que (F) e (F*) podem ter seus elementos alterados, sem, contudo, deixar de definir um mesmo tipo natural. Isso leva a crer que os tipos naturais se modificam ao longo do tempo, no sentido de que seus membros são bem diferentes de uma época para outra. Nesse ponto, é importante notar o quão distante os CPH estão do essencialismo de tipo. Esse essencialismo postula propriedades que são, para todo o sempre, as condições necessárias e conjuntamente suficientes para que uma entidade pertença a determinado tipo. A mudança de propriedades e mecanismos significa, para essa teoria, que não se trata de um mesmo tipo natural. Por essas e outras limitações o essencialismo de tipo não é adequado para Richard Boyd. Todavia, é interessante que este autor acabe se comprometendo com uma nova forma de essencialismo:

Eu estou oferecendo uma abordagem alternativa ao problema do essencialismo. Eu argumentarei que espécies (e provavelmente alguns *taxa superiores*) possuem essências reais e definidoras, mas tais essências são bem diferentes daquelas presentes na tradição criticada por Mayr, Hull e outros (BOYD, 1999b, p. 145-146).

Richard Boyd não oferece uma teoria essencialista clara. Segundo ele, o que há de fundamental no essencialismo é que as essências estabelecem a ponte entre nossas classificações e o mundo. Não é imprescindível que elas sejam propriedades intrínsecas, qualitativas, imutáveis, necessárias e conjuntamente suficientes ao tipo. Não obstante, elas precisam garantir que nossos esquemas classificatórios capturem aspectos causais do mundo. É comum dentre os adeptos e críticos do CPH interpretar as essências de Boyd como se referindo aos mecanismos homeostáticos (STERELNY; GRIFFITHS, 1999). Essa interpretação ganha suporte em algumas passagens (BOYD, 1991, p. 142). Todavia, outras passagens indicam que as essências seriam as propriedades homeostáticas coinstanciadas ou simplesmente tudo aquilo que existe “lá fora” (BOYD, 1999a: 85). Apesar dessa falta de clareza, o importante é que as essências *não* são traços necessários e conjuntamente suficientes dos tipos naturais, mas propriedades e/ou mecanismos dotados de relevância causal e promovedores da acomodação entre nossas classificações e o mundo.

Devemos admitir a estranheza do essencialismo advogado por Richard Boyd. Afinal, esse essencialismo aceita que essências variem entre objetos do mesmo tipo natural e ao longo do tempo. Talvez esse essencialismo pareça flexível demais, distinguindo-se pouco da posição realista *per se*. O que há de distintivo nesse essencialismo que não esteja presente em uma posição realista? Ainda que possamos dizer que o essencialismo de Boyd não é um verdadeiro “essencialismo”, isso não afeta o rompimento radical que o autor promove frente à caracterização tradicional dos tipos naturais.

3.2.3 Espécies biológicas: CPH na evolução

A partir de agora discutiremos se as espécies biológicas podem ser encaradas como CPH. Primeiramente, essa discussão será feita no contexto da Biologia Evolutiva, contexto que originalmente interessava a Richard Boyd. O tratamento conferido às espécies nesse contexto fornece os elementos básicos para seu tratamento na Sistemática Filogenética, o que será feito nas seções posteriores.

Richard Boyd (1999b, p. 164) julga incontroverso que as espécies biológicas exibam o tipo de *homeostase* característica dos CPH. O autor entende que as espécies *se manifestam* por meio de

padrões razoavelmente estáveis (i.e, homeostáticos). Tais padrões compõem-se de caracteres comportamentais, fisiológicos, morfológicos e genéticos, os quais podemos identificar como os elementos de (F). Segundo Boyd, esses padrões são resultado de mecanismos homeostáticos conhecidos, como o fluxo gênico e as pressões ambientais (seletivas). É importante notar que esses mecanismos homeostáticos são os mesmos elencados por David Hull como *mecanismos de coesão* no contexto da tese individualista. Isso vai ao encontro do caráter incontrovertido daquilo que ambos os teóricos querem explicar. Afinal, tanto defensores dos CPH quanto dos indivíduos procuram acomodar o fato óbvio de que espécies possuem uma uniformidade geral em termos de comportamento, fenótipo (morfologia e fisiologia) e genótipo. Desse ponto de vista, portanto, não há vantagem em tratar as espécies como indivíduos ou CPH.

Richard Boyd investiga não apenas a categoria dos tipos naturais, mas também a categoria de indivíduos a partir de um viés epistemológico (BOYD, 1999a, p. 162). Ele não parte de uma definição ontológica do que são indivíduos, mas primeiro pergunta qual é o papel dessa categoria nas práticas indutivas e explicativas na ciência.

Boyd (1999b) diz que devemos aplicar a tese da acomodação também à categoria de indivíduos. Isso significa dizer que o sucesso de nossas práticas epistêmicas na ciência depende de aquilo que se denomina “indivíduo” capturar certas estruturas causais do mundo. A questão que se coloca é saber *como* a categoria de indivíduo contribui para o alinhamento entre práticas epistêmicas e a estrutura causal do mundo e qual sua diferença para a contribuição dos tipos naturais para tal alinhamento. O filósofo afirma que

[...] uma falha na habilidade de reconhecer os vários estágios de maturação de um organismo *como estágios de um mesmo organismo* iriam prejudicar a indução e explicação na biologia [...] (BOYD, 1999, p. 163).

No contexto de onde esse trecho foi retirado, subentende-se que o organismo é caracterizado como um indivíduo⁴⁷. Nesse caso, indivíduos possuem existência no tempo e o reconhecimento dessa persistência como diferentes momentos de *um mesmo* indivíduo contribui para o sucesso de práticas epistêmicas na Biologia. Assim, a categoria de indivíduos desempenha papéis na acomodação entre classificação e mundo ao enfatizar, por exemplo, o reconhecimento, o rastreamento e o desenvolvimento dos diferentes momentos temporais de uma mesma entidade⁴⁸.

⁴⁷ A exemplo de David Hull, Richard Boyd considera os organismos exemplos paradigmáticos de indivíduos. Ainda que nem todos os indivíduos sejam organismos, estes emulam as características ontológicas e funções epistemológicas centrais atreladas ao conceito “indivíduo”. Essa relação entre organismo e indivíduo será aprofundada no próximo capítulo.

⁴⁸ Novamente nos vemos diante da tentação de associar essa discussão ao debate metafísico sobre endurantismo-perdurantismo. Ressaltamos que essa associação não é necessária e, por esse motivo, evitamos o vocabulário de

Mais especificamente, tal reconhecimento, rastreamento e desenvolvimento são pressupostos a partir dos quais as práticas epistêmicas envolvendo indivíduos está assentada.

Richard Boyd afirma que existe grande similaridade entre o papel que indivíduos e tipos naturais desempenham na acomodação entre classificação e mundo. Para ele, momentos ou instantes temporais de um organismo muitas vezes podem ser tratados como formando um tipo natural, não um indivíduo. Diferentes instantes temporais seriam membros de um mesmo tipo natural, não “instantes” de um mesmo indivíduo. Nesse caso, poderíamos ser levados a dizer que o sucesso da prática epistêmica envolvendo um organismo independeria de o tratarmos, por exemplo, como um indivíduo que permanece o mesmo ao longo de seus instantes temporais ou como um tipo natural que teria tais instantes como membros. Na prática epistêmica, conclui Boyd, quase não haveria diferença entre um tratamento e outro. Ele diz:

O que eu proponho é que ao notar as similaridades entre os papéis indutivos e explicativos desempenhados pelos tipos naturais, por um lado, e pelos indivíduos, de outro, nós possamos compreender porque a distinção entre tipos naturais e indivíduos (naturais) é, em um sentido importante, meramente pragmática (BOYD, 1999b, p. 164).

Contudo, será que essa distinção é sempre pragmática? Mais a frente no mesmo artigo Richard Boyd (1999b, p. 166) aponta a diferença crucial entre tipos naturais e indivíduos. Ele sugere que o que é mais relevante para as práticas epistêmicas envolvendo indivíduos, ou seja, aquilo que mais conta para a acomodação entre classificação e mundo, consiste no reconhecimento da *dinâmica e continuidade histórica* entre seus instantes temporais. Na investigação de um organismo, por exemplo, a prática bem-sucedida não dependeria apenas de supormos que estágios de maturação são estágios, ou instantes, temporais de um mesmo organismo. Ela dependeria de rastreamos o desenvolvimento e continuidade histórica (causal) entre esses instantes. Por sua vez, o que é mais relevante para as práticas envolvendo tipos naturais não é tal continuidade, mas sim as propriedades partilhadas por seus membros. Poderíamos dizer, por exemplo, que inferências confiáveis envolvendo o tipo químico “ouro” pressupõem a capacidade de identificarmos propriedades comuns à suas instâncias⁴⁹.

Aceitemos, por força de argumentação, que os organismos são tipos naturais compostos por

“estágios” e “partes” temporais, optando por “instantes temporais”.

⁴⁹ Ao opor propriedades compartilhadas e relações históricas entre instantes temporais de um organismo, Richard Boyd incorre em uma dicotomia que ele próprio havia criticado. Um dos aspectos de sua crítica da concepção tradicional de tipos naturais é que ela trata propriedades sempre como características intrínsecas e não relacionais dos membros do tipo. Boyd entende que relações podem ser propriedades homeostáticas. Por sua vez, ao descrever a diferença epistemológica entre tipos e indivíduos, ele não leva essa possibilidade a fundo. Isso porque a diferença entre tipos e indivíduos só existe se supormos que relações históricas *não* são propriedades que os membros de um tipo natural possam ter em comum. Retomaremos esse ponto mais à frente.

diferentes instantes temporais, isto é, membros que se sucedem no tempo. Para Boyd, tal aceitação implicaria que as inferências bem-sucedidas envolvendo organismos baseiam-se fundamentalmente na suposição de que seus instantes temporais possuem propriedades em comum, mas não de que existem relações causais e históricas entre eles. Não há dúvida de que organismos existem ao longo do tempo, de modo que existem relações histórico-causais entre seus instantes temporais. Todavia, o que está em jogo é saber que tipo de relação entre esses instantes temporais é mais fundamental quando inferimos, generalizamos, predizemos e explicamos fenômenos orgânicos (em determinados contextos teóricos). Por um lado, pode-se querer enfatizar a similaridade entre esses instantes temporais, o que implicaria assumir que tais instantes compõem um tipo natural. Por outro lado, pode-se querer enfatizar a dinâmica histórico-causal entre os instantes, implicando a categoria de “indivíduos”. Desse modo, a diferença entre tipos naturais e indivíduos é, antes de mais nada, epistemológica: ela diz respeito ao tipo de pressuposto para inferências, generalizações, predições e explicações em determinados contextos⁵⁰.

Ao discutir o estatuto ontológico, Richard Boyd volta-se para a função teórica que as espécies desempenham no contexto evolutivo. Lembremo-nos de que, na Biologia Evolutiva, as espécies funcionam como *unidades de evolução*, isto é, cadeias genealógicas ao longo das quais as mudanças evolutivas são acumuladas. A tese individualista parte dessa atribuição e conclui que as espécies são indivíduos, não tipos naturais. Na abordagem de Richard Boyd, entretanto, essa conclusão só pode ser assumida na seguinte condição: aceitar-se que é a continuidade histórica entre os instantes temporais de uma espécie que mais influencia na formulação e no sucesso das práticas indutivas envolvendo espécies biológicas na prática evolucionista. Boyd prossegue:

Se essa conjectura pudesse ser mantida, então a objeção de que espécies biológicas diferem de tipos naturais porque seus membros são unidos mais por relações históricas do que pelas propriedades que partilham seria embasada para o caso das espécies no contexto da teorização evolutiva (BOYD, 1999b, p. 166).

No contexto da Biologia Evolutiva, a conjectura dos individualistas seria de que as induções dependem de levarmos mais em consideração o desenvolvimento histórico-causal das espécies no tempo do que o conjunto de características que seus organismos partilham. Se essa conjectura se mostrar bem sustentada frente ao exame das práticas indutivas evolucionistas, diz Boyd, então poderemos concluir que espécies são indivíduos.

⁵⁰ O viés epistemológico de Richard Boyd é um ganho para o debate, em especial porque nos permite compreender o caráter altamente contextual das categorias de “indivíduos” e “tipos naturais”. É possível conceber que uma mesma entidade biológica, como organismos ou populações, pode ser “indivíduo” e “tipos natural”, pois tal atribuição depende do tipo de investigação que empreendemos.

Richard Boyd (1999b, p. 167) nos convida a examinar os diversos tipos de explicação para fenômenos evolutivos, tais como fenômenos que envolvem seleção natural e deriva genética. Apesar das espécies serem unidades de evolução, linhagens, o filósofo afirma que a explicação de tais fenômenos pressupõe fundamentalmente que elas exibam certa quantidade de propriedades partilhadas entre seus organismos a cada instante de tempo. As explicações evolutivas partem de cenários nos quais os membros de uma espécie possuem muitas propriedades estáveis e comuns, para então avaliar a mudança de outras. Em outras palavras, Boyd entende que as explicações e inferências evolutivas são feitas com base na distribuição de propriedades no interior de uma espécie a cada geração. Assim, ainda que também se pressuponha sua continuidade e desenvolvimento histórico, o que está em jogo nas explicações e inferências evolutivas é primordialmente a redistribuição de propriedades com o passar das gerações (i.e. os instantes temporais das espécies). Assim, espécies não são indivíduos.

Boyd (1999b, p. 166) sugere que a única razão para assumirmos que as espécies são tipos naturais, não indivíduos, advém do fato de que o partilhamento de propriedades é mais importante para as práticas epistêmicas do que o desenvolvimento histórico. Infelizmente o filósofo não explora essa posição, não torna seu exemplo da seleção natural substantivo e utiliza o jargão epistemológico de modo vago. Por outro lado, é importante reconhecer que a maneira como Boyd define a disputa entre tipos naturais e indivíduos não é apenas epistemológica. Segundo ele, se espécies são tipos naturais, seus membros são *unidos* pelo partilhamento de propriedades, mas, se são indivíduos, seus membros são *unidos* por relações históricas (BOYD, 1999b, p. 145-166). Esse ponto nos remete à discussão sobre os *critérios de identidade* de indivíduos e tipos naturais. Afinal, aquilo que torna diferentes entidades membros do *mesmo* tipo natural é o partilhamento de certas propriedades, enquanto o que determina a formação de um único e mesmo indivíduo são as relações causais. Se rompimento dessas relações implica na perda de identidade do indivíduo, é a perda de propriedades que leva ao fim da identidade do tipo natural. Assim sendo, Richard Boyd acaba por estabelecer um vínculo entre nossas práticas epistêmicas e a questão da identidade. Sua argumentação indica que a razão para assumirmos um ou outro critério de identidade para as espécies reside precisamente na compreensão das nossas práticas epistêmicas e seus limites. Infelizmente esse ponto também não é explorado pelo autor.

Richard Boyd finaliza sua defesa dos CPH dizendo que os melhores argumentos em favor da tese individualista reforçam a sua proposta. Com isso, o filósofo quer assegurar que sua teoria acomode as supostas vantagens do individualismo. Na visão dos adeptos da tese individualista, uma espécie é um indivíduo porque (i) seus organismos estão em continuidade histórica, pertencendo a uma população inicial ou sendo descendentes dela e (ii) seus organismos coexistentes são membros

de populações (potencialmente) integradas pela reprodução, donde deriva a coesão da espécie. Supondo que existem boas razões empíricas para aceitar (i) e (ii), diz o filósofo americano, tanto a continuidade quanto a integração reprodutiva das espécies devem ser compreendidas como *mecanismos homeostáticos*: é o fato dos organismos descenderem de um mesmo ancestral e de poderem trocar genes por meio da reprodução que gera, dentre outros fatores, a *homeostase* característica das espécies. Boyd admite que espécies são entidades históricas, localizadas no espaço-tempo, mas afirma que essa historicidade (i) não é preponderante para o desenvolvimento e sucesso de práticas epistêmicas e (ii) não figura no critério de identidade das espécies, sendo tratada apenas como um mecanismo homeostático.

3.3 Sistemática Filogenética e a teoria dos *clusters*

O advento da Sistemática Filogenética determinou a incorporação do princípio darwiniano de ancestralidade comum na taxonomia contemporânea (DE QUEIROZ, 1997). Tal princípio reflete-se no objetivo mesmo dessa escola de classificação: reconstruir a história filogenética dos seres e grupos naturais. É nesse sentido que a Sistemática Filogenética propõe uma classificação *estritamente* genealógica dos táxons superiores e atêm-se à representação das cadeias de ancestralidades produzidas pela evolução (ERESHEFSKY, 2001). No capítulo anterior nós descrevemos como as espécies são caracterizadas no interior dessa perspectiva. Nós apontamos que elas são tidas como conjuntos de linhagens genealógicas cujos organismos estão interligados por relações tocogenéticas, conferindo um padrão reticulado para tais conjuntos. As espécies são “teias” ou “redes” formadas por linhagens particulares interconectadas. Concluimos que a identidade das espécies consiste em (i) seus membros fazerem parte de uma comunidade reprodutiva na perspectiva sincrônica e (ii) seus membros conectarem-se causalmente por meio de cadeias genealógicas contínua na perspectiva diacrônica. Nós fomos levados a crer que a tese espécies-como-indivíduos é a mais adequada para capturar essa identidade. A partir de agora, entretanto, cabe analisar se a teoria dos CPH não seria mais adequada para a Sistemática Filogenética.

Antes de qualquer coisa, devemos lembrar que os CPH são sempre definidos no interior de uma *matriz disciplinar*. Devemos nos perguntar então como as espécies podem ser definidas enquanto CPH no contexto da Sistemática Filogenética. Para tanto, notemos que o fluxo gênico, característica fundamental de comunidades reprodutivas, já é tratado por Boyd como um mecanismo homeostático das espécies no contexto da Biologia Evolutiva. A ancestralidade comum

é tratada da mesma forma, o que sugere a caracterização das espécies como cadeias genealógicas contínuas. Desse modo, Richard Boyd parece apto a caracterizar as espécies como comunidades reprodutivas e entidades históricas.

Inspirados pela caracterização de Richard Boyd, adeptos dos CPH podem sugerir que *apenas* fluxo gênico e ancestralidade comum são os mecanismos homeostáticos das espécies no contexto da Sistemática Filogenética. Nesse sentido, as propriedades homeostáticas das espécies seriam *apenas* aquelas cuja coinstaciação seria determinada pelos dois mecanismos. Se restringirmos o conjunto de mecanismos (F*) e de propriedades (F) dessa maneira, parece que os CPH de Richard Boyd podem capturar os padrões tocogenéticos desejados pela Sistemática Filogenética. Mas será que esse tipo de restrição contextual basta para tornar os CPH adequados às espécies na Sistemática Filogenética? Será que os CPH capturam a identidade das espécies nesse contexto?

3.3.1 Crítica ao CPH de Richard Boyd

A argumentação de Richard Boyd em favor dos CPH tem sofrido diversos ataques nas últimas décadas. Um dos seus mais ferrenhos críticos, o filósofo Marc Ereshefsky, entende que a formulação de Richard Boyd não faz jus ao *caráter genealógico* das espécies biológicas no contexto da Sistemática Filogenética (ERESHEFSKY, 2007 e 2010). O filósofo afirma que Boyd não consegue capturar as condições de identidade diacrônica das espécies nesse contexto⁵¹. Como veremos, isso gera consequências para as práticas explicativas envolvendo os CPH.

Em artigo conjunto com Mohan Matthen, Marc Ereshefsky explora um exemplo para argumentar contra a proposta de Richard Boyd (ERESHEFSKY & MATHEN, 2005). Esse exemplo foi oferecido pelo próprio Boyd e versa sobre o fenômeno da *especiação por hibridação*, caso em que duas espécies diferentes se entrecruzam e geram uma nova espécie. Vale lembrar que habitualmente afirma-se que a hibridação não é capaz de gerar descendentes viáveis, o que impossibilitaria esse tipo de especiação. Entretanto, o acúmulo de análises moleculares nas últimas décadas evidencia que a hibridação muitas vezes culmina na especiação, especialmente no caso de plantas (MALLET, 2007, p. 279). Em especial, o acúmulo de estudos indica que o hibridismo é um

⁵¹ Tanto a crítica apresentada nesta seção, quanto a apresentada na seção seguinte, não se dirigem ao aspecto sincrônico das espécies, isto é, ao seu caráter reprodutivo. Tais críticas voltam-se especificamente para o papel da continuidade espaço-temporal na determinação da identidade diacrônica das espécies.

fenômeno pervasivo no mundo natural. Boyd menciona justamente o caso das plantas em seu exemplo:

Em primeiro lugar, existem casos atuais de espécies de plantas evolutivamente estáveis e reconhecidas que se originam da hibridização entre outras espécies distintas. Certamente essas espécies [novas] *podem* evoluir – e quase certamente elas de fato evoluíram – mais de uma vez dando origem a linhagens distintas dentro da mesma espécie (BOYD, 1999a, p. 80).

Nesse trecho, Richard Boyd faz alusão a um cenário possível, no qual duas espécies poderiam se entrecruzar diversas vezes. Ele supõe a ocorrência de múltiplos eventos de hibridação a partir das mesmas espécies ancestrais, de modo que a cada hibridação uma nova linhagem é gerada. Tais linhagens possuem, portanto, origens diferentes e espaço-temporalmente separadas. Elas podem até mesmo desenvolver percursos evolutivos independentes. Embora Boyd trate esse caso como uma possibilidade, ele é constatado em muitos trabalhos empíricos.

Existem diversos estudos que comprovam a origem de múltiplas linhagens na hibridação de plantas (RIDLEY, 2006, p. 431). Em artigo publicado em 2013, todavia, Nice *et al* avaliam a ocorrência desse fenômeno também em animais. Seu estudo analisa a especiação por hibridação em borboletas no extremo oeste da América do Norte (FIG 6). Por meio de análises genéticas e levando em conta aspectos ambientais e dados morfológicos, os autores concluem que houve especiação por hibridação entre as espécies *Lycaeides melissa* e *Lycaeides anna*. A hibridação teria gerado pelo menos três linhagens diferentes.

Segundo o estudo, a espécie *L. melissa* ocupa normalmente a parte oeste da cordilheira de Sierra Nevada (Califórnia), enquanto *L. anna* ocupa sua parte leste. Uma primeira linhagem híbrida ocupa outra região dessa mesma cordilheira, situando-se em sua parte mais alta, acima do nível das árvores. Ela exhibe caracteres intermediários em relação às duas espécies, mas também caracteres novos. A partir desse cenário, Nice *et al* compararam essa linhagem híbrida com outras três que também ocupam regiões altas de outras cadeias montanhosas no oeste dos Estados Unidos e Canadá. Os autores constataram pelo menos duas delas também são resultado de eventos de hibridação entre *L. melissa* e *L. anna* (NICE *et al*, 2013, p. 12). Além da linhagem do Sierra Nevada, as linhagens que ocupam as Montanhas Warner e a Montanha Branca (*White Mountain*) seriam híbridos. O estudo concluiu que aquelas duas espécies iniciais deram origem a três linhagens híbridadas diferentes. Ainda que de modo não conclusivo, uma possibilidade levantada pelo estudo é de que cada uma dessas linhagens teria uma origem única e independente. Essa possibilidade converge com dados empíricos, segundo os quais as três linhagens trocam poucos genes, ocupam nichos diferentes e possuem caminhos evolutivos independentes (NICE *et al*, 2013, p. 12).

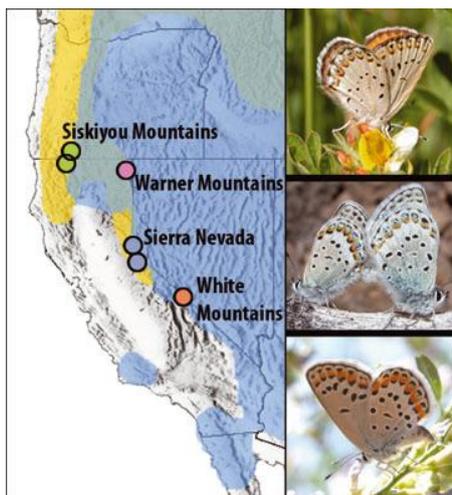


FIGURA 6 – Especiação por hibridação: Região azul é ocupada por *L. melissa* (foto: abaixo à direita) e região amarela é ocupada por *L. Anna* (foto: acima à direita). Círculos coloridos representam as populações testadas. Apenas as ocupantes das Montanhas Siskiyou não foram conclusivamente consideradas linhagens híbridas. A linhagem híbrida do Sierra Nevada está na foto (meio à direita).
 FONTE: Nice *et al*, 2013, p. 1056.

A descrição de Richard Boyd, exemplificada pelo estudo de Nice *et al*, suscita a seguinte questão: cada linhagem híbrida deve ser considerada uma espécie nova? Consideremos que os organismos das diferentes linhagens são bastante similares entre si⁵². Pertenceriam eles, por isso, à mesma espécie ou, dada a origem independente de suas linhagens, a espécies diferentes? Em outras palavras, temos o seguinte cenário: organismos similares, mas com origens independentes⁵³. Tal cenário é importante, pois evoca imediatamente a pergunta pelo critério de identidade das espécies e pelas práticas epistêmicas. Afinal, se organismos de diferentes linhagens forem considerados da mesma espécie, podemos dizer que o critério de identidade das espécies em jogo não é genealógico. Isso porque o partilhamento de propriedades (similaridade) é mais relevante do que a origem comum para o agrupamento de espécies. Mas, se por outro lado, apenas os organismos pertencentes à mesma linhagem formarem uma mesma espécie, então podemos dizer que o critério genealógico possuirá precedência sobre a similaridade.

Tendo em mente a disputa entre critérios de identidade, o exemplo da especiação por hibridação serve a Richard Boyd de duas maneiras. Primeiro, o filósofo defende a prioridade da

⁵² Em seu exemplo, Richard Boyd supõe que os organismos são bastante similares entre si. Poderíamos acrescentar que existem casos empíricos nos quais os organismos de linhagens híbridas diferentes são, por tudo o que se sabe, idênticos (SCHWARZBACH; RIESEBERG, 2002, p. 1704).

⁵³ Tanto na descrição de Boyd, quanto no estudo de Nice *et al*, entende-se que cada origem decorre de um evento de entrecruzamento particular. Nesse sentido, para dois ou mais grupos terem uma origem comum significa que eles foram gerados a partir do mesmo evento especiativo e não simplesmente das mesmas espécies ancestrais.

similaridade sobre a origem comum. Apesar de incorporar a ancestralidade comum como mecanismo homeostático, ele deixa claro nesse exemplo que esse mecanismo não serve de critério para agrupar as espécies em sua teoria dos CPH. O filósofo conclui que “para bem ou mal, eu não entendo que os CPH são definidos por referência às relações históricas entre seus membros, mas por referência às propriedades que estes partilham”. (BOYD, 1999a, p. 80).

Boyd entende que o critério fundamental de identidade das espécies *qua* CPH é a similaridade. As diferentes linhagens surgidas de eventos de hibridização seriam, desse modo, componentes de uma mesma espécie se e somente se forem suficientemente similares. Já o fato dessas linhagens terem origens e histórias evolutivas separadas não é determinante.

O exemplo da especiação por hibridação serve a Richard Boyd também de outra maneira. Com esse exemplo, o filósofo sugere que o agrupamento genealógico das espécies é contrário à prática científica. Esse agrupamento descarta *a princípio* a possibilidade empírica de uma mesma espécie ter múltiplas origens, algo suposto nos artigos citados e em muitos outros trabalhos empíricos. Isso ocorre porque uma classificação estritamente genealógica, como a Sistemática Filogenética, determina que cada espécie possui, necessariamente, uma *origem única*. Lembremos de que a Sistemática Filogenética exige que cada espécie exista enquanto uma linhagem contínua, a qual se inicia em um evento especiativo singular e irrepetível. Nesse caso, é uma impossibilidade conceitual que a mesma espécie tenha múltiplas origens. Contudo, Boyd leva a sério a possibilidade de que diferentes linhagens pertençam à mesma espécie, possibilidade que de fato é assumida empiricamente (SCHWARZBACH; RIESEBERG, 2002, p. 1704). Desse ponto de vista, a classificação genealógica seria inadequada.

Por um lado, o exemplo mostra a inadequação de classificações genealógicas para com certas práticas científicas. Por outro, ele mostra que a teoria dos CPH é adequada para retratar tais práticas, mas não aquelas práticas que porventura pressuponham as classificações genealógicas. Grosso modo, essa é a queixa de Ereshefsky; Matthen (2005) contra Richard Boyd. Os autores reforçam que tal exemplo é utilizado por Boyd para defender a precedência da similaridade sobre a origem comum, mas completam:

Enquanto uma abordagem que tem por objetivo garantir que os tipos [espécies] tenham similaridades suficientes para a indução, a preferência por tipos baseados em similaridade em detrimento dos tipos baseados em linhagens faz sentido. Ainda assim, um táxon com múltiplas origens e que não possua continuidade espaço-temporal – um táxon polifilético – é uma coleção de linhagens espaço-temporalmente desconexas. Para a grande maioria dos biólogos taxonomistas, esses táxons polifiléticos são artificiais: espécies e taxa superiores são, antes de mais nada, entidades históricas (Ereshefsky; Matthen, 2005, p. 17).

Os autores salientam que o objetivo principal da teoria de Richard Boyd, como aparentemente de toda teoria dos tipos naturais, é explicar as práticas indutivas que envolvam a generalização e predição de propriedades similares. Dessa maneira, é compreensível que, diante do choque entre critérios, os CPH prefiram a similaridade qualitativa em detrimento da origem comum. Ao fazer isso, todavia, os CPH classificam as espécies como *táxons polifiléticos*, isto é, grupos baseados em similaridade e sem um ancestral comum. Em outras palavras, esses grupos são formados por organismos e populações que possuem origens diferentes. Ereshefsky; Matthen apontam corretamente que a classificação de grupos polifiléticos é desacreditada na taxonomia contemporânea. Vale dizer que não apenas a Sistemática Filogenética, mas também a Taxonomia Evolutiva recusa essa forma de agrupamento. Ambas as escolas de classificação exigem que espécies (e táxons superiores) possuam origem única. Nas práticas explicativas da Sistemática Filogenética e da Taxonomia Evolutiva, hipóteses de especiação por hibridação com múltiplas origens são descartadas. Nesse sentido, tais práticas demonstram maior apelo à genealogia do que ao número de propriedades partilhadas pelos organismos.

Em suma, Richard Boyd contradiz os ditames da Sistemática Filogenética ao classificar as espécies como CPH. Esse filósofo incorpora a ancestralidade comum como um mecanismo homeostático, mas esse mecanismo não é aquilo que *une* os membros da espécie no sentido de ser uma condição de identidade desses membros. As relações genealógicas não são aquilo que faz dos membros de uma espécie membros da *mesma* espécie. Para Boyd, tais relações apenas disseminam as propriedades homeostáticas que determinam o que é para algo ser da mesma espécie. São essas propriedades que formam, por si só, as condições de identidade das espécies. Por isso, ainda que as espécies até possam ser linhagens espaço-temporalmente contínuas em muitos casos, é o compartilhamento de propriedades homeostáticas que caracteriza sua identidade (ERESHEFSKY; MATTHEN, 2005, p. 18). Podemos considerar o exemplo da especiação por hibridação com origens múltiplas um caso-limite no qual o papel das propriedades para a identidade das espécies é revelado e, portanto, no qual critérios genealógicos e critérios qualitativos (baseados em propriedades intrínsecas) se diferenciam⁵⁴.

Assim colocado, por mais sofisticada que possa ser, a argumentação de Richard Boyd é refém do mesmo problema que o essencialismo de tipo: a prioridade de uma classificação baseada em propriedades qualitativas, em contraposição a uma classificação baseada em relações causais. É

⁵⁴ Isso também indica que, muito embora a demarcação de um tipo natural para Boyd baseie-se na conjunção entre propriedades e mecanismos homeostáticos, se há um choque entre classificar por meio de propriedades (similaridade) e mecanismos (genealogia), então a primeira possui precedência sobre a segunda. Boyd propõe uma definição mista em termos de propriedades e mecanismos, mas é interessante que nem sempre os critérios de identidade acomodam os mecanismos.

interessante frisar que Boyd incorpora propriedades não qualitativas dentre as propriedades e mecanismos homeostáticos. Não obstante, ele continua utilizando o termo “similaridade” tal como usado tradicionalmente, isto é, para se referir à relação de semelhança resultante da posse de propriedades qualitativas por parte de seres diferentes. Caso o filósofo americano incorporasse propriedades não qualitativas em sua teoria de modo radical, ele deveria abolir esse sentido tradicional de “similaridade”. É certo também que sua argumentação depende de relegar as relações causais (tocogenéticas) a um domínio no qual elas não influem na caracterização da identidade das espécies. Como exposto na seção anterior, a justificativa para tanto é que as práticas epistêmicas envolvendo espécies dependeriam mais de propriedades partilhadas do que de relações causais. Mas será que essa é uma boa justificativa no contexto da Sistemática Filogenética?⁵⁵ As inferências, generalizações, predições e explicações feitas na Sistemática Filogenética acerca das espécies biológicas levam em conta mais suas propriedades partilhadas ou suas dinâmicas histórico-reprodutivas?

Em certo sentido, devemos aceitar que as inferências na Sistemática Filogenética levam mais em conta as propriedades partilhadas entre os organismos de uma mesma espécie. Como apresentado no primeiro capítulo desta dissertação, toda investigação filogenética parte necessariamente da análise de caracteres e de certa similaridade que os organismos apresentam – o partilhamento de *homologias derivadas* (apomorfias)⁵⁶. O desenvolvimento e o teste de qualquer hipótese filogenética iniciam-se com tal análise. Por exemplo, se desejamos inferir a proximidade filogenética entre duas espécies X e Y é necessário considerar os caracteres homólogos derivados que os organismos dessas espécies possuem. Tais caracteres fornecerão a *evidência* para inferirmos e testarmos a hipótese filogenética. Por isso, pode parecer que Boyd tem certa razão em dizer que espécies são tipos naturais, inclusive no contexto da Sistemática Filogenética.

Um dos riscos desse argumento consiste em colapsar a evidência e aquilo de que ela é evidência. Dificilmente conseguimos acompanhar *in loco* o desenvolvimento histórico de uma espécie, sua especiação, as relações tocogenéticas entre seus organismos, além de suas relações filogenéticas com outras espécies (se é que faz sentido dizer que é possível acompanhá-las *in loco*). Por isso, como no exemplo acima, o que nos resta é buscar entender tais fenômenos por meio dos caracteres apropriados. Estes últimos são considerados evidência, mas *não* possuem o mesmo estatuto dos fenômenos que evidenciam. Tais fenômenos são ontologicamente anteriores e, pelo menos *em princípio*, independentes de suas evidências. Eles são a razão de existência da

⁵⁵ Está além do escopo deste trabalho discutir se essa é uma boa justificativa no contexto da Biologia Evolutiva, como defendido por Boyd e exposto nas seções anteriores.

⁵⁶ Uma homologia derivada, ou apomorfia, é um caráter herdado por diferentes taxas, a partir de seu ancestral recente mais comum (WILEY; LIBERMAN, 2011, p. 14).

similaridade, não o contrário. Por isso, é de grande estranheza dizer que a identidade das espécies não é determinada por suas relações históricas, como faz Richard Boyd. Se admitirmos a primazia ontológica das relações históricas sobre a similaridade entre caracteres, a identidade (ontológica) das espécies deve fiar-se à história, não aos caracteres. É problemático dizer que o fato de pressupormos a similaridade no ato de inferir relações filogenéticas entre espécies implica, por si só, que aquilo que marca sua identidade é a similaridade. Mesmo porque a continuidade histórica entre organismos da mesma espécie é um pressuposto fundamental da Sistemática Filogenética, pressuposto sobre o qual o próprio método inferencial de utilizarmos homologias derivadas para reconstruir a história evolutiva está assentado. Nesse sentido, relações históricas são a base da prática epistêmica em Sistemática Filogenética.

3.3.2 Essências históricas

Mas será que os CPH não podem ser repensados, a ponto de adequarem-se ao contexto da Sistemática Filogenética? Paul Griffiths (1999) é um dos filósofos que responde afirmativamente a essa pergunta, almejando vincular a teoria de Boyd àquela escola de classificação. Por isso mesmo, sua argumentação em favor de tal adequação merece ser discutida aqui. Um dos aspectos mais interessantes dessa argumentação é vincular os CPH a outra forma de essencialismo, diferente tanto do essencialismo tradicional quanto do essencialismo descrito por Richard Boyd. Trata-se do *essencialismo histórico*, ou essencialismo de origem⁵⁷.

Paul Griffiths (1999, p. 218) assume que os mecanismos homeostáticos da teoria de Richard Boyd desempenham os mesmos papéis que antes eram atribuídos às essências no essencialismo de tipo. Tais mecanismos geram padrões estáveis no tocante às propriedades de cada grupo natural e, por isso mesmo, justificam nossas práticas epistêmicas sobre eles. Eles desempenham um *papel causal* quanto à formação dos tipos naturais e também um *papel explicativo* quanto à justificação de nossas inferências. Por exemplo, só podemos inferir que membros inobservados de um tipo natural se comportarão da mesma maneira que os membros observados *porque* supomos que eles sofrem os efeitos de mecanismos homeostáticos. Nesse sentido, o essencialismo dos CPH pode resguardar as funções centrais do essencialismo de tipo.

⁵⁷ Na literatura acerca do estatuto ontológico das espécies considera-se que o essencialismo histórico possui suas raízes na teoria causal de nomes próprios de Saul Kripke (1980), sendo muitas vezes chamado de essencialismo de origem (OKASHA, 2002).

Na perspectiva de Paul Griffiths (1999, p. 212) a Sistemática Filogenética define seus táxons por meio das homologias derivadas (apomorfias). Homologias são *evidência* de ancestralidade comum (genealogia)⁵⁸. Elas são herdadas pelos descendentes de um mesmo ancestral e, por isso, indicam proximidade filogenética entre diferentes táxons. É de se esperar que os táxons mais aparentados filogeneticamente, isto é, aqueles que possuem um ancestral comum mais recente, sejam aqueles cujos organismos possuam mais homologias. Não é possível identificar ancestralidade comum *sem* homologia. Estas são as únicas propriedades que refletem uma classificação dos táxons pautada exclusivamente na ancestralidade comum. Nesse sentido, é notável que Paul Griffiths (1999, p. 219-220) use intercambiavelmente os termos “definidos por homologias evolutivas” e “definidos por ancestralidade comum” em seu trabalho. Esse uso pode gerar problemas interpretativos. A nosso ver, o filósofo quer sugerir que as homologias evolutivas são as propriedades que figuram no *cluster* de propriedades homeostáticas (F) e que definir as espécies e demais táxons por meio de (F) *equivale* a defini-los por meio da ancestralidade comum. Esta última mostra-se o *mecanismo homeostático essencial e exclusivo* de (F*) no contexto da Sistemática Filogenética.

Ao definir os táxons por meio da homologia evolutiva e da ancestralidade comum, Paul Griffiths (1999, p. 220) prevê a atuação da *inércia filogenética* sobre eles. Segundo o filósofo, a hereditariedade – subjacente às relações de ancestralidade – atua como *força inercial* ao longo das gerações, favorecendo a coinstanciação dos mesmos caracteres desde sua origem histórica. Essa força é justamente o que ele chama de inércia filogenética. Trata-se da manutenção de caracteres em uma linhagem que é garantida por suas relações filogenéticas, isto é, pelo fato dos táxons estarem ligados por meio de um ancestral comum. Nesse sentido, organismos em uma mesma cadeia filogenética serão bastante similares entre si. Isso nos garante respaldo para fazer induções e explicações envolvendo uma série de caracteres fenotípicos, genotípicos e comportamentais dos táxons. A inércia filogenética é aquilo que torna a ancestralidade comum um mecanismo homeostático, existindo enquanto uma força perpetuada ao longo da cadeia genealógica a partir do ancestral.

Como todos os demais táxons, as espécies biológicas definem-se para Paul Griffiths enquanto CPH por meio de homologias evolutivas na Sistemática Filogenética. Cada uma delas descende de uma única população fundadora ou evento especiativo, indicando que seus organismos

⁵⁸ Na verdade, a Sistemática Filogenética não define seus *táxons* por meio de toda e qualquer homologia, as quais também não contam como evidência da ancestralidade comum. A Sistemática Filogenética fia-se apenas nas homologias chamadas de *sinapomorfias*. Estas correspondem a caracteres homólogos que estão presentes no *ancestral comum mais recente* entre os *táxons* que os possuem (WILEY, 1981, p. 123). Essa correção não tem efeito sobre a argumentação de Griffiths desde que tratemos as “homologias evolutivas” como sinônimos de “sinapomorfias”, o que faremos daqui em diante.

estão interligados por meio de uma origem comum (GRIFFITHS, 1999, p. 210)⁵⁹. É esperado que esses organismos também sofram a ação da inércia filogenética. Tais relações possibilitam a hereditariedade e, por isso, permitem a *homeostase*. Elas garantem a estabilidade de caracteres comportamentais, genéticos e fenotípicos recorrentes no interior de cada espécie.

Paul Griffiths não quer abrir mão de definir as espécies em termos de propriedades partilhadas por seus membros, no caso, as homologias. A razão disso é sua ênfase no fato de que mesmo sendo entidades genealógicas as espécies embasam práticas epistêmicas bem-sucedidas envolvendo propriedades partilhadas (GRIFFITHS, 1999, p. 222). O filósofo reconhece que predições e induções envolvendo as propriedades das espécies não são absolutamente confiáveis. Entretanto, elas possuem razoável fiabilidade decorrente da atuação da inércia filogenética a partir do ancestral comum. A estratégia de Griffiths é definir as espécies na Sistemática Filogenética por meio das propriedades utilizadas para as inferências de relações filogenéticas, ou seja, para a reconstrução da filogenia: as homologias derivadas. Tal reconstrução nada mais é do que uma classificação estritamente genealógica dos táxons superiores – algo que ele estende às espécies. Assim sendo, do ponto de vista do *produto da classificação* não faz diferença falar em “definição por homologia” ou “definição por ancestralidade comum”. Ambas as maneiras de falar sugerem que fazer parte de uma espécie é figurar em uma linhagem histórica particular ou fazer parte de uma rede de linhagens interligadas. Griffiths diz:

Embora Lilith possa não ter sido um gato doméstico, na condição de gato doméstico ela é necessariamente membro de um nexa genealógico [que persiste] entre o evento especiativo que originou o táxon e o evento especiativo ou a extinção que pôs fim a ele. Não é possível ser um gato doméstico e não fazer parte desse nexa genealógico (GRIFFITHS, 1999, p. 219).

Para ser um gato doméstico é essencial que Lilith possua determinada origem histórica, inserindo-se em uma cadeia genealógica particular. Eis o chamado *essencialismo histórico* de Paul Griffiths. Com ele, somos levados a crer que a ancestralidade é essencial no sentido de determinar o critério de identidade das espécies: sem ter relação com a mesma origem os membros de uma espécie não seriam membros *daquela* espécie. Vincular a ancestralidade comum aos critérios de identidade parece ser a grande novidade que Griffiths oferece em relação à Boyd.

A formulação da identidade das espécies em termos do essencialismo histórico de Paul

⁵⁹ Griffiths afirma que espécies devem ser definidas por algum tipo de monofilia. Nesse sentido, ele alinha-se aos autores que recusam uma diferença entre relações filogenéticas e tocofenéticas, bem como entre o modo de classificar espécies e o modo de classificar *taxa* superiores (MISHLER; THERIOT, 2000). Tal recusa é ainda bastante controversa. Por força de argumentação, nós aceitaremos a proposta de Griffiths a fim de avaliar a coerência interna de sua versão dos CPH aplicados à Sistemática Filogenética. Discussões críticas acerca da distinção entre relações filogenéticas e tocofenéticas serão apresentadas no próximo capítulo.

Griffiths parece adequada para a Sistemática Filogenética. Afinal, essa escola de classificação trata cada espécie como uma teia de linhagens contínua e interligadas, existente no intervalo entre dois eventos de especiação/extinção. Na dimensão diacrônica, foi dito que pertencer a uma espécie significa estar inserido nessa complexa cadeia de linhagens. Griffiths acomoda esse critério com seu essencialismo histórico, concluindo que “nada que não partilhe a origem histórica de um tipo pode ser um membro dele” (GRIFFITHS, 1999, p. 219). Já na dimensão sincrônica, a Sistemática Filogenética postula que fazer parte de uma espécie é fazer parte de uma dada comunidade reprodutiva. Não é óbvio que Griffiths acomode esse critério, em especial porque ele concebe as espécies como grupos monofiléticos e isso o libera da necessidade de compreendê-las a partir de relações tocogenéticas. Por isso, não discutiremos a dimensão sincrônica aqui. Por força de argumentação, aceitaremos a caracterização de Griffiths das espécies *qua* grupos monofiléticos.

A despeito das aparências, o essencialismo histórico de Paul Griffiths está sujeito a uma crítica similar àquela endereçada a Richard Boyd. Ereshefsky; Mathen (2005, p. 20) reconhecem o interesse de Griffiths em tornar os CPH adequados à Sistemática Filogenética. Segundo os autores, entretanto, a abordagem de Griffiths não é bem-sucedida:

Segundo o princípio central da teoria CPH, se taxa são CPH eles precisam ser grupos de organismos dotados de propriedades projetáveis. Se o *cluster* de propriedades projetáveis é perdido, então o CPH não mais existe. Mas de acordo com os cladistas, um táxon pode ter traços radicalmente diferentes e ainda ser o mesmo táxon, desde que a integridade filogenética seja mantida [...]. A tentativa de Griffiths de incorporar o cladismo à teoria CPH é estranha ao próprio cladismo (ERESHEFSKY; MATHEN, 2005, p. 20).

Ereshefsky; Matthen reiteram que os CPH almejam explicar como práticas indutivas e explicativas são fiáveis. Nesse sentido, os tipos naturais acabam sendo caracterizados por inúmeras propriedades projetáveis – propriedades que são “predicadas” em hipóteses projetáveis. Essas propriedades correspondem ao que se denominou “propriedades homeostáticas” e figuram na definição dos CPH. Por outro lado, dado que a Sistemática Filogenética classifica os organismos em termos genealógicos, é necessário admitir o *caso hipotético* em que organismos completamente diferentes pertencem à mesma espécie. Voltamos assim ao impasse enfrentado por Boyd: enquanto os CPH continuam lançando mão de propriedades homeostáticas, em especial propriedades qualitativas, a Sistemática Filogenética abandona a pressuposição de que a identidade das espécies dependa de que seus organismos partilhem propriedades comuns e fia-se completamente a relações causais. Por mais que propriedades comuns existam, a Sistemática Filogenética não as incorpora dentre os critérios de identidade das espécies. Desse modo, o essencialismo histórico de Griffiths

não é adequado a essa escola de classificação biológica. Apesar de colocar a ancestralidade como essencial à espécie, o filósofo não admite a possibilidade de que não haja propriedades projetáveis no CPH, ou seja, de que não haja qualquer tipo de similaridade qualitativa entre seus membros. Em suma, algum tipo de similaridade é *condição necessária* para a identidade das espécies na posição defendida pelo filósofo⁶⁰.

Paul Griffiths parece ter elementos para rebater esse argumento. O filósofo australiano tratou a definição em termos de homologias evolutivas e da ancestralidade comum como intercambiáveis. Para ele, a definição das espécies por meio de propriedades homeostáticas captura sua natureza genealógica, pois essas propriedades são um produto necessário de relações genealógicas. Dado que as propriedades projetáveis são mero reflexo da historicidade das espécies, defini-las pela sua historicidade equivale na prática a defini-las por meio dessas propriedades. Com isso, Griffiths pode argumentar que o impasse formulado por Ereshefsky; Matthen é artificial: *fiar-se à ancestralidade comum já é fiar-se a propriedades homólogas*. O filósofo pode dizer que sequer é possível classificar as espécies nos moldes da Sistemática Filogenética sem atribuir-lhes um conjunto de homologias.

Essa possível réplica é instrutiva. É importante ter clareza sobre o quão artificial é o impasse colocado por Ereshefsky; Matthen (2005). Na prática diária do biólogo, de fato não é possível identificar uma linhagem filogenética sem o auxílio de propriedades homólogas. Também não é esperado que organismos que componham tais linhagens sejam tão diferentes entre si. Nesse sentido, o impasse supracitado pode ser comparado a um tipo de experiência de pensamento: é lógica e até empiricamente possível, mas inviável na prática. A metodologia dos biólogos não poderia capturar uma linhagem cujos organismos fossem completamente diferentes entre si. Isso não quer dizer, todavia, que a existência dessas linhagens seja impossível. Ela apenas não pode ser detectada. Dito isso, a função do impasse colocado por Ereshefsky; Matthen é nos levar a admitir que se a identidade diacrônica das espécies é genealógica, então o partilhamento de propriedades *em princípio* não possui nenhuma influência sobre ela. Por mais que o *produto da classificação* em termos de homologias derivadas e ancestralidade sejam equivalentes, colapsar as duas dimensões implica perder de vista o fato de que as homologias são apenas *evidencia* da ancestralidade. Na Sistemática Filogenética, a ancestralidade é o princípio de classificação e determina as condições de identidade diacrônica dos *táxons*. As homologias são apenas o modo de acessarmos e reconstruirmos tais relações. Por mais que a identidade das espécies por ancestralidade comum seja

⁶⁰ Pode-se alegar que o essencialismo de Griffiths não é, nesse sentido, estritamente histórico. Se ele o fosse, admitiria a ancestralidade como único critério de delimitação das espécies e o argumento de Ereshefsky; Matthen (2005) não o atacaria.

equivalente à sua identidade em termos de homologia derivada no tocante ao *produto da classificação*, isso não significa que elas são *ontologicamente* compatíveis. Isso fica claro na medida em que a teoria dos CPH não é capaz de acomodar a hipótese de linhagens compostas por organismos radicalmente diferentes, algo que a Sistemática Filogenética pode – ao menos *em princípio* – fazer.

Embora Paul Griffiths conceba a ancestralidade comum como a essência das espécies, ele é relutante em deixar de lado uma caracterização das mesmas em termos de propriedades partilhadas. A similaridade decorrente desse partilhamento surge como um aspecto da identidade, impedindo com que esta seja tratada em termos absolutamente genealógicos. Nesse sentido, Griffiths incorre no mesmo erro de Richard Boyd: não incorpora as relações causais como únicas condições de identidade das espécies. Ambos os filósofos aceitam que espécies são linhagens evolutivas conectadas espaço-temporalmente, mas não assumem que suas condições de identidade são inteiramente genealógicas e reprodutivas como requer a Sistemática Filogenética. Por isso, podemos fazer coro à conclusão de Ereshefsky; Matthen (2005, p. 18), segundo a qual a abordagem de ambos “não é histórica o bastante”.

A argumentação apresentada aqui poderia significar um ponto final ao debate sobre o estatuto ontológico das espécies biológicas na Sistemática Filogenética. Mas isso não aconteceu. Embora a maior parte dos filósofos e biólogos pareça defender a tese individualista, atualmente alguns velhos e novos argumentos em favor dos CPH e do essencialismo histórico continuam a ser defendidos. Em primeiro lugar, alguns teóricos procuram rebater os argumentos de Ereshefsky; Matthen (2005). Em segundo lugar, alguns teóricos apresentam ataques à tese “espécies-como-indivíduos” ao mostrar inconsistências internas a ela. Em particular, eles apontam críticas ao conceito de “indivíduo”. No próximo capítulo discutiremos esses aspectos mais recentes do debate acerca do estatuto ontológico das espécies. Retomaremos os argumentos de Ereshefsky; Matthen. Por fim, avaliaremos criticamente o conceito de “indivíduo”, questionando o limite da tese individualista e indicando problemas que ela ainda precisa resolver.

4. TIPOS NATURAIS OU INDIVÍDUOS?

O tema desta dissertação – o *problema do estatuto ontológico* – consiste na disputa entre maneiras alternativas de categorizar as espécies biológicas. Em outras palavras, trata-se de atribuir às espécies uma categoria metafísica que indique “o tipo de coisa que elas são” no sentido mais geral possível. Ao longo dos capítulos anteriores, nós discutimos esse problema no contexto específico da Sistemática Filogenética. Essa escola de classificação biológica caracteriza as espécies como conjuntos de linhagens interligadas pelas relações toco genéticas estabelecidas entre seus organismos. Assim sendo, nós investigamos se os critérios de identidade subjacentes a tal caracterização poderiam ser capturados pelas categorias ontológicas de indivíduos ou tipos naturais. No primeiro capítulo nós concluimos que somente a categoria de indivíduos é capaz de capturar a identidade das espécies na Sistemática Filogenética. Já no segundo capítulo nós apresentamos como Richard Boyd redefine “tipos naturais” e defende que essa categoria aplica-se adequadamente às espécies. Se essa tese se sustenta na Sistemática Filogenética, a concepção boydiana de tipos naturais – os CPH – precisa capturar os critérios de identidade das espécies subjacentes àquele contexto. Mas ela o captura? Nós sugerimos que não. Tanto a formulação de Richard Boyd quanto a versão de Paul Griffiths dos CPH parecem *aquém* de incorporar a natureza genealógica das espécies, sendo incapazes de caracterizar os critérios de identidade das espécies na Sistemática Filogenética.

Essa conclusão foi alcançada mediante as críticas de Marc Ereshefsky e Mohan Matthen aos CPH. Tais críticas correspondem à ideia de que, ao menos *em princípio*, a Sistemática Filogenética permite-nos (i) desagrupar organismos idênticos caso tenham origens diferentes e (ii) agrupar organismos inteiramente diferentes caso tenham uma origem comum. O caso (i) foi apresentado por meio de exemplos de *especiação por hibridação*, já (ii) foi concebido a partir de casos hipotéticos análogos à *experiências de pensamento*. Contudo, Richard Boyd e Paul Griffiths não admitem a possibilidade de (i) e (ii), pois não abrem mão da similaridade em suas caracterizações dos CPH. Ambos os filósofos incorporam elementos genealógicos em suas caracterizações das espécies biológicas, mas tal incorporação não é o bastante (ERESHEFSKY, 2007, p. 297). Para ambos a tensão entre uma classificação genealógica e uma classificação por similaridade é resolvida mediante a prioridade da segunda sobre a primeira.

As críticas de Ereshefsky e de Matthen reaparecem em outros trabalhos de Ereshefsky (2007, 2010) e figuram recorrentemente na literatura sobre o estatuto ontológico das espécies. Elas não passam incólume aos defensores dos CPH. Ao contrário, as críticas de Ereshefsky; Matthen são

alvo de réplicas cuja consistência merece ser avaliada. Além disso, o essencialismo histórico tem sido insistentemente defendido nos últimos anos, levando-nos a reconsiderar esse tipo de posição. Afinal, não é evidente que o essencialismo histórico seja tão frágil quanto nossa interpretação de Griffiths possa ter sugerido. Talvez seja o caso do essencialismo histórico mostrar-se imune aos ataques de Ereshefsky; Matthen e abrir caminho para a defesa de que, por fim, as espécies são tipos naturais. Diante dessas possibilidades, avaliaremos a seguir algumas réplicas à Ereshefsky; Matthen, bem como revisitaremos o essencialismo histórico. Esse percurso nos permitirá concluir pela adequação (ou não) das teses de que espécies são indivíduos ou tipos naturais.

4.1 Clusters: Réplicas e Tréplicas

O zoólogo Olivier Rieppel (2007, 2008) é um dos autores mais atentos às críticas de Ereshefsky; Matthen e, por isso, seus argumentos serão discutido aqui. Rieppel (2008) afirma que tais críticas padecem de um problema conceitual básico: elas confundem relações toco genéticas com relações filogenéticas. Segundo a Sistemática Filogenética, as relações toco genéticas ligam os organismos de uma espécie de maneira *reticulada*, ou seja, aos moldes de um entrelaçamento reprodutivo (relação muitos-muitos) que se estende no tempo. Já as relações filogenéticas agrupam as espécies em um *táxon superior* monofilético, estabelecendo uma relação que vai de um ancestral para todos os seus descendentes (relação um-muitos). Rieppel diz que Ereshefsky; Matthen ignoram essa diferença e pressupõem que os organismos de uma espécie travam relações de *monofilia*. Esse equívoco é apontado, em particular, no contexto dos exemplos de *especiação por hibridação*: quando diferentes linhagens compostas por organismos muito similares podem surgir em eventos distintos de hibridação. Tais organismos até poderiam travar relações reprodutivas entre si, mas, por terem origens distintas, não possuiriam continuidade espaço-temporal. Assim, a pergunta a ser feita é se tais organismos pertencem ou não à mesma espécie. A teoria dos CPH privilegia a similaridade em detrimento de relações históricas e, por isso, ela defende que aqueles organismos pertencem à mesma espécie (ERESHEFSKY; MATTHEN, 2005, p. 17). Do ponto de vista da Sistemática Filogenética, todavia, cada espécie possui uma única origem e cada evento de hibridização significa necessariamente o início de uma nova espécie. A conclusão dos autores é de que, por isso, os CPH seriam inadequados para essa escola de classificação.

Tal como exposto, o argumento de Ereshefsky; Matthen supõe que as espécies precisam ter origem única. Isso significa dizer que as elas não podem ser *táxons polifiléticos*, os quais agrupam

organismos a despeito de suas diferentes origens. Entretanto, Segundo Oliver Rieppel (2008, p. 600), o argumento de Ereshefsky; Matthen assume mais do que isso, comprometendo-se com a ideia de que espécies são *táxons monofiléticos*: espécies compõem-se de uma população ancestral e todas as suas populações descendentes. Rieppel não explicita a razão pela qual Ereshefsky; Matthen precisariam comprometer-se com essa ideia, mas podemos pensar em uma razão bastante intuitiva para tal. Desde os trabalhos de Willi Hennig, a Sistemática Filogenética recusa qualquer classificação de *táxons superiores* que não seja monofilética (WILEY; LIBERMAN, 2011, p. 73). Assim sendo, se passarmos a aplicar os conceitos de monofilia, parafilia e polifilia também ao nível das espécies – como parecem fazer Ereshefsky; Matthen ao dizer que espécies não podem ser *táxons polifiléticos* –, seremos obrigados a dizer que espécies são *táxons monofiléticos*. Em outras palavras, uma vez que se conceitue as espécies de modo análogo aos *táxons superiores*, não basta dizer que elas não são polifiléticas. Espécies deveriam ser grupos monofiléticos tal como os *táxons superiores* são. Na visão de Rieppel, entretanto, atribuir monofilia às espécies é equivocado por diversos motivos⁶¹. O zoólogo entende que essa atribuição contraria a ideia de que espécies são conjuntos reticulados, choca-se com estudos em filogeografia, não acomoda os fenômenos de transferência lateral de genes em espécies assexuadas, assim como gera um uso inconsistente dos conceitos de monofilia, parafilia e polifilia na Sistemática Filogenética como um todo. Por isso, o argumento de Ereshefsky; Matthen a partir dos exemplos de hibridação baseia-se na falsa premissa de que espécies seriam monofiléticas.

A réplica de Olivier Rieppel merece ser analisada por diversos ângulos. Em primeiro lugar, podemos dizer que ela não é inteiramente justa. Se a crítica de Ereshefsky; Matthen parece relacionar “monofilia” e “espécies” é porque essa relação havia sido feita anteriormente por Richard Boyd e Paul Griffiths, autores contra os quais tal crítica é endereçada. Basta lembramos, por exemplo, que o caso de especiação por hibridação foi apresentado pelo próprio Richard Boyd. Por meio desse caso, Boyd pretendia indicar duas maneiras de classificar as espécies: uma baseada em origem única das espécies e outra por similaridade entre seus organismos. A suposição de que espécies são *táxons monofiléticos* já estaria presente na argumentação de Richard Boyd, estando vinculada à primeira maneira de classificar as espécies. A crítica de Ereshefsky; Matthen apenas reproduz o caso de especiação por hibridação e a dicotomia boydiana entre os dois modos de classificação. Nesse sentido, ela não supõe nada mais do que já havia sido suposto pelo próprio Boyd. Algo análogo pode ser dito acerca dos argumentos de Paul Griffiths. Esse filósofo vincula

⁶¹ Recordemos que essa associação foi já descrita como “controversa” anteriormente. Nesse sentido, é razoável supor que muitos filósofos e biólogos tenderiam a concordar com essa posição de Rieppel, ou ao menos suspeitar do argumento de Ereshefsky; Matthen, uma vez que ele se baseia em uma associação tão controversa.

explicitamente espécies e monofilia, considerando todos os *táxons* como grupos monofiléticos (BOYD, 1999, p. 210). Se Ereshefsky; Matthen incorporam essa relação, isso pode ser visto, antes de qualquer coisa, como um recurso argumentativo. Esses autores partem dos pressupostos aceitos por Griffiths, indicando como eles se chocam com a teoria dos CPH. Ainda que se possa argumentar que Ereshefsky; Matthen defendem que espécies são *táxons monofiléticos*, algo que não é obvio do ponto de vista textual, essa defesa não está incutida na crítica que esses autores fazem a Richard Boyd e Paul Griffiths. Isso porque eles partem de uma premissa aceita por Boyd e Griffiths – de que taxa são monofiléticos – para mostrar como os CPH não são “históricos o bastante” para acomodá-la. Por não reconhecer essa estratégia argumentativa, entendemos que Rieppel condena Ereshefsky; Matthen por um “erro” que não seria propriamente deles.

Apesar de injusta, a réplica de Olivier Rieppel mantém sua força persuasiva. Se concedermos que o vínculo entre espécies e monofilia seja um erro, a despeito de quem o tenha cometido primeiro, então a crítica de Ereshefsky; Matthen é comprometida. Essa crítica só terá alcance sobre aqueles autores que compartilham da ideia de que espécies são grupos monofiléticos. Para todos os outros – como Rieppel – tal crítica seria ineficaz.

A réplica de Olivier Rieppel ganha ainda mais força persuasiva a partir da seguinte consideração: Ereshefsky; Matthen supõem que o problema da teoria CPH seja admitir o agrupamento de entidades biológicas em termos não monofiléticos (RIEPPÉL, 2008, p. 599). Tal suposição estaria implícita na possibilidade de agruparmos linhagens com origens diferentes em uma mesma espécie. Para Ereshefsky; Matthen, afirma Rieppel, uma teoria dos tipos naturais adequada para as espécies não deveria sequer admitir essa possibilidade. Rieppel nota, entretanto, que a teoria dos CPH possui grande abrangência e sensibilidade contextual, não havendo motivos para excluir grupos biológicos não monofiléticos *a priori*. Em determinados contextos tais grupos podem ser considerados tipos naturais e isso é um ponto positivo, não negativo, dos CPH. Assim sendo, a crítica de Ereshefsky; Matthen seria falha tanto porque supõe que espécies são monofiléticas, quanto porque supõe equivocadamente que CPH permitem agrupamentos biológicos não monofiléticos. Ereshefsky; Matthen estariam exigindo da teoria dos CPH algo que, por definição, ela não pode fornecer: uma definição de tal modo restritiva, que faria com que os CPH se agrupassem apenas em termos de monofilia, negligenciando o fato de que os CPH são uma teoria *geral* dos tipos naturais.

A despeito dessas considerações, entendemos que a argumentação de Olivier Rieppel não é bem sucedida. Nós concedemos que as espécies não são *táxons* monofiléticos e que o fato dos CPH admitirem grupos não monofiléticos não é, por si só, um problema. Ainda assim, é necessário dizer que as espécies possuem identidade diacrônica graças *apenas* às suas relações genealógicas no

contexto da Sistemática Filogenética. Esse critério de identidade está ancorado nos trabalhos de Willi Hennig (1966). Dado que, nem por isso, Hennig supunha que espécies fossem grupos monofiléticos, é um erro dizer que o argumento de Ereshefsky; Matthen (2005) precise necessariamente fazer tal suposição. Esse argumento supõe apenas que as espécies possuem uma origem única e tal origem é determinante para sua identidade. Tal suposição é assumida pela Sistemática Filogenética de Hennig e por seus seguidores, independente de aplicarmos ou não o conceito de monofilia (ou não polifilia) às espécies. Na verdade, essa suposição não é aceita apenas na Sistemática Filogenética, mas também na escola de classificação denominada Taxonomia Evolutiva. Isso é mais uma evidência de que o argumento de Ereshefsky; Matthen (2005) não precisa aceitar que espécies sejam grupos monofiléticos, já que a Taxonomia Evolutiva não se compromete com o fato de que os taxa sejam monofiléticos. O argumento de Ereshefsky; Matthen (2005, p. 18) aplica-se explicitamente ao contexto dessa escola de classificação. Por isso, é a origem comum, e não a monofilia, que é pressuposta no caso das espécies. O que está pressuposto é que o que torna os membros de uma espécie membros da mesma espécie ao longo do tempo são os laços genealógicos que estabelecem a partir de uma origem comum, não que tais membros pertençam a um grupo formado por todos os descendentes de uma origem comum (ancestral comum). Nesse sentido, ainda que Ereshefsky; Matthen utilizem o conceito de “não polifilético” para descrever as espécies, isso não significa que eles estão de fato transpondo o vocabulário aplicado a *táxons superiores* para o nível das espécies biológicas. O uso daquele conceito não precisa ser tomado ao pé da letra, como se Ereshefsky; Matthen estivessem se comprometendo automaticamente com a aplicação de conceitos do nível filogenético (monofilia, parafilia e polifilia) ao nível toconético⁶².

A crítica de Ereshefsky; Matthen não exige que espécies sejam monofiléticas. Ela também não exige que uma teoria adequada dos tipos naturais exclua a possibilidade de agrupamentos biológicos não monofiléticos. Por exemplo, embora os autores afirmem que espécies não podem ser grupos polifiléticos na Sistemática Filogenética, eles não recusam essa possibilidade em outros contextos (ERESHEFSKY; MATTHEN, 2005, p. 18). Nesse sentido, uma teoria adequada dos tipos naturais não precisa excluir *a priori* os grupos polifiléticos, mas apenas excluí-los no contexto específico da Sistemática Filogenética. Constitui outra injustiça por parte de Rieppel indicar que a crítica de Ereshefsky; Matthen possa sugerir o contrário.

Mas Olivier Rieppel (2008) propõe ainda uma segunda réplica à Ereshefsky; Matthen. Esses autores afirmam que o único requisito que os membros de uma espécie precisam compartilhar é

⁶² Podemos conceder uma falta de cuidado na argumentação de Ereshefsky; Matthen, pois esses autores sequer precisavam ter afirmado que espécies não são polifiléticas. Essa afirmação dá margem à réplica de Rieppel, já que relaciona as espécies com conceitos filogenéticos, isto é, que tradicionalmente se aplicam apenas aos *táxons superiores*. Bastaria aos autores afirmar que espécies não podem ter múltiplas origens.

certa ligação genealógica. Mas se este é o caso, diz Rieppel, então a única generalização possível envolvendo todos os organismos de uma espécie é a de que eles pertencem a um mesmo nexo genealógico. O zoólogo dirá que essa *não* é a única generalização feita a respeito dos organismos de uma espécie. Ele sugere que o partilhamento de outras propriedades – qualitativas e relacionais – é um requisito para membros de uma mesma espécie, já que generalizações são feitas sobre essas propriedades. Assim sendo, Rieppel simplesmente constata que as práticas epistêmicas tratam muitas vezes de diversas propriedades dos organismos. Essa constatação seria suficiente para concluir que as espécies podem ser categorizadas como tipos naturais. Na visão do zoólogo, tão logo nossas inferências e explicações envolvam o partilhamento de propriedades nós já estamos inseridos no contexto dos tipos naturais⁶³.

Entendemos que este último argumento de Rieppel também é passível de crítica. Afinal, do fato de que os sistematistas fazem generalizações sobre as propriedades das espécies não se segue necessariamente que essas entidades tenham que ser compreendidas como tipos naturais. Um adepto da tese individualista *não* nega que fazemos tais generalizações. Ele nega apenas que a ontologia das espécies seja determinada pelas propriedades generalizadas. Assim, um individualista dirá que os organismos de uma espécie partilham diversas propriedades em comum (*homologias*) que servem ao trabalho dos cientistas, mas que por si só tais propriedades não conferem identidade à espécie. Rieppel argumenta que generalizar sobre propriedades já é tratá-las como tipos naturais. Entretanto, tudo o que vimos até aqui nos leva a crer que esse movimento argumentativo é precipitado. O próprio Richard Boyd (1999b) assente que generalizar sobre propriedades não faz das espécies automaticamente tipos naturais. Na acepção de Boyd, para ser tipo natural é necessário que o sucesso das generalizações pressuponha *mais* o partilhamento de propriedades do que o desenvolvimento histórico da entidade. Isso não significa que a categoria de indivíduos não possa acomodar generalizações acerca de propriedades, como supõe Rieppel⁶⁴. Assim, podemos concluir que a argumentação desse zoólogo é insuficiente para descartarmos as críticas de Ereshefsky; Matthen aos CPH.

⁶³ Nessa argumentação Olivier Rieppel remete-nos ao trabalho de Joseph LaPorte. Na conhecida obra *Natural kinds and conceptual change* (2004), o autor defende que o mero fato de generalizarmos sobre espécies compromete-nos com a tese de que elas são tipos naturais. Ele diz ainda que a tese “espécies-como-indivíduos” pode ser transposta para o vocabulário dos tipos naturais, assumindo a compatibilidade entre as categorias de indivíduos e tipos naturais (LAPORTE, 2004, p. 17). Rieppel (2005) também é conhecido por defender uma forma de compatibilismo entre as duas categorias.

⁶⁴ Uma maneira de deixar clara a diferença entre as posições de Richard Boyd e Olivier Rieppel é a seguinte: o primeiro assume que as inferências envolvendo tipos naturais têm como *pressuposto* fundamental o partilhamento de propriedades entre os membros do tipo. Ao contrário, o segundo afirma que as inferências envolvendo tipos naturais possuem como *objeto* as propriedades partilhadas.

4.1.1 Limites do essencialismo histórico

O essencialismo histórico de Paul Griffiths é refém das críticas de Ereshefsky; Matthen. Isso ocorre graças à dubiedade textual de Griffiths, pois esse filósofo estabelece uma equivalência indevida entre propriedades homólogas e o mecanismo de ancestralidade comum. Ora os CPH são definidos por esse mecanismo (a *essência* dos tipos), ora pelas propriedades. Ereshefsky; Matthen (2005, p. 20) sugerem que a relutância de Griffiths em abandonar uma caracterização dos CPH em termos de propriedades deve-se ao seu interesse em compreender como a similaridade entre os membros dos tipos naturais permitem predições e explicações. Esse ponto fica ainda mais claro se tivermos em conta os argumentos de outro adepto do essencialismo histórico.

O filósofo Samir Okasha (2002b) é um proeminente defensor do essencialismo histórico. Em meio à defesa dessa posição, Okasha chega a especular sobre uma possível razão para que a similaridade e o partilhamento de propriedades qualitativas tenham recebido mais atenção do que aspectos genealógicos nas definições contemporâneas de “tipos naturais”. Sua especulação dirige-se às definições propostas por Saul Kripke (1980), Hilary Putnam (1975) e David Wiggins (1980). Entretanto, entendemos que podemos estendê-la facilmente ao caso Paul Griffiths e mesmo Richard Boyd. Segundo Okasha, existiria uma ideia muito disseminada de que uma classificação é tanto melhor quanto maior for sua capacidade de embasar generalizações e predições (OKASHA, 2002b, p. 207). Lembremo-nos que, no início desta dissertação, tal capacidade foi apresentada como uma das funções que classificações possuem. O problema é que, na visão de Okasha, ela tem sido considerada a função *mais importante* das classificações.

Para efeito de argumentação, consideremos que embasar generalizações e predições é de fato a função mais importante das práticas classificatórias. Nesse caso, o que seria mais efetivo para embasar nossas práticas epistêmicas: agrupamentos baseados em partilhamento de propriedades ou baseados em relações históricas? Para Okasha a resposta é peremptória: propriedades qualitativas. Isso porque tais propriedades geram outras propriedades nas instâncias dos tipos, permitindo-nos inferir muitas informações sobre sua constituição interna e comportamento. Por exemplo, agrupar o “ouro” devido à sua propriedade de “ter número atômico 79” faz com que os membros desse grupo sejam similares não apenas no tocante a essa propriedade, mas a diversas outras que ela desencadeia. Será possível inferir que pedaços de ouro possuem o mesmo grau de maleabilidade, ponto de fusão; etc. Tantas inferências não são garantidas quando agrupamos objetos a partir de relações históricas, pois objetos historicamente relacionados podem ser bastante diferentes em suas

propriedades qualitativas (OKASHA, 2002b, p. 208). Desse modo, relações históricas possibilitam menos inferências. Agrupamentos baseados em propriedades partilhadas seriam mais informativos⁶⁵. Desse ponto de vista não é estranho que, a exemplo de outros, Paul Griffiths faça referência ao partilhamento de propriedades. Griffiths quer garantir o caráter informativo dos tipos e das classificações nas quais figuram. Afinal, definir esses tipos em termos de propriedades (ou melhor, em termos equivalentes) assegura que os tipos naturais sejam bastante úteis.

Samir Okasha não considera essa linha argumentativa uma motivação justificada para continuarmos definindo os tipos sempre em termos de propriedades partilhadas. Segundo ele, essa linha depende de uma premissa falsa, a saber: conceitos que servem a classificações – como termos que se referem a tipos naturais – precisam embasar generalizações úteis (OKASHA, 2002b, p. 208). A falsidade dessa premissa decorre do fato de que a importância de conceitos como “ouro” ou “água” não se reduz a essa função epistemológica, pois as classificações nas quais eles figuram *não* possuem como função única ou mais importante servir de base para generalizações e inferências. Devemos lembrar que classificações também são, dentre outras coisas, uma maneira de esquematizar teorias científicas. Os agrupamentos refletidos nas classificações refletem certos propósitos e práticas teóricas, de modo que sua capacidade inferencial contrabalanceada frente sua capacidade de refletir teorias. Samir Okasha reconhece a importância dessa função teórica das classificações. O filósofo entende que a razão, por exemplo, para utilizarmos conceitos *relacionais* de espécie – como o conceito biológico – não é de que eles embasam generalizações, mas de que correspondem a unidades biológicas de acordo com diferentes aspectos da teoria evolutiva. Em particular, a classificação das espécies por meio de relações históricas cumpre a função de capturar os produtos da evolução, isto é, os padrões filogenéticos que caracterizam a “árvore da vida”. De acordo com o filósofo,

[...] classificações em Biologia, ao contrário da Química, não estão preocupadas com generalizações causais, mas com a identificação daquelas unidades que desempenham um papel fundamental no processo evolutivo. (OKASHA, 2002b, p. 209).

Ainda que seja possível discordar de que todas as classificações em Biologia estejam interessadas na identificação descrita no texto, nós entendemos que ela é verdadeira no contexto da Sistemática Filogenética. Nesse contexto, o caráter teórico das classificações é fundamental, pois é necessário que os padrões evolutivos estabelecidos pela Sistemática Filogenética sejam

⁶⁵ Embora não o diga explicitamente, Okasha sugere que tradicionalmente as práticas epistêmicas humanas se interessam por inferências *sobre* propriedades qualitativas. Nesse sentido, quando dizemos que propriedades partilhadas são mais informativas, devemos entender que elas são “mais informativas” na medida em que nossas práticas epistêmicas estariam mais interessadas em informações *sobre* propriedades partilhadas.

corretamente capturados. Isso não quer dizer que as classificações nesse contexto não sirvam para fazermos generalizações, mas apenas que essa função é secundária em relação à função teórica referida acima. Desse modo, conceitos classificatórios na Sistemática Filogenética não são úteis primeiramente porque fundamentam generalizações, mas porque refletem certos padrões tocogenéticos e filogenéticos.

Samir Okasha conclui que a relutância em abandonar uma caracterização dos tipos naturais em termos de propriedades partilhadas é fruto de uma compreensão enviesada da prática classificatória. Se tivermos em mente as outras funções desempenhadas pelas classificações, como aquela função teórica, torna-se desnecessariamente restritivo exigir que os tipos naturais sejam sempre úteis para nossas generalizações. Por conseguinte, torna-se restritivo exigir que eles sejam sempre definidos ou equivalentes a definições em termos de similaridade e propriedades qualitativas. Em suma, Okasha liberta a categoria dos “tipos naturais” dessa exigência. Seu movimento argumentativo permite-o aplicar a categoria de “tipos naturais” a agrupamentos definidos de diversas maneiras.

Se o limite do essencialismo histórico de Paul Griffiths reside em sua relutância de abandonar o apelo às propriedades partilhadas e à similaridade, Samir Okasha supera essa limitação. Ele aceita que “tipos naturais” – e não apenas *indivíduos* – podem ser definidos em termos relacionais e, portanto, genealógicos. As espécies podem ser definidas por meio de relações tocogenéticas e, ainda assim, serem consideradas tipos naturais. Assim sendo, suas condições de identidade na Sistemática Filogenética passam a ser acomodadas pela categoria de “tipos naturais”, já que tanto as relações genealógicas diacrônicas quanto as relações reprodutivas sincrônicas podem servir de critério para o agrupamento de organismos em tipos naturais. Consequentemente, os “tipos naturais” podem ter sua identidade fundada em relações causais e não necessariamente na similaridade. A velha tensão entre uma classificação das espécies baseada em similaridade e outra baseada em relações causais (dentre elas, tocogenéticas e filogenéticas) não mais corresponde à distinção entre tomá-las como tipos naturais ou indivíduos. Dessa maneira, ao contrário do essencialismo de Paul Griffiths, o essencialismo de Samir Okasha é capaz de eleger as relações genealógicas e reprodutivas (ambas que compõem o conceito de tocogenia) como os critérios necessários e suficientes para o agrupamento das espécies. Nesse sentido, ele mostra-se imune às críticas de Ereshefsky; Matthen (2005), já que privilegia a genealogia sobre a similaridade. Essa imunidade implica um questionamento: se a categoria de “tipos naturais” associada ao essencialismo histórico é capaz de acomodar as condições de identidade das espécies na Sistemática Filogenética, será necessário continuar defendendo que espécies são indivíduos nesse contexto?

Antes de discutirmos essa pergunta é necessário fazer algumas considerações sobre o

essencialismo histórico de Samir Okasha. Há uma diferença entre o essencialismo histórico e o essencialismo de tipo (tradicional), a qual é apontada pelo próprio filósofo. Segundo ele, as essências tradicionais desempenham dois papéis diferentes na caracterização dos tipos naturais (OKASHA, 2002b, p. 203). Por um lado, elas servem para determinar a referência (extensão) do tipo natural, figurando como condições necessárias e suficientes para tanto. Por outro lado, elas servem para explicar porque os membros de um tipo natural possuem determinadas características superficiais em comum. Esses dois papéis ficam mais claros mediante o exemplo do tipo natural “ouro”. Se a essência desse tipo é “ter número atômico 79”, ela é responsável tanto por discriminar quais objetos são de ouro (i.e. todos e apenas os objetos que possuem essa essência) quanto por explicar a causa desses objetos terem as propriedades superficiais que têm (i.e. serem amarelos, maleáveis, etc.). Samir Okasha admite que as essências históricas são capazes de cumprir o primeiro papel mencionado, mas não o segundo, ou seja, tais essências permitem que a extensão dos tipos seja determinada, mas não permite compreender porque cada membro dele possui as características superficiais que possui. Outro exemplo pode ilustrar esse ponto. Podemos querer definir as espécies como comunidades reprodutivas, identificando a capacidade de entrecruzamento como suas essências relacionais (OKASHA, 2002b, p. 204). Essa definição permite estipular quais organismos pertencem à mesma espécie. Por sua vez, ela não permite dizer por que esses organismos exibem certas características morfológicas. De acordo com Okasha não é possível explicar as características morfológicas dos organismos apenas mediante relações, sendo necessário também mencionar suas propriedades qualitativas. Assim, essências relacionais deixam de cumprir uma das funções básicas do essencialismo tradicional.

Tal como exposto, não é de se espantar que as essências históricas não sejam capazes de explicar as características superficiais dos organismos. A razão disso é que o sentido de “explicação” envolvido aqui se refere a um tipo de explicação não histórica *por definição*. Explicar as características superficiais dos organismos equivale a apontar as características e processos causais mais fundamentais, os quais ocorrem no interior dos próprios organismos e geram as características superficiais. Esse tipo de causa é descrita na literatura como “causas próximas” e distinguem-se radicalmente das causas e explicações históricas (ver seção 2.1.1). Por isso, podemos dizer que, enquanto o essencialismo tradicional fornece explicações baseadas em causas próximas, o essencialismo histórico não é capaz de fornecê-las. As essências históricas embasam apenas explicações históricas e seria um erro categorial esperar o contrário. Frente a isso, a questão que se coloca é se o essencialismo histórico pode ser considerado uma forma consistente de essencialismo, ou ainda, se todo essencialismo precisa fornecer explicações de causas próximas (ERESHEFSKY, 2010).

Samir Okasha entende que o essencialismo histórico é uma forma de essencialismo. Segundo ele, uma *teoria dos tipos naturais* precisa cumprir aqueles dois papéis supracitados, indicando um critério para determinarmos a extensão dos tipos naturais e também como explicar as propriedades que os membros desses tipos possuem. Isso não significa, todavia, que ambos os papéis precisem necessariamente ser satisfeitos pela mesma “essência” (OKASHA, 2002b, p. 203-204). A teoria dos tipos naturais pode fiar-se ao essencialismo histórico para determinar a extensão dos tipos naturais, mas precisará então de elementos não históricos para explicar as propriedades de seus membros. Dessa maneira, não é necessário que o próprio essencialismo histórico seja capaz de cumprir os dois papéis por si mesmo. A exigência de cumprir esses papéis não seria uma exigência da teoria essencialista enquanto tal, mas da teoria dos tipos naturais como um todo.

Não cabe aqui avaliar a resposta de Samir Okasha, mas ressaltar como seu essencialismo histórico distingue-se do essencialismo baseado em propriedades qualitativas⁶⁶. Em especial, cabe notar o limite explicativo de ambos: um é capaz de fornecer explicações em termos de “causas próximas”, enquanto o outro não e, por isso, este último não cumpriria a função explicativa do essencialismo tradicional. Tais diferenças podem ou não nos levar a admitir que o essencialismo histórico seja um “essencialismo”. Independente da resposta a essa questão, Okasha poderá continuar defendendo que espécies sejam tratadas como tipos naturais históricos. Tal defesa não exige que as essências históricas sejam “essências”, mas tão somente que haja bons argumentos para considerar as espécies tipos naturais históricos e reconhecer a necessidade de complementar a teoria dos tipos históricos com algo que forneça “causas próximas”.

Ao superar as limitações de Paul Griffiths, Samir Okasha nos sugere que a categoria de tipos naturais históricos define as espécies em termos genealógicos tal como a categoria dos indivíduos. Isso nos permite recolocar a pergunta pelo estatuto ontológico: as espécies biológicas podem ser tratadas como tipos naturais históricos, ao invés de indivíduos? Se ambas as categorias capturam entidades genealógicas, qual é vantagem de uma sobre a outra? Por que manter a postulação da categoria de “indivíduos”? Ou por que devemos priorizar a categoria “tipos naturais” sobre ela?⁶⁷

A argumentação de Samir Okasha nos leva a crer que, do ponto de vista dos critérios de

⁶⁶ A resposta de Okasha é questionada por Marc Ereshefsky (2010). Segundo esse autor, um aspecto fundamental do essencialismo é de que as condições de identidade de um tipo natural explicam as características de seus membros. Tais condições de identidade são também o que determina a extensão dos tipos naturais. Dessa forma, as duas funções do essencialismo estão necessariamente interligadas (ERESHEFSKY, 2010, p. 683).

⁶⁷ Perguntas como essa refletem o caráter irreduzivelmente conceitual deste trabalho. Quando aprofundamo-nos no debate acerca do estatuto ontológico das espécies, encontramos dificuldades conceituais e problemas metateóricos, os quais necessitam de escrutínio filosófico. Grosso modo, estamos diante de disputas teóricas que apresentam diferentes *trade offs* e, portanto, para as quais encontramos inúmeras possibilidades de manobras conceituais. O que está em jogo é como justificar tais manobras e caracterizar os benefícios explicativos que elas trazem consigo.

identidade, não há diferença em tratar as espécies como indivíduos ou tipos naturais históricos⁶⁸. Os critérios de identidade associados a ambas as categorias seriam os mesmos. Desse modo, qualquer que seja a diferença – se é que ela existe – entre as duas categorias ontológicas, essa diferença deve residir em outros aspectos. Essa constatação traz consigo uma consequência importante. Notemos que toda a caracterização do estatuto ontológico desenvolvida neste trabalho alicerça-se sobre a caracterização de critérios de identidade. Desde o primeiro capítulo a diferença entre tipos naturais e indivíduos foi compreendida a partir de uma diferença fundamental entre critérios de identidade. Portanto, se abdicarmos dessa última diferença, significa que não há diferença fundamental entre a categoria de tipos naturais e indivíduos no contexto da Sistemática Filogenética tal como apresentada nestas páginas. Afinal, pelo menos um subgrupo dos tipos naturais – o que chamamos de tipos naturais históricos – possuem uma identidade coincidente com aquela possuída pelos indivíduos. O problema que se coloca é saber se, aceitando o argumento de Samir Okasha, devemos manter uma distinção entre duas categorias (i.e. tipos históricos e indivíduos) que possuem as mesmas condições de identidade.

A relação entre os conceitos de categoria ontológica e identidade é bastante discutida na metafísica contemporânea. Como atesta o filósofo Jan Westerhoff, essa relação parece incontroversa e tem sido explorada por muitos filósofos na tentativa de compreender o que são e para que servem as categorias ontológicas (WESTERHOFF, 2005, p. 59). A esses filósofos seria intuitivo dizer que objetos dotados de diferentes critérios de identidade figuram em diferentes categorias ontológicas. Por exemplo, se a identidade dos conjuntos matemáticos é determinada pelo *axioma da extensionalidade*, conclui-se que eles só podem figurar na mesma categoria ontológica de entidades cuja identidade também seja pautada pelo mesmo axioma⁶⁹. Eles não podem figurar, por exemplo, na mesma categoria ontológica que as espécies biológicas. Afinal, a identidade dessas últimas na Sistemática Filogenética não corresponde à sua *extensão*, mas sim às *relações causais* (tocogenéticas) travadas entre certos organismos.

Um dos filósofos que relaciona categorias ontológicas e critérios de identidade é o metafísico inglês Jonathan Lowe. No contexto de um intrincado sistema ontológico, Lowe defende que a identidade é o que *define*, ou melhor, *individua* as categorias ontológicas (LOWE, 2006, p. 6). Para ele cada categoria é uma categoria única e individual graças ao critério de identidade que é comum entre seus membros. Em outras palavras, cada categoria ontológica possui um critério de

⁶⁸ Samir Okasha (comunicação pessoal) afirma que sua argumentação em favor do essencialismo histórico é neutra em relação ao estatuto ontológico das espécies, entendendo que ela pode ser refraseada tanto em termos da categoria de indivíduos quanto dos tipos naturais. Nós acreditamos que essa neutralidade decorre do fato de que o que está em jogo é a questão sobre critérios de identidade. Se ambas as categorias capturam o mesmo critério, então ambas ocupam a mesma posição no movimento argumentativo de Okasha.

⁶⁹ Segundo o axioma da extensionalidade, a identidade dos conjuntos é determinada por sua extensão, seus elementos.

identidade que a distingue das demais e que é instanciado por cada um de seus membros e somente por eles. Notemos como tal ideia implica a intuição de que objetos dotados de diferentes critérios de identidade pertencem a diferentes categorias ontológicas. Segundo Lowe, os objetos que constituem a “móvel do mundo” são divididos em categorias de acordo com o tipo de critério de identidade que possuem (LOWE, 2006, p. 5-8).

As análises de Jan Westerhoff e Jonathan Lowe apontam para a ideia de que categorias ontológicas diferentes implicam critérios de identidade diferentes e vice-versa. A partir disso, podemos dizer que não há distinção fundamental entre indivíduos e tipos naturais históricos, pois ambas as categorias possuem o mesmo critério de identidade. Uma posição similar é defendida por Marc Ereshefsky no contexto específico do estatuto ontológico das espécies biológicas. Este filósofo afirma que a importância da distinção original entre tipos naturais e indivíduos está ligada ao fato delas indicarem uma distinção entre *diferentes aspectos causais do mundo* (ERESHEFSKY, 2010, p. 678-679). Segundo ele, existem entidades compostas por partes, no sentido de serem estruturadas pela *relação causal* entre seus componentes, e existem entidades compostas por membros, no sentido de serem estruturadas pela *relação de similaridade* entre seus componentes. Essa distinção corresponde a dois modos de estruturação da realidade e deve ser preservada. A ela podemos associar duas maneiras gerais de caracterizar a identidade da “móvel do mundo”, uma baseada na relação causal e outra baseada na relação de similaridade. A partir dessa dualidade geral, considerar as espécies como tipos naturais históricos seria equivalente a tratá-las como indivíduos, já que ambos estariam estruturados através de algum tipo de relação causal⁷⁰. Ereshefsky entende que o termo “tipos naturais” deve ser reservado para entidades cuja identidade (classificação) baseia-se na similaridade e, portanto, não se sobrepõe às outras categorias ontológicas. Nesse sentido, “tipos naturais históricos” seria um contrassenso ou um mero rephraseamento de “indivíduos”. A categoria de tipos naturais não poderia admitir grupos cuja identidade fosse determinada de modo relacional, sob pena de ferir a distinção fundamental entre tipos naturais e indivíduos.

Nós entendemos que, ao longo de sua história, o debate sobre o estatuto ontológico das espécies envolve fundamentalmente a pergunta pelo critério de identidade dessas entidades. A argumentação filosoficamente mais sofisticada nesse debate envolve uma disputa entre critérios de identidade rivais. Trata-se de uma oposição entre categorias ontológicas com critérios de identidade diferentes. Sob esse ponto de vista, entendemos que o interesse central do debate volta-se para essa

⁷⁰ Por outro viés, Marc Ereshefsky já havia chegado à mesma conclusão em “Foundational issues concerning taxa and taxon names”. Nesse artigo o autor equaciona a distinção entre indivíduos e tipos naturais com a distinção entre essencialismo histórico e essencialismo tradicional, indicando que não haveria diferença entre indivíduos e tipos naturais dotados de essências históricas no tocante a critérios de identidade (ERESHEFSKY, 2007, p. 297).

oposição. Entendemos que diferença entre a categoria de “indivíduo” e “tipos naturais” extrai grande parte de sua importância da diferença entre os critérios de identidade no contexto do estatuto ontológico das espécies. Isso não significa que não podemos repensar a relação entre categorias ontológicas e critérios de identidade. O importante aqui é apenas reconhecer que tal relação balizou e ainda baliza, mais ou menos implicitamente, a discussão ontológica das espécies.

Após esse longo percurso, podemos concluir que as espécies são indivíduos na Sistemática Filogenética. As críticas de Ereshefsky; Matthen (2005) ainda constituem boas razões para defender essa conclusão. Tais críticas mostraram que os CPH de Richard Boyd e Paul Griffiths não são adequados para as espécies naquele contexto e as réplicas de Olivier Rieppel a elas são insatisfatórias. A única maneira de escapar de tais críticas, defendendo uma teoria dos tipos naturais, é assumir o essencialismo histórico *sensu* Samir Okasha. Esse essencialismo acaba por igualar os critérios de identidade dos tipos naturais (históricos) aos critérios de identidade dos indivíduos.

Dessa maneira, a teoria dos tipos naturais seria capaz de acomodar plenamente a concepção de espécies da Sistemática Filogenética. Entretanto, essa constatação nos leva a questionar por que manter que espécies são “indivíduos” e não “tipos naturais”. Dissemos que não há diferença substancial entre as categorias de “indivíduo” e “tipos naturais históricos”, já que ambas capturam os mesmos critérios de identidade. Em outras palavras, se houver alguma diferença entre tais categorias, essa diferença não diz respeito ao critério de identidade. Qualquer que seja essa diferença, portanto, ela não interessa ao escopo desta dissertação. No contexto deste trabalho, nós assumimos que diferenças categoriais devem capturar diferenças envolvendo critérios de identidade. Portanto, deixamos em aberto a possibilidade das espécies também podem ser referidas como tipos naturais históricos na Sistemática Filogenética. Se o critério de identidade é o mesmo, a diferença entre indivíduos e tipos naturais históricos perde grande parte de seu interesse.

Por outro lado, alguns fatores podem ser relevantes e influenciar na escolha entre “tipos naturais históricos” e “indivíduos”. Marc Ereshefsky havia dito, por exemplo, que a utilização de “tipos naturais” para se referir a entidades classificadas genealogicamente acaba obscurecendo a distinção entre essas entidades e as entidades classificadas por similaridade. Para ele, essa distinção corresponde a dois aspectos causais diferentes, os quais não devem receber o mesmo nome – ainda que acrescido do termo “históricos” (ERESHEFSKY, 2010, p. 678). Defende-se assim a manutenção da nomenclatura tradicional que opõem tipos naturais e indivíduos a partir de fatores epistêmicos. Nesse sentido, é possível acrescentar que a distinção entre “tipos naturais” e “tipos naturais históricos” carece de rigor, na medida em que não há clareza sobre se “tipos naturais históricos” são uma categoria ontológica completamente autônoma ou apenas um subconjunto dentro da categoria mais abrangente dos “tipos naturais”. Essa falta de clareza é alimentada pelo

fato de que muitos partidários do essencialismo histórico, ou da ideia de que espécies são tipos naturais históricos, não desenvolvem uma teoria robusta acerca do que são esses tipos naturais e em que medida eles são diferentes ou semelhantes a *tipos naturais ahistóricos*. Tanto os trabalhos de Samir Okasha (2002), quanto de filósofos como Ruth Millikan (2000), se limitam a fazer tais distinções, deixando em aberto muitos pontos sobre uma teoria geral dos tipos naturais⁷¹.

Não é cabível adentrar nas vantagens e desvantagens da adoção da nomenclatura dos “tipos naturais históricos” em detrimento dos “indivíduos”. Por isso, nós reiteramos, nosso trabalho deixa em aberto a possibilidade de que os critérios de identidade das espécies possam ser descritos em termos de indivíduos ou em termos de tipos naturais históricos. Talvez essa possibilidade se concretize, talvez não. Isso depende, dentre outras coisas, do desenvolvimento de uma teoria dos tipos naturais que defina e justifique a distinção entre tipos naturais ahistóricos e tipos naturais históricos. Mas essa possibilidade não depõe contra nossa conclusão de que a identidade das espécies na Sistemática Filogenética é capturada pela categoria de indivíduos, mas a reforça. Para que a categoria de “tipos naturais históricos” capture a identidade das espécies é condição necessária que ela seja igualada à identidade que atribuímos a categoria dos “indivíduos”. Assim, aceita-se que esta última categoria já captura a identidade das espécies na Sistemática Filogenética.

Nesse ponto, é possível alegar que cometemos uma falácia. Nós dissemos que a adoção da nomenclatura de “tipos naturais históricas” ao invés de “indivíduos” sofre de problemas conceituais devido à falta de clareza acerca da distinção entre tipos naturais ahistóricos e tipos naturais históricos. Seria possível replicar dizendo que a adoção da nomenclatura dos “indivíduos” ao invés de “tipos naturais históricos” também sofre de muitos problemas conceituais e, portanto, não pode ser tomada como posição *default* nesse caso. Seria necessário apresentar uma teoria robusta sobre o que são indivíduos tanto quanto seria necessário apresentar uma teoria robusta sobre o que são tipos naturais. Desse modo, a réplica prosseguiria, não haveria porque privilegiar o termo “indivíduo” frente a “tipos naturais históricos”. A igualdade de critérios de identidade entre as duas categorias não reforçaria, nesse caso, que as espécies são indivíduos na Sistemática Filogenética. Ao contrário, ela indicaria que a categoria de “indivíduo” é tão problemática que pode ser substituída pela categoria de “tipos naturais históricos”. No restante desta dissertação nós enfrentaremos problemas relativos à individualidade. Nós concedemos que o conceito de “indivíduo” é tão ou mais obscuro que o conceito de “tipos naturais históricos”, algo que pode ser facilmente constatado pelo caráter

⁷¹ Em *On Clear and Confused Ideas* (2000), Millikan faz a distinção entre “tipos naturais eternos”, “tipos naturais históricos” e “indivíduos”, defendendo que espécies são tipos naturais históricos. Embora seu trabalho, como o de Okasha, permita-nos combater a tese de que espécies seriam indivíduos, não há um desenvolvimento sobre o que são tipos naturais e tipos naturais históricos a ponto de que a opção pelo conceito de “tipos naturais históricos” seja livre de problemas conceituais.

vago da individualidade assumida ao longo de toda a dissertação. Não há dúvida de que, até o presente momento, o conceito de “indivíduo” não foi satisfatoriamente esclarecido e, por isso, pode ser *em princípio* substituído por um conceito que reivindique ter maior clareza.

4.2 Repensando os indivíduos

Ao apresentar os problemas que circundam a teoria dos CPH nós consolidamos a categoria de “indivíduo” como adequada para as espécies na Sistemática Filogenética. Mas isso não quer dizer que a categoria de “indivíduo” é livre de problemas, pelo contrário. Ela também apresenta dificuldades conceituais, as quais são um entrave para uma conceitualização coerente das espécies biológicas. É importante que, ao identificar tais dificuldades, evitemos acima de tudo alguns possíveis anacronismos e mal-entendidos. Devemos lembrar que o interesse inicial da posição individualista sobre as espécies era apresentar uma categorização alternativa à tradição essencialista dos tipos naturais. Willi Hennig, Michael Ghiselin e David Hull estavam preocupados em traçar uma distinção (i.e. indivíduos e tipos naturais) pouco explorada na incipiente filosofia da biologia da década de 1960, não em oferecer uma definição acabada dos polos e possíveis intermediários dessa distinção. Portanto, admitir os problemas conceituais para “indivíduo” não mitiga a força desse conceito enquanto uma categorização alternativa à tradição essencialista dos tipos naturais. Não devemos culpar os autores por eventuais carências de refinamento conceitual.

Com o avanço das discussões envolvendo tipos naturais e, em especial, a teoria dos CPH, não é difícil perceber que as exigências do debate acerca do estatuto ontológico das espécies se aprofundaram. A via epistemológica assumida por Richard Boyd representou um avanço nesse debate, pois enfatizou a relação entre epistemologia e ontologia. A teoria dos CPH pleiteou um caminho intermediário entre a dicotomia original de tipos naturais e indivíduos. Com isso, ela também forçou o refinamento das posições e maior esclarecimento sobre o que realmente está em jogo na metafísica das espécies. É nesse contexto, e não no contexto original, que as questões expostas nas últimas páginas desta dissertação fazem sentido. Por mais que recusemos a teoria dos CPH, sua posição na história do debate foi de suma importância para o depuramento filosófico das posições envolvidas e ajuda a direcionar como tal debate deve ser encarado de agora em diante. Se, por um lado, o fracasso dos CPH em relação às espécies evidencia as fraquezas dessa teoria e a necessidade de novas concepções de tipos naturais, por outro, sua sutileza filosófica pressiona os adeptos da tese “espécies-como-indivíduos” a fornecer uma caracterização mais precisa do que são indivíduos.

4.2.1 Estado do problema: a coesão

Dentre os defensores da tese de que espécies são indivíduos, no primeiro capítulo nós optamos por apresentar a argumentação de David Hull. Existem três motivos centrais para isso. Primeiro, Hull possui uma argumentação mais clara e filosoficamente sofisticada que os demais⁷². Segundo, o filósofo apresenta uma definição de “indivíduos” ontologicamente mais demandante que os demais. Nós mostramos que mesmo essa definição leva a crer que espécies são indivíduos na Sistemática Filogenética, implicando, com isso, que provavelmente outras definições menos demandantes também o podem fazer. Esse é o caso das versões de Willi Hennig (1966) e Michael Ghiselin (1974). Mas existe um terceiro motivo para nosso interesse pela versão de David Hull da tese individualista. Por ser mais clara e ontologicamente mais demandante, essa versão serve de ponto de partida para definirmos com maior precisão o que são indivíduos e para avaliar como as diferentes versões da tese individualista buscam defini-los. Em especial, as versões de Hull e Ghiselin estão engajadas em uma discussão acerca do papel da *coesão* na categoria de “indivíduo”. A existência de coesão é aceita por Hull, mas não por Ghiselin, como um critério necessário de individualidade. Assim, ela marca uma diferença ontológica entre as duas concepções de “indivíduo”. Essa discussão acerca da coesão é um exemplo de dificuldade conceitual envolvida na tentativa de precisar aquela categoria e, nesse sentido, vem sendo evocada pelos opositores da tese “espécies-como-indivíduos” (BARKER; WILSON, 2010).

O debate em torno da coesão pode ser desmembrado em três perguntas diferentes, porém interligadas: (i) O que é a coesão? (ii) Indivíduos possuem coesão? (iii) Espécies possuem coesão? O conceito de coesão surge na argumentação de David Hull conjugado à noção de *unidades de evolução*. Como visto no primeiro capítulo, tais unidades são linhagens ou conjuntos de linhagens interligadas e dotadas de percursos evolutivos singulares (HULL, 1976, p. 182). As espécies desempenham o papel de unidades de evolução na Biologia Evolutiva, papel que é refletido nas espécies *qua* unidades taxonômicas na Sistemática Filogenética. Em ambos os contextos, portanto, a coesão é condição necessária para que espécies sejam unidades de evolução. Isso porque a coesão é tida como o elemento interno das linhagens que as torna efetivamente unidades discretas, distintas umas das outras a cada instante de tempo. Em outras palavras, a coesão garante que as linhagens

⁷² Essa também é a opinião de John Dupré (1993, p. 270). Podemos justificar essa posição ao dizer que (i) Hennig não argumenta em favor da tese individualista, mas apenas a reconhece e (ii) Michael Ghiselin (1997) assenta sua posição em um projeto metafísico amplo, apelando para diversos elementos semânticos e epistemológicos confusos e desnecessários para a defesa da tese individualista (ver seção 2.4).

não se misturem, assegurando que tenham histórias evolutivas distintas. Por isso, ela cumpre o papel teórico de *garantir a identidade* das unidades de evolução a cada instante de tempo⁷³. Na versão hullniana da tese “espécies-como-indivíduos”, a coesão determina, de uma perspectiva sincrônica, sob que condições uma unidade de evolução *é uma e a mesma unidade de evolução*, ou ainda, sob que condições certos organismos pertencem à mesma unidade de evolução.

A estratégia argumentativa de David Hull envolve a identificação de unidades de evolução com indivíduos, no sentido de dizer que apenas esta categoria ontológica é capaz de acomodar o fato de que as espécies seriam unidades de evolução. Tal estratégia sugere que indivíduos são necessariamente entidades coesas. Segundo Hull, unidades de evolução são indivíduos porque elas exibem todas as condições necessárias para a individualidade, dentre as quais figura a coesão. Ao discutir se espécies são indivíduos, Hull afirma:

Mas a integração por meio da descendência comum é apenas um critério necessário para a individualidade, não um critério suficiente. Se assim o fosse, todos os genes, todos os organismos e todas as espécies formariam um único indivíduo. Uma certa coesividade também é exigida, uma coesividade que é problemática no nível das espécies e populações (HULL, 1976, p. 183).

Nesse trecho, o filósofo reconhece que a coesão é um critério necessário para a individualidade e que não é óbvio que populações e espécies atendam a ele. Mais tarde, ao diferenciar espécies sexuadas de espécies assexuadas e agrupamentos supraespecíficos (*táxons monofiléticos*), ele completa:

Assim, espécies assexuadas e taxa monofiléticos estão na mesma situação. Ambos possuem pelo menos uma das características necessárias para funcionarem como unidades de evolução – continuidade no tempo –, mas existem dúvidas se eles possuem suficiente unidade e, se é que eles possuem, como ela é mantida (HULL, 1976, p. 184).

David Hull indaga se, além das espécies sexuadas, as espécies assexuadas e os grupos monofiléticos são capazes de preencher o requisito da coesão, descrita no trecho como “unidade”. Em artigos posteriores ele dirá que as espécies assexuadas conseguem preencher tal requisito, deixando em aberto a questão dos táxons monofiléticos (HULL, 1978, p. 343-344). Mas não é essa querela que mais nos interessa nas passagens citadas e sim o reconhecimento de que os critérios de unidade de evolução refletem os critérios de individualidade. Nesse sentido, se indivíduos

⁷³ A análise dos artigos do David Hull (1976, 1978, 1980) nos permite concluir que a coesão desempenha também outro importante papel teórico, a saber: distingue a categoria das espécies das demais categorias supraespecíficas, como gênero e classe.

necessariamente possuem coesão, as espécies *qua* unidades de evolução também o possuem. A proposta de David Hull é de que indivíduos possuem coesão e espécies também, respondendo afirmativamente às questões (ii) e (iii) apresentadas anteriormente.

Um dos aspectos mais característicos da versão de David Hull para a tese “espécies-como-indivíduos” é a ênfase na analogia entre espécies e organismos. Ele é explícito ao dizer que organismos são *exemplos paradigmáticos* de indivíduos (HULL, 1976, p. 175-176). O filósofo americano defende que, em algum sentido, espécies exibem características análogas aos organismos individuais, levando-nos à conclusão de que elas são indivíduos (HULL, 1978, p. 344-350). Uma dessas características é justamente a “coesão”, descrita também como “unidade” ou “organização interna” (HULL, 1978, p. 346). Dessa maneira, Hull supõe alguma analogia entre a coesão interna a cada espécie e a coesão interna a cada organismo particular. Essa analogia coloca mais pressão sobre a pergunta pelo significado de “coesão”, a questão (i) acima. Afinal, até aqui nós esclarecemos qual é o papel que a coesão desempenha na argumentação de David Hull e indicamos que, segundo ele, indivíduos e espécies são entidades coesas. Não obstante, nada foi dito sobre o que é a coesão. Nós sabemos agora que, qualquer que seja a resposta de Hull, ela deve contemplar a analogia entre organismos e espécies.

Marc Ereshefsky (2001) nota o caráter ambíguo das diferentes respostas para a pergunta sobre o que é a coesão. O termo “coesão” ganha diferentes usos na literatura biológica e filosófica e, mesmo quando nos atemos apenas ao uso conferido a ele por David Hull, não é óbvio que tal termo adquira um significado simples. Essa situação é reforçada pelo uso intercambiável de “coesão”, “organização interna” e “unidade”, mas ainda “coerência” e “unidade evolutiva” pelo filósofo (ERESHEFSKY, 1991, p. 89). No caso específico das espécies, podemos inferir que a coesão *expressa-se* na forma de fenótipos reconhecíveis e conjunto gênico resistente à influência de outros genes e de fatores externos (HULL, 1978, p. 343). Ereshefsky evoca uma passagem de David Hull para colocar esse ponto:

Quando Hull fala sobre processos que causam a coesão, ele pergunta: “Por que grupos de populações relativamente independentes continuam apresentando fenótipos tão consistentes e reconhecíveis? Por que espécies assexuadas não são tão difusas quanto ‘tempestades de areia no deserto’?” Hull não está defendendo uma forma de essencialismo. Ele está apenas afirmando que o mundo orgânico parece consistir em grupos de organismos que partilham um modo de vida comum – o mundo parece se apresentar para nós em divisões reconhecíveis que nós chamamos de “espécies” (ERESHEFSKY, 2001, p. 114).

Segundo o trecho, a coesão das espécies são padrões de uniformidade reconhecidos por nós. “Coesão” é entendida aqui como um *produto*. A questão que se coloca então é como essa

uniformidade é produzida, ou seja, como e quais são os *processos* de coesão, como eles cumprem o papel teórico estipulado por Hull e qual a analogia entre eles e a coesão dos organismos.

No artigo intitulado “Individuality and selection”, David Hull distingue dois sentidos de coesão: estrutural e funcional (HULL, 1980, p. 314). A coesão estrutural diz respeito à manutenção de uma mesma estrutura, composição material, por parte de uma entidade individual. Por exemplo, Hull afirma que o processo de replicação de DNA e de outras micropartículas decorre da grande fidelidade de sua multiplicação. Essa multiplicação fidedigna mantém-se praticamente a mesma ao longo do processo de replicação. Esse sentido de coesão implica a existência de *contiguidade física* entre os componentes de uma entidade individual, e só surge na discussão como um modo de abordar o conceito de replicação (HULL, 1980; DAWKINS, 1976). Já a coesão funcional ocorre quando uma entidade individual existe como tal devido à existência de relações funcionais internas. Podemos evocar o exemplo dos organismos individuais como nós seres humanos, entendendo que tais organismos são compostos por diferentes órgãos que desempenham tarefas complementares na formação e funcionamento de um corpo único. A ideia básica desse tipo de coesão é que uma entidade individual é um “todo funcional”, uma entidade que interage de determinado modo com o meio graças ao arranjo de seus componentes e às funções que deles emanam.

No artigo supracitado David Hull não é categórico acerca do tipo de coesão que as espécies possuem. Ele limita-se a dizer que as espécies são linhagens e, enquanto tais, não são entidades replicadoras nem entidades interagentes (aquelas que possuem coesão funcional). Incurriríamos em uma falácia se, apenas com base nisso, concluíssemos que espécies não possuem nenhum dos dois tipos de coesão. Por outro lado, seria absurdo atribuir coesão estrutural às espécies. David Hull não trata a coesão das espécies como resultado de uma composição material que seria transmitida praticamente intacta para novas espécies e/ou novos organismos. Além disso, relacionar as espécies com a coesão estrutural implicaria enfatizar que a composição material (i.e, propriedades qualitativas) determina a identidade de uma espécie, o que é veementemente rechaçado pelo filósofo (HULL, 1978, p. 345). Por fim, a coesão estrutural é associada à contiguidade física, algo que Hull admite não haver no caso das espécies (HULL, 1980, p. 314). O filósofo afirma que as espécies não deixam de ser coesas pelo fato de muitas de suas populações estarem geograficamente isoladas.

Será então que a uniformidade das espécies ocorre na forma de coesão funcional? Será que é esse tipo de coesão que sustenta a analogia entre elas e os organismos? Infelizmente não encontramos tais respostas em David Hull. Quando nos voltamos para a literatura filosófica mais recente sobre a coesão, entretanto, entendemos que “coesão funcional” pode ganhar diferentes sentidos. Por exemplo, um modo de conceber sentidos diferentes para “coesão funcional” é apelar

para a distinção entre coesão responsiva e coesão integrativa (BARKER; WILSON, 2010, p. 2-3)⁷⁴. Por um lado, a coesão responsiva pode envolver funcionalidade, mas não interações causais entre os componentes do “todo”. Isso porque ela ocorre quando os componentes do indivíduo respondem aos mesmos efeitos causais externos, fazendo com que o indivíduo como um todo reaja de certo modo. Essa reação determina que o indivíduo possua funções, no sentido de que ele é capaz de responder a certas atividades do meio, mas não pressupõe que seus componentes criem tais funções a partir de suas próprias interações internas. O filósofo Marc Ereshefsky (2001, p. 114) identifica, embora sem usar o termo “coesão responsiva”, esse como sendo o sentido de coesão aludido por autores como Templeton (1989) no caso das espécies⁷⁵. A espécie como um “todo” possuiria certas respostas e comportamentos unificados frente ao meio, mas isso não é resultado de interações entre os organismos da espécie. Por outro lado, a coesão integrativa é aquela na qual a funcionalidade do todo decorre justamente das interações causais entre seus componentes. O exemplo dos organismos humanos corresponde à coesão integrativa, dado que se trata de sistemas compostos por elementos que interagem entre si. A forma como nosso sistema respiratório reage a certos estímulos externos é resultado da interação sistêmica entre cada elemento que o compõe. Marc Ereshefsky indica que esse sentido de coesão *não* é o sugerido por David Hull no tocante às espécies biológicas. Hull conceberia a coesão das espécies como um “modo de vida comum” de seus membros, sem supor uma interação causal entre eles (HULL, 2001, p. 114).

É importante que David Hull não tenha atribuído coesão integrativa às espécies, afinal, existem boas razões para filósofos e biólogos recusarem tal atribuição. Ao menos este é o caso se entendermos “integração” tal como foi exposto. Levemos em conta que os mecanismos de coesão mais citados na literatura são: pressões seletivas comuns, homeostase genética e fluxo gênico. Por “pressões seletivas comuns” entende-se as condições ambientais específicas de um nicho ecológico, as quais determinam a maneira como a seleção natural atuará (RIDLEY, 2006, p. 381). Nesse sentido, organismos que ocupam o mesmo nicho estarão sob as mesmas condições de atuação da seleção natural e poderão desenvolver adaptações similares. Se os organismos são previamente similares, sob as mesmas condições ambientais eles tenderão a se manter ou aumentar a similaridade⁷⁶. Reparemos que esse é um caso de coesão responsiva, não integrativa.

Já o fenômeno de homeostase genética discutido no contexto das espécies ocorre quando há

⁷⁴ Uma distinção bastante similar já havia sido apontada por Mishler e Brandon (1987) e serve explicitamente de inspiração para Barker e Wilson.

⁷⁵ Este autor é responsável por cunhar o chamado “conceito coesivo de espécie”, segundo o qual espécies são a população mais inclusiva de indivíduos que têm potencial para coesão fenotípica graças a mecanismos intrínsecos de coesão (TEMPLETON, 1989, p. 12).

⁷⁶ Isso não implica que toda a população em um mesmo nicho evoluirá de modo uniforme. Uma possibilidade empírica é a seleção disruptiva, segundo a qual parte dessa população evolui de modo divergente. As pressões seletivas comuns implicam apenas que organismos similares tendem a desenvolver, sob as mesmas condições, adaptações similares.

estabilidade genotípica entre os membros da mesma espécie (ERESHEFSKY, 2001, p. 115). Ele corresponde a um tipo de equilíbrio interno a cada organismo, o qual tende a impedir variações genotípicas que possam alternar tanto a funcionalidade e adaptabilidade do genótipo como um todo quanto seus produtos fenotípicos. Em outras palavras, a homeostase é uma força que resiste à dissipação dos arranjos genéticos e seus resultados na morfologia, fisiologia e etc. É fundamental perceber que ela ocorre no interior de cada organismo e, portanto, não supõe interações causais entre organismos diferentes. Desse modo, ela não pode ser considerada uma fator de coesão integrativa das espécies, mas sim de coesão responsiva.

Lembremo-nos, por fim, que o fluxo gênico consiste na movimentação genética – por migração ou intercruzamento – entre populações. Essa movimentação é responsável pela disseminação dos genes vantajosos, promovendo assim uma similaridade genética entre os organismos e populações que sofrem ação do mesmo fluxo. O fluxo gênico depende de relações causais (reprodutivas) entre populações de tal modo que elas tendam a compartilhar um mesmo conjunto de genes (*genetic pool*). É importante lembrar que este conjunto de genes funciona como uma barreira que dificulta a fixação de novos genes e mutações naquelas populações. Tal fixação não depende apenas desses genes e mutações serem adaptadas ao meio, mas também de serem adaptadas ao conjunto de genes já estabelecido. Assim descrito, o fluxo gênico consiste em uma força que induz a certa harmonização do conjunto gênico e impede sua desestabilização (RIDLEY, 2006, p. 376-378). Isso pode sugerir que populações de mesma espécie formam um grande conjunto gênico que mantém certa estabilidade ao longo do tempo graças às relações de reticulação possibilitadas pela reprodução. A partir disso, podemos ser tentados a traçar uma analogia entre as interações internas de organismo individual com as interações desencadeadas pelo fluxo gênico, tratando o fluxo gênico como um mecanismo de coesão integrativa. Relações reprodutivas integrariam diferentes organismos tal como relações ontogenéticas e bioquímicas integram diferentes órgãos de um organismo.

Barker; Wilson (2010) destacam que a ideia de que fluxo gênico produz coesão integrativa nas espécies é largamente reconhecida na literatura biológica e filosófica. Os filósofos identificam, entretanto, dois problemas gerais com esse reconhecimento. Em primeiro lugar, ele não leva em conta o simples fato de que não seria possível atribuir “integração” às espécies (BARKER; WILSON 2010, p. 4-9). Essas entidades são compostas de populações geograficamente isoladas. Desta feita, dificilmente uma espécie pode ser considerada uma entidade dotada de coesão integrativa se, por essa atribuição, entendemos a existência de relações causais que promovam a interação entre todas ou a maior parte de suas populações. Soma-se a isso o fato de que relações causais na Biologia dificilmente sobrevivem à grandes distâncias. Assim, seria necessário dizer que

o fluxo gênico integra *potencialmente* tais populações, mas não atualmente. Ao dizer isso estamos admitindo que espécies são entidades apenas potencialmente integradas, o que não parece ser o caso dos indivíduos e seus exemplos paradigmáticos, os organismos.

Um segundo argumento lançado por Barker; Wilson (2010) consiste na constatação de que o fluxo gênico muitas vezes não é suficiente nem necessário para gerar o *produto* da coesão nas espécies: a uniformidade. Na prática, o fluxo gênico não garante por si só a uniformidade das populações de uma espécie, mas tal uniformidade depende do cálculo de possíveis forças contrárias e complementares a ele. Desse modo, pode não haver uniformidade apesar da integração por fluxo gênico. Marc Ridley nota, por exemplo, que “uma força seletiva intensa pode manter duas populações diferenciadas, apesar do fluxo gênico” (RIDLEY, 2006, p. 396). Nesse caso, a integração do fluxo gênico é incapaz de estabelecer a uniformidade entre organismos que é o produto dos processos de coesão. Além disso, pode ser o caso de outros mecanismos evolutivos acarretarem essa uniformidade entre populações sem que o fluxo gênico seja um deles. Isso indica que o fluxo gênico até pode contribuir para a uniformidade das espécies, mas que ele não possui precedência sobre outros mecanismos que também contribuem para tal. A uniformidade é um produto de relações complexas e *trade-offs* entre os diversos mecanismos que a produzem, sejam eles mecanismos de coesão integrativa ou não. Seria temerário dizer que as espécies são coesas simplesmente porque há fluxo gênico. Assumir que as espécies são coesas simplesmente porque há fluxo gênico implica dissociar o processo do produto tradicionalmente esperado (i.e, a uniformidade)⁷⁷.

No contexto da Sistemática Filogenética, mecanismos de coesão para além do fluxo gênico não interessam, já que as espécies são concebidas em termos de tocenia (reprodução e genealogia). Por isso, nesse contexto interessa discutir se o fluxo gênico por si só justifica a atribuição de coesão integrativa às espécies. Os argumentos de Barker; Wilson (2010) sugerem claramente uma resposta negativa a essa questão. Apesar de poder haver fluxo gênico entre populações de uma espécie, serão raríssimos os casos nos quais uma espécie é transpassada inteiramente por esse processo. Não seria lícito esperar que a cada instante de tempo as populações de uma mesma espécie interajam por meio da troca de genes.

A analogia de David Hull entre espécies e organismos no seio da tese “espécies-como-indivíduos” induz a compreensão de que espécies são integradas. Afinal, seria intuitivo dizer que a cada instante de tempo as partes dos organismos estão causalmente interligadas, o que poderia nos

⁷⁷Se associarmos a coesão apenas à uniformidade, a ideia de que espécies são coesas parece tornar-se trivial e desprovida de interesse. Isso porque a coesão refere-se ao mero fenômeno observável e indisputável de que cada espécie exibe um conjunto de caracteres e comportamentos razoavelmente discretos. Dessa uniformidade não se pode derivar um argumento em favor de que espécies são indivíduos em oposição a serem tipos naturais.

levar a afirmar o mesmo das “partes” das espécies. Se compreendermos “coesão” em termos de integração causal, entretanto, tal afirmação seria descabida. A analogia de David Hull mostra-se equivocada, pois organismos são integrados, mas espécies não. Talvez espécies sejam coesas no sentido de “coesão responsiva”, algo que Barker; Wilson (2010, p. 16) concordam, mas esse não é o sentido de coesão que diversos autores julgam relevante e presente no caso dos organismos (ERESHEFSKY, 2001; BARKER; WILSON, 2010).

Não há dúvida que as dificuldades envolvendo o conceito de coesão na argumentação de David Hull iniciam-se com a falta de clareza do significado desse termo. Se admitir que, a despeito de tudo o que foi dito, a coesão das espécies é de natureza integrativa, Hull estará defendendo uma versão empiricamente implausível da tese individualista. Se admitir que a coesão das espécies não é de natureza integrativa, por sua vez, Hull será pressionado a explicar em que medida ela é análoga à coesão dos organismos. Como apontamos, parece intuitivo pensar que organismos humanos possuem coesão integrativa. Além disso, Hull será pressionado a explicar por que o sentido responsivo de coesão não pode ser acomodado por teorias dos tipos naturais, justificando a necessidade da categoria de “indivíduo” para explicá-la. Todo esse impasse reflete o caráter problemático da “coesão” na proposta de David Hull: se implicar relações causais, a coesão não parece se aplicar às espécies; se implicar apenas responsividade, a coesão aplica-se às espécies, mas a analogia entre espécies e organismos perde força e, com ela, a necessidade da categoria de “indivíduo”. O problema fica mais evidente se tivermos em mente que a coesão hullniana é pensada em termos de um vocabulário mereológico.

O discurso sobre a coesão é proferido por David Hull em termos mereológicos, isto é, de relação parte-todo. Hull entende que a coesão torna os componentes coexistentes (sincrônicos) de uma entidade *partes*, e não membros, dela (HULL, 1976, p. 183-184). Assim, a relação coesiva é uma relação que articula diferentes partes em um todo unificado. Essas partes se organizam de algum modo para formar uma única e mesma entidade. Em contraste, membros de um tipo natural não possuem relações mereológicas com o tipo. Esses membros são instâncias ou membros independentes do tipo natural, não sendo necessário que estejam articulados ou organizados entre si.

David Hull (1976) entende que espécies são indivíduos e, enquanto tais, possuem partes, não membros. Todavia, se entendermos que a coesão das espécies é responsiva, não integrativa, qual é a importância de insistir que organismos são partes de uma espécie? A coesão responsiva supõe apenas que as “partes” do indivíduo respondam de modo unívoco a determinados estímulos, sem que tais “partes” interajam causalmente entre si. Assim, qual é a diferença substancial em falar que organismos são partes e não membros de uma espécie? No caso dos organismos humanos, tratar seus órgãos como partes parece intuitivo, uma vez que eles interagem e criam unidades funcionais

(sistemas e o próprio corpo humano). Mas, no caso das espécies, suas partes parecem independentes entre si, ao menos se considerarmos que elas não são integradas. Frente a essa independência, essas partes parecem mais análogas a amostras de ouro (i.e, membros de um tipo natural) do que a partes do corpo humano. Assim sendo, porque falar que organismos são partes de uma espécie, ao invés de dizer que eles são seus membros? Qual é a justificativa para atribuir coesão e relações mereológicas ao interior das espécies?

Uma saída possível a essas indagações é não exigir que indivíduos sejam entidades coesas e, portanto, que espécies também não o sejam. Willi Hennig (1966), por exemplo, não exige que indivíduos possuam coesão. Sua caracterização da individualidade restringe-se a considerá-las entidades contínuas no tempo. Nesse sentido, espécies seriam indivíduos simplesmente por serem formadas por organismos que se sucedem no tempo. Essa visão menos demandante da individualidade metafísica das espécies não impede Hennig, todavia, de atribuir um papel importante ao fluxo gênico na caracterização das espécies. Hennig entende o rompimento das relações reprodutivas como uma característica necessária dos eventos especiativos, quando então surgem duas novas espécies e forma-se um grupo monofilético. Assim sendo, podemos dizer que o fluxo gênico desempenha para Willi Hennig o mesmo papel que para David Hull: ele individua e determina a identidade sincrônica das espécies, no sentido de que indica o que acontece quando uma espécie perde sua unidade ao especiar. Hennig define as espécies como comunidades reprodutivas, indicando que a capacidade de intercruzamento é o critério atemporal que nos permite demarcar organismos de uma mesma espécie. Nem por isso, entretanto, o entomólogo alemão fala em “coesão” das espécies ou utiliza-se de um vocabulário mereológico para descrevê-las⁷⁸.

Michael Ghiselin (1974) utiliza-se do vocabulário mereológico para descrever os indivíduos, mas ao mesmo tempo considera que nem todo indivíduo precisa ser coeso. Ghiselin desvincula a discussão sobre coesão do vocabulário mereológico, também descrevendo indivíduos não coesos em termos de parte-todo (GHISELIN, 1997, p. 56-57). O biólogo não justifica *empiricamente* por que utilizar um vocabulário mereológico para tratar de indivíduos em geral, tratando a mereologia apenas como uma *relação lógica* no debate sobre o estatuto ontológico das espécies. Ainda assim, ele concebe que as espécies são indivíduos dotados de coesão, entendendo-as como conjuntos de populações articulados pela reprodução, fluxo gênico e competição⁷⁹. Sua argumentação em favor da individualidade metafísica das espécies depende de assumirmos que espécies são populações

⁷⁸ A concepção de indivíduos em Hennig é menos demandante do que a de Hull, pois, além da referência à coesão e à mereologia, ela exclui qualquer referência à espacialidade (HENNIG, 1966, p. 81). Como mostramos em capítulos anteriores, a exclusão da espacialidade é mais aparente do que real.

⁷⁹ Segundo Ghiselin (1974), as espécies são as unidades populacionais menos extensas capazes de manter a competição reprodutiva entre seus membros.

sexuadas. Michael Ghiselin compartilha da ideia de que o fluxo gênico produz integração no interior das espécies.

Para além dos três proeminentes defensores da tese “espécies-como-indivíduos”, diversos autores discutem o significado da coesão e sua atribuição aos indivíduos e espécies. Edward O. Wiley entende que indivíduos são entidades coesas e, como David Hull, que as espécies satisfazem esse requisito a partir de três mecanismos empíricos: fluxo gênico, homeostase e pressões seletivas (WILEY, 1981, p. 75). Ele reserva o termo “entidades históricas” para aquelas entidades que, apesar da continuidade espaço-temporal, são desprovidas de coesão. Segundo ele, grupos monofiléticos são exemplos de tais entidades. Marc Ereshefsky (1991, 2001) também defende que indivíduos são sempre coesos, mas concebe a coesão em sentido integrativo ou, na sua terminologia, no sentido de “conexão causal” (ERESHEFSKY, 1991, p. 97). Por conseguinte, o filósofo assume que apenas as espécies dotadas de coesão integrativa são indivíduos. Todas as outras são enquadradas na categoria “entidades históricas” proposta por Wiley. Notemos que Ereshefsky assume uma caracterização bastante demandante da categoria de “indivíduo” e, em consequência disso, precisa relativizar a tese “espécies-como-indivíduos”. Afinal, ele admite que nem todas as espécies possuem coesão integrativa. Ereshefsky defende compartilha a ideia de que o fluxo gênico produz integração, ao contrário dos mecanismos de homeostase e pressões seletivas. Desse modo, para ele apenas espécies dotadas de fluxo gênico são indivíduos (ERESHEFSKY, 1991, p. 98). Tanto Edward Wiley quanto Marc Ereshefsky não indicam, entretanto, se o vocabulário mereológico aplica-se apenas à indivíduos *strictu sensu* ou também à entidades históricas.

Os argumentos de Barker; Wilson (2010) apresentados mais acima não pretendem apenas combater a visão aceita de que o fluxo gênico gera a integração das espécies. Tais argumentos buscam questionar se espécies são indivíduos. Isso porque, segundo eles, a coesão responsiva (ou qualquer coesão não integrativa) é algo que pode ser plenamente incorporado por teorias dos tipos naturais, de modo que apenas o comprometimento com a coesão integrativa justificaria tratar as espécies como indivíduos (BARKER; WILSON, 2010, p. 17). Como espécies não possuem coesão integrativa, nós estaríamos diante de duas opções: aceitar que espécies não são indivíduos, pois todo indivíduo deveria ter coesão integrativa, ou aceitar que indivíduos não precisam ter coesão integrativa. Barker; Wilson afirmam que a segunda opção é problemática. Qualquer coesão não integrativa acarreta na trivialização da categoria de “indivíduo”, já que exige os indivíduos de terem sua identidade sincrônica determinada por *relações causais* (BARKER; WILSON, 2010, p. 17-18). Em outras palavras, as partes coexistentes de um indivíduo não precisariam, para ser partes de um mesmo indivíduo, travar interações causais. Isso trivializa a noção de “indivíduos”, no sentido de que passa a se aplicar a muitos grupos que intuitivamente não são indivíduos. Recusando

essa via, os autores vão além da relativização da tese “espécies-como-indivíduos” operada por Ereshefsky, dizendo que nem mesmo as espécies sexuadas são causalmente integradas. Eles assumem que espécies não são indivíduos.

As posições de Marc Ereshefsky (1991, 2001) e de Barker; Wilson (2010) são representativas sobre o debate mais recente em torno da coesão. Elas indicam consequências possíveis da tentativa de caracterizar os indivíduos como entidades coesas e suas implicações para a individualidade das espécies. Uma consequência possível é admitir que apenas algumas espécies preenchem os requisitos da coesão e, portanto, apenas algumas delas são indivíduos. Outra consequência, mais radical, é dizer que nenhuma espécie preenche tais requisitos e, por conseguinte, nenhuma espécie possui individualidade. Desse ponto de vista, as posições de Ghiselin e Hennig podem parecer as mais atrativas: indivíduos não precisam ser coesos e, desse modo, a individualidade das espécies pode ser defendida a despeito da falta da coesão. As posições desses dois teóricos desviam-se dos perigos da relativização e da negação da tese individualista, perigos contra os quais a argumentação de David Hull precisa responder.

4.2.2 Individualidade naturalizada

Nosso estado do problema revela o quão obscuro e controverso são os debates que vinculam a coesão ao estatuto ontológico das espécies. Como mostramos, diferentes posições estão em disputa no contexto contemporâneo, algumas defendendo que indivíduos são entidades coesas e outras não. A adoção de uma ou outra posição a esse respeito influencia diretamente na aceitação da tese individualista acerca das espécies biológicas. Dependendo do conceito de “indivíduo” que se tenha em vista, espécies podem ser consideradas indivíduos ou não (ERESHEFSKY, 2001, p. 118). É importante frisar que a analogia estabelecida por David Hull entre espécies e organismos alimenta tais disputas. A analogia supõe que existe alguma semelhança na relação entre os componentes de uma espécie e na relação entre os componentes de um organismo. Mas que semelhança é essa? Nós notamos que a analogia entre espécies e organismos é frágil tão logo pensamos a coesão em termos de “coesão integrativa”. Embora seja intuitivo dizer que organismos biológicos possuem esse tipo de coesão, não é evidente que as espécies a possuam⁸⁰.

Nós acreditamos que os problemas envolvendo a “coesão” são sérios, mas também

⁸⁰ É interessante que, notando a fragilidade dessa analogia, Michael Ghiselin (1997) opte por analogias que envolvam objetos e aparatos técnicos.

entendemos que eles podem ser abordados de uma perspectiva diferente. Apesar de toda a obscuridade que acomete a coesão, entendemos que ela pode ser pensada por de outro viés, o qual seria capaz de iluminá-la e abrir novos caminhos na discussão. Não é óbvio que essa perspectiva tenha sido defendida tão abertamente na literatura para lidar com o problema da coesão. Todavia, ela apresenta-se de diversas maneiras na literatura contemporânea sobre filosofia da biologia e filosofia da ciência em geral. Podemos chamar essa perspectiva de *naturalista*, no sentido de que ela enfatiza o aporte de dados empíricos para o desenvolvimento e aprimoramento de conceitos filosóficos que servirão para a análise mesma da ciência⁸¹. Grosso modo, o tipo de naturalismo que aludimos nesta seção diz respeito aos parâmetros que definem a própria categoria ontológica de “indivíduo”. Trata-se de afirmar que tal categoria pode ser definida em termos das informações que a ciência fornece sobre seus exemplares. Assim colocado, a analogia entre espécies e organismos pode ganhar um sentido produtivo. Ela pode ser interpretada como um indício da ligação entre dois conceitos diferentes: “indivíduo”, no sentido de categoria ontológica geral (sentido utilizado até aqui na dissertação), e “indivíduo biológico”, no sentido de “organismo biológico” (CLARKE, 2010). Nossa perspectiva naturalista dirá que o primeiro conceito pode beneficiar-se do segundo conceito e que este, por sua vez, ganha sentido a partir do trabalho dos próprios biólogos. Assim, ao invés de afirmar *aprioristicamente* que indivíduos não precisam ser coesos, assumir que a coesão nada mais é do que um “pseudoproblema” ou recusar a analogia entre espécies e organismos de imediato, nós adotamos a estratégia de refletir sobre a individualidade metafísica e a coesão a partir de conhecimentos biológicos. Para tanto, nós recorreremos ao modo como os biólogos se referem a organismos biológicos, não ao modo como nossa intuição os concebe. Se nossa estratégia terá por fim a afirmação de que indivíduos são coesos ou não, essa é outra questão. O que enfatizaremos nesta parte final do trabalho é a existência de uma perspectiva ainda pouco explorada no debate sobre o estatuto ontológico, perspectiva cuja aplicação pode ser exemplificada nas discussões sobre “coesão”.

Antes de prosseguir, devemos notar a importância da distinção entre os conceitos de “indivíduo” e “organismo biológico”. Segundo Michael Ghiselin (1974), por exemplo, o primeiro conceito possui um sentido lógico, enquanto o segundo um sentido biológico. “Indivíduo” aplica-se a diferentes entidades em diferentes níveis hierárquicos biológicos e não biológicos. Nesse sentido, as características que definem esse termo são gerais e não dependem de quaisquer aspectos biológicos. Esse não seria o caso do termo “organismo biológico”, o qual menciona

⁸¹ Naturalismo talvez seja um dos conceitos mais polissêmicos da filosofia contemporânea. Sem a pretensão de defini-lo rigorosamente, entendemos que o caráter naturalista de nossa investigação deve-se ao aporte dos usos e práticas científicas para a caracterização do conceito metafísico de “indivíduo” e “coesão”. Isso ficará claro adiante.

necessariamente características específicas da Biologia, como capacidade de reprodução e adaptação.

David Hull também é interessado na distinção entre indivíduos e organismos (1976, 1978). Para ele organismos são exemplos paradigmáticos de individualidade metafísica, pois correspondem à individualidade que, dadas as *limitações cognitivas humanas*, é mais perceptível aos seres humanos (HULL, 1978, p. 365). Por outro lado, o conceito de “indivíduo” abarca não só os organismos, mas tudo aquilo a que, de acordo com certos critérios gerais, pode ser atribuído individualidade. Mas quais são esses critérios? O que justifica a adoção de determinados critérios em detrimento de outros? Hull apresenta os critérios gerais de individualidade com o auxílio do conhecimento biológico. Para expor tais critérios, ele recorre a exemplos reais de organismos biológicos, rechaçando experiências filosóficas de pensamento (HULL, 1978, p. 370-376). David Hull parece ter uma abordagem mais aberta ao naturalismo que Ghiselin, já que este utiliza exemplos artificiais de firmas e agentes econômicos (GHISELIN, 1974, p. 538). Todavia, a mera utilização de exemplos biológicos não torna Hull receptivo ao naturalismo que apresentamos nesta seção. O que interessa à presente acepção de naturalismo não é se casos biológicos podem ser usados como meros exemplos de individualidade metafísica, mas se os conhecimentos biológicos podem servir de base para as distinções conceituais da filosofia, como no caso da distinção entre indivíduos e tipos naturais.

Em “A matter of individuality”, David Hull utiliza-se de diferentes tipos de organismos, como borboletas, protozoários, hidrozoários e células somáticas, para expor sua caracterização do que é um indivíduo (Hull, 1978, p. 371-375). Hull afirma que em todos esses casos a individualidade está ligada à manutenção de uma organização interna, ou seja, da coesão. Hull (1976, 1980) também apresenta exemplos nos quais a individualidade está ligada à continuidade e localização espaço-temporal. Se David Hull apenas exemplifica tais aspectos relevantes da individualidade metafísica por meio de organismos biológicos, então ele não pode ser tomado como um representante do naturalismo que apresentamos nesse capítulo. Esse naturalismo só poderia ser atribuído à Hull caso o autor propusesse que coesão e espaço-temporalidade são critérios de individualidade metafísica *extraídos, ou inspirados*, na investigação da individualidade biológica. Tal naturalismo não se limita a usar exemplos biológicos para ilustrar a categoria metafísica de “indivíduos”, mas utiliza conhecimentos científicos da individualidade biológica para nos auxiliar na caracterização dessa categoria, em especial da noção de “coesão”. Mas como isso poderia ser feito? Quais suas vantagens?

Em “The problem of biological individuality” (2010), Ellen Clarke identifica na literatura treze caracterizações diferentes do que seriam organismos na Biologia. Vale notar que não se trata

de treze conceitos diferentes, mas de treze princípios ou aspectos diferentes que balizam inúmeros conceitos na literatura. A autora indica, por exemplo, que David Hull não é o único a caracterizar os indivíduos (biológicos e não biológicos) como unidades dotadas de partes organizadas, ou seja, coesão (CLARKE, 2010, p. 316). Diversos autores, dentre eles o próprio Darwin (1859), concebem os organismos em termos cognatos. O problema segundo ela é que, dada a vagueza desses termos, eles carecem de precisão e mensuração:

O problema é que quase todas as coisas são organizadas em algum sentido. A eficácia desses candidatos [conceitos de “organismo” que apelam para termos cognatos de “coesão”] ao lidar com problemas atuais de individuação – i.e. distinguindo claramente partes, indivíduos e grupos – depende muito do modo como a organização é expressa e sobre se ela pode ser medida (CLARKE, 2010, p. 14).

Os conceitos de organismos possuem uma demanda explicativa que consiste em permitir a distinção daquilo que são organismos, em oposição àquilo que são suas partes e os grupos que compõem. O problema de definir os organismos com base na “coesão” corresponde à dificuldade de satisfazer essa demanda explicativa. Associada a essa demanda, nós acreditamos que outra necessidade dos conceitos de organismos é demarcar o que é um único organismo, em oposição a muitos e diferentes organismos. O conceito de “coesão” em organismos também encontra dificuldade em satisfazer essa demanda, pois não é claro em que sentido um organismo deve ser internamente organizado a ponto de ser um *único e mesmo* organismo.

É interessante perceber que Clarke nota a vagueza do conceito de “coesão” e seus cognatos no contexto dos organismos, explicitando seu caráter problemático para uma definição da “individualidade biológica” (CLARKE, 2010, p. 15). Em primeiro lugar, isso indica que esse conceito não é um problema apenas no nível da individualidade metafísica, mas também quando falamos de organismos. Em segundo lugar, isso sugere que, ainda que nossa intuição possa querer associar os organismos com a coesão integrativa, não é óbvio da perspectiva biológica até que ponto organismos são entidades integradas, o que isso significa e como pode ser medido.

Ellen Clarke afirma que, enquanto se mantiverem vagas, noções como “integração” e “coesão” não são úteis para caracterizar os organismos. Dentre os conceitos de organismo que ela elenca, identifica algumas propostas que procuram capturar aspectos dessas noções, avaliando-as separadamente. A filósofa cita ao menos três propostas nesse sentido, a saber: integração como formas de interações bioquímicas, como resultado de processos seletivos ou como a capacidade de divisão de trabalho entre as partes do indivíduo. Nós acreditamos, todavia, que outros conceitos expostos por Clarke também capturam aspectos de algum tipo de organização interna dos

organismos. Em especial, se tivermos em mente que a coesão desempenha um papel de garantir a identidade sincrônica dos indivíduos, demarcando-os uns dos outros, então podemos identificar esse mesmo papel sendo desempenhado em diversos princípios analisados pela filósofa. Consideremos as seguintes possibilidades:

i. *Divisão células somáticas e não somáticas*: indivíduos biológicos possuem partes cuja especialização corresponde a células somáticas e não somáticas.

ii. *Mecanismos de policiamento*: indivíduos biológicos são alvo de mecanismos que previnem suas partes de deixarem de cooperar em benefício do todo.

iii. *Fronteiras físicas*: indivíduos biológicos são fisicamente discretos, circunscritos e localizados em pontos discretos do espaço-tempo.

iv. *Interações bioquímicas*: indivíduos biológicos possuem partes que interagem bioquimicamente.

v. *Cooperação e conflito*: indivíduos biológicos possuem partes que cooperam entre si em maior grau do que entram em conflito entre si.

vi. *Codispersão*: indivíduos biológicos possuem partes que alinham seus interesses reprodutivos a ponto de compartilharem um destino evolutivo comum.

vii. *Adaptação*: indivíduos biológicos possuem adaptações, as quais se expressam exclusivamente no nível desses indivíduos e suprimem os níveis inferiores.

viii. *Especialização*: indivíduos biológicos possuem partes especializadas para desempenhar determinadas tarefas⁸².

Todos esses princípios circulam na literatura filosófica e biológica sobre os organismos, revelando maneiras diferentes de compreender a organização interna e demarcação dos organismos. Em (i), o que garante a identidade e delimitação dos indivíduos é a divisão de trabalho existente entre células somáticas e não somáticas. Essa especialização é o que faz um aglomerado de

⁸² Embora esse conceito não seja listado, ele apresenta-se na descrição do conceito (i). Este pode ser visto como um caso especial de especialização (ver GODFREY-SMITH, 2009, p. 93).

componentes ser considerado um indivíduo e não um grupo. Já em (ii), a coesão reflete-se na ideia de existem mecanismos que atuam sobre as partes de um indivíduo, os quais evitam que cada uma dessas partes deixe de cooperar para o mesmo “todo”. Desse modo, supõe-se que a diferença entre um mero aglomerado e um indivíduo está na cooperação entre aquilo que os compõem. Indivíduos são compostos por elementos que cooperam, grupos/aglomerados não. A ênfase na cooperação também está presente em (v), dado que as partes de um indivíduo seriam aquelas que mais cooperam entre si do que entram em conflito. O conceito (iii) é aquele que sublinha a contiguidade física entre as partes de um indivíduo. Ou seja, indivíduos biológicos são entidades físicas com fronteiras físicas determinadas, de modo que seus componentes internos estão fisicamente interligados. Esse conceito compreende a identidade e delimitação dos indivíduos como uma função de relações físicas e espaciais entre suas partes. Por sua vez, o conceito (iv) trata a coesão como resultado de um processo de interações causais bioquímicas.

Como já dito, o conceito (v) enfatiza a cooperação em detrimento do conflito entre as partes de um indivíduo. Existe uma razão profunda para tal ênfase, a saber: organismos são entidades complexas, formadas por elementos muito diferentes entre si, mas que, não obstante, exibem um comportamento unificado. É necessário explicar como os componentes diferentes de um organismo se organizam e são capazes de viabilizar um comportamento unificado. Os conceitos (ii) e (v) assumem que a cooperação entre aqueles componentes é o que promove essa viabilidade do organismo. Essa ideia também está presente em (vi), o qual supõe que cada parte dos indivíduos se reproduz, mas não podem apresentar tendências de transformação que sejam divergentes em relação às outras partes. Só assim elas seriam capazes de produzir um “todo” viável. Devemos levar em conta que a capacidade de reprodução permite, *em princípio*, que os componentes do indivíduo sofram seleção natural e se modifiquem. Dessa maneira, a viabilidade do organismo deve ser garantida por meio de algum mecanismo que impeça seus componentes de evoluírem livremente, sem o constrangimento de se harmonizarem com a evolução dos outros componentes em vistas do benefício do todo⁸³.

O conceito (vii) parece que foge da preocupação com a viabilidade, dado que define os indivíduos como entidades que possuem adaptações. Entretanto, tal como definido acima, esse conceito condiciona a existência de adaptações à supressão da seleção natural em níveis a baixo do organismo. Isso significa que o organismo biológico é uma unidade capaz de sofrer ação da seleção natural e exibir adaptações, enquanto a capacidade de seus componentes para tanto é reduzida ou

⁸³ Esse conceito está aparentado com uma tendência bem recente de considerar que indivíduos biológicos são formados por linhagens em diversos níveis hierárquicos como, por exemplo, genes e células (DUPRÉ; O’MALLEY, 2009; HABER, 2012, 2013).

até mesmo suprimida. A identidade e a delimitação sincrônica de um indivíduo biológico ocorrem, portanto, por meio da coexistência de partes que promovem a evolução e adaptação do todo em detrimento de sua própria evolução. Finalmente, o conceito (viii) pode ser considerado um princípio geral para (i). Ele defende que as partes de um indivíduo possuem algum tipo de especialização, ou divisão de trabalho. Essa divisão garante que os componentes do indivíduo sejam efetivamente “partes” dele, não membros. O indivíduo como um “todo” depende das diferenças atividades que suas partes desempenham.

Todos os conceitos apresentados capturam, de algum modo, a ideia de que indivíduos possuem sua identidade sincrônica assegurada graças à organização de suas partes. Tal organização permite que tais partes sejam identificadas como partes de um único e mesmo indivíduo. Em suma, esses conceitos preenchem o papel teórico que David Hull confere à “coesão”. Todavia, a maneira como preenchem é bastante diversa e provavelmente muitos deles não precisam supor que a organização das partes ocorra via interações causais. Mesmo que aceitemos que a coesão dos indivíduos biológicos é sempre integrativa, essa integração ainda assim pode ocorrer de diferentes maneiras. Uns conceitos enfatizam relações bioquímicas, outros enfatizam mecanismos causais de supressão da seleção natural em níveis inferiores e etc. Para teóricos como Peter Godfrey-Smith (2009), a coesão ou integração presente na individualidade biológica não pode se resumir a uma dessas ênfases⁸⁴. Godfrey-Smith (2009) caracteriza a integração dos organismos a partir de uma soma de muitos desses fatores atuando juntos e em diferentes graus. Essa visão confere ainda mais complexidade à tentativa de fornecer uma definição unívoca de “coesão” no contexto dos organismos.

O que podemos extrair dessa discussão acerca da individualidade biológica para pensar a individualidade metafísica? Em primeiro lugar, ela enfatiza que o conceito de “coesão” possui certas funções teóricas a despeito da complexidade e multiplicidade dos mecanismos que o implementam. Ter clareza sobre tais funções teóricas nos permite superar algumas disputas verbais. Por exemplo, nós vimos na seção anterior que tanto Willi Hennig, quanto Michael Ghiselin e David Hull concebem o fluxo gênico como um mecanismo empírico que atua sobre as espécies, mas apenas Hennig não aplica o termo “coesão” às espécies. Se a coesão é o produto de mecanismos causais capazes de manter a identidade dos indivíduos, então essa diferença não é tão significativa quanto parece. Hennig não usa o termo “coesão”, mas entende o fluxo gênico como um mecanismo causal, o qual seria responsável por manter a identidade sincrônica das espécies através de relações

⁸⁴ Ellen Clarke também adota essa postura, sustentando que uma definição adequada da individualidade biológica só pode ser feita em termos funcionais, dado que tais funções são instaciadas de múltiplas maneiras (*multiple realizable*) por processos biológicos diversos (prelo).

reprodutivas. Isso porque é o fluxo nessas relações que garante que a espécie não perderá sua identidade, ou seja, não será alvo de especiação. Michael Ghiselin e David Hull estão em pleno acordo com Willi Hennig a esse respeito. Apesar da diferença terminológica, os compromissos acerca de como a identidade sincrônica das espécies é mantida são os mesmos.

Assumir a complexidade do conceito de “coesão” também nos permite superar alguns entraves. Um deles já foi mencionado anteriormente e corresponde a aceitar como dada uma visão intuitiva e idealizada da “coesão integrativa” como paradigma da individualidade. Antes de tudo, a complexidade biológica nos ajuda a romper com um conceito artificial de “integração”, haja vista que interações causais são promovidas de diferentes maneiras. Ao invés de apelar para a intuição e idealização, nós podemos nos voltar para a literatura sobre organismos biológicos e constatar o quão simplória são nossas intuições e idealizações. Isso nos permite ter uma visão mais ampla das relações de integração e da própria individualidade (tanto biológica quanto metafísica). Ao nos aprofundamos no conhecimento científico, torna-se cada vez mais claro que noções como “integração” são mais complexas do que aparentam e, se definidas artificialmente, não fazem justiça ao estado de coisas do mundo natural.

Nesse sentido, a perspectiva naturalista enfatiza que a coesão admite muitas variações de grau na natureza. Ao invés de buscar distinções conceituais absolutas, como ter ou não ter integração causal, a coesão passa a ser vista como algo que varia em intensidade, frequência e etc. Algumas partes de indivíduos são mais coesas entre si do que outras e alguns indivíduos são mais coesos do que outros. Essa variação já havia sido apreciada por Elliott Sober (2000), ao assumir que o grau de interdependência entre as partes dos indivíduos varia. Reconhecer a possibilidade dessa variação é importante e aplica-se mesmo quando se afirma que indivíduos possuem coesão integrativa. É um fato que os organismos possuem organização interna que varia em graus e que as interações causais que produzem sua integração também variam em graus.

Um problema que pode ser levantado contra nossa abordagem é que, se a individualidade biológica e a coesão variam em graus e servem de base para pensarmos a individualidade metafísica, então esta também varia em graus. Isso implicaria dizer que a definição da categoria ontológica de “indivíduo” é necessariamente imprecisa, pois sua diferença em relação às outras categorias não seria absoluta. Em outros termos, algo poderia ser mais ou menos “indivíduo” e/ou ser mais ou menos “tipo natural”. Essa implicação é recusada veementemente pela filósofa Judith Crane (2004). Segundo ela, podemos aceitar a diferença de graus da “coesão”, mas quando tratamos de categorias metafísicas não podemos admitir tais diferenças. Uma entidade é ou não é um indivíduo, é ou não é um tipo natural. Mas nossa abordagem não contraria essa perspectiva e, ao contrário do que pode parecer, não desconsidera que a individualidade metafísica e a

individualidade biológica são temáticas diferentes e não se reduzem uma na outra. Para compreender nossa proposta é necessário introduzir um novo elemento.

Podemos aceitar que a coesão é a determinação da identidade sincrônica dos indivíduos por meio de processos causais. Estes processos marcam a interação entre partes, a ponto de elas serem partes de um mesmo indivíduo. Mas que tipo e grau de interação entre partes são necessários para organizar um indivíduo? Segundo Marc Ereshefsky (2001), essa questão só pode ser respondida se tivermos em mente o *tipo* de indivíduo ao qual nos referimos⁸⁵. Em outras palavras, ele sustenta que o termo “indivíduo” não pode ser pensado fora de um escopo teórico no qual suas características gerais e pouco informativas serão substancializadas. O conceito de “indivíduo” é, ele mesmo, um termo teórico. Por exemplo, as forças que organizam um indivíduo na física são diferentes daquelas que organizam um indivíduo na biologia ou na sociologia, tanto no que diz respeito à natureza dessas forças quanto a variáveis, como intensidade e frequência. Ter em mente os diferentes contextos nos ajuda na compreensão adequada do quão demandante é a “coesão” em cada caso específico, isto é, qual o tipo e grau de coesão relevante.

Nós podemos aceitar que a distinção entre indivíduos e tipos naturais é absoluta, no sentido de que algo é um indivíduo ou é um tipo natural. Por outro lado, a noção de “indivíduo” adquire diferentes exigências a partir dos contextos específicos no qual é utilizada. A natureza e o grau de interações causais importam para a determinação do que é ser um indivíduo *em determinado contexto*. Assim, não faz sentido cobrar que um indivíduo na física (p.ex., uma partícula subatômica) possua o mesmo tipo e grau de interação causal que um indivíduo na biologia (p.ex. organismo multicelular). Não faz sentido cobrar que um indivíduo na microbiologia (p.ex. um sistema imune) possua o mesmo tipo e grau de integração que um indivíduo na seleção natural ou ecologia (p.ex. uma colônia). Dessa maneira, podemos dizer que as distinções conceituais entre indivíduos e tipos naturais são absolutas, mas ao mesmo tempo são contextualmente localizadas. Elas se aplicam de modo diferente dependendo do contexto teórico. É a compreensão desse contexto que nos permitirá tornar tais distinções substanciais e de algum interesse teórico. Por conseguinte, a compreensão desses contextos evitará com que importemos e aceitemos de outros contextos definições prontas. Essa é inclusive uma lição das discussões sobre individualidade biológica, já que em diferentes contextos as noções de “indivíduo biológico” e “coesão” adquirem sentidos particulares, a qual pode ser estendida para a individualidade metafísica: é necessário partir de um contexto teórico específico para substancializar o conceito de “indivíduo” e utilizar

⁸⁵ Essa questão se torna ainda mais importante se levarmos em conta o fato óbvio de que não apenas indivíduos possuem identidade (sincrônica) e, portanto, torna-se necessário distinguir o tipo de interação que caracteriza sua identidade sincrônica em oposição ao tipo de critério que marca a identidade (sincrônica) de outras categorias ontológicas.

adequadamente distinções como a que tematizamos nesta dissertação⁸⁶.

A partir das considerações feitas nós podemos recolocar o problema da coesão de modo mais produtivo do que encontramos em parte da literatura: Qual são os contextos específicos nos quais discute-se a individualidade das espécies? Nesses contextos, a identidade sincrônica dos indivíduos deve-se a algum tipo de interação entre partes, isto é, indivíduos precisam ser coesos neste contexto? Se não, como a referida identidade é satisfeita? Se sim, qual é o tipo e grau de interação relevante no contexto? As espécies possuem *empiricamente* esse tipo e grau de interação?

Um olhar atento para o caso da individualidade biológica nos ajuda a desfazer uma confusão conceitual perigosa. Trata-se da confusão entre *padrão* (*pattern*) e *processo* (*process*), dado que ambos aparecem vinculados ao conceito de “coesão” ou “coesão integrativa”. Organismos biológicos exibem certos padrões, os quais são produtos de certos processos que ocorrem dentro e fora deles. Por exemplo, quando Ellen Clarke (2010) afirma que todas as coisas possuem algum tipo de organização, ela está dizendo que todas as coisas possuem um determinado padrão organizado. Essa organização pode ser compreendida em termos de várias noções, como “divisão do trabalho”, “interdependência entre partes”, “adaptações”, etc. Por outro lado, muitas vezes Ellen Clarke e outros tratam a coesão em termos de processo, isto é, discutindo quais os mecanismos causais que geraram o padrão organizado. Tais mecanismos podem ser “interações bioquímicas”, “supressão de seleção em níveis inferiores”, etc. A distinção entre padrão e processo é importante para a devida compreensão da coesão e da analogia entre organismos e indivíduos. Afinal, os filósofos da biologia estão discutindo se os padrões de organização entre organismos e indivíduos metafísicos são análogos? Ou seriam os processos que os produzem que são?

Nós entendemos que uma perspectiva naturalista pode nos auxiliar e abrir espaço para novos aprofundamentos no debate acerca da “coesão” e “indivíduos”. Talvez ela nos leve a abandonar o vínculo entre esse conceito e a categoria de “indivíduo”, talvez ela apenas nos leve a tornar esse conceito mais sensível às diferenças contextuais. Sejam quais forem as possibilidades, o interessante é que elas estarão calcadas em análises menos artificiais do conceito e mais empiricamente motivadas.

Nossa estratégia para esclarecer o conceito de “coesão” foi pensar primeiramente sua função teórica e, em seguida, constatar sua complexidade na discussão sobre indivíduos biológicos. Foi possível constatar que a “coesão” (ou organização interna) também é um problema no contexto da individualidade biológica, ganhando diferentes sentidos em diferentes contextos. Tais diferenças vão ao encontro da ideia de que o termo “indivíduo” possui natureza teórica. A individualidade

⁸⁶ Por exemplo, a lista de princípios definitórios de “indivíduo biológico” apresentada por Ellen Clarke (2010) cobre os mais diferentes contextos, cada um dos quais tem sua própria exigência.

biológica aplicada ao processo de seleção natural é diferente daquela aplicada na imunologia, na ecologia, e assim por diante. No contexto da individualidade biológica, a sensibilidade contextual dos conceitos de “indivíduo” é levada a sério.

Do ponto de vista naturalista não há porque recusar que a mesma complexidade e carga teórica esteja presente em discussões sobre a individualidade metafísica. Não há razão para favorecer uma visão idealizada e artificial de “coesão” e também “indivíduo”, mas sim para tornar tais termos cada vez mais sensíveis ao contexto de uso. Em termos gerais, a estratégia naturalista deixa de lado a pretensão de que categorias e distinções ontológicas sejam definidas sem auxílio do conhecimento científico, mas de modo intuitivo ou *a priori*. Opomo-nos aqui à ideia de que as definições e distinções metafísicas sejam estabelecidas a despeito do conhecimento científico. Essa mesma ideia foi recentemente atacada por James Ladyman *et al* (2007). Sobre uma metafísica não naturalista contemporânea, eles dizem:

Surgiram atualmente, mais uma vez, debates esotéricos sobre substância, universais, identidade, tempo, propriedade, etc. que fazem pouca ou nenhuma referência à ciência, ou, o que é pior, que parecem pressupor a irrelevância da ciência para sua resolução (LADYMAN *et al*, 2007, p. 10).

Os autores utilizam o termo “esotéricos” pejorativamente. Eles defendem que discussões metafísicas só possuem valor na medida em que se fiam ao conhecimento científico, abandonando o apego às intuições e argumentos apriorísticos (LADYMAN *et al*, 2007, p. 10-17). Nós entendemos que debate sobre “coesão” e a metafísica das espécies podem se beneficiar de uma perspectiva naturalista. Desse modo, a discussão sobre o estatuto ontológico das espécies não deve apelar para conhecimentos da ciência apenas porque tem como objeto as “espécies”, mas sim porque não é interessante definir “indivíduo” em contextos teóricos sem apelar para o que a ciência nos diz sobre indivíduos. Ou melhor, definir “indivíduo” a partir dos conhecimentos científicos pode nos fornecer uma base mais consistente para fazermos investigações metafísicas sobre as espécies biológicas ou outros indivíduos metafísicos. Talvez isso não fosse necessário no período inicial desse tipo de investigação, quando a dicotomia entre indivíduos e tipos naturais era pouco refinada. Mas acreditamos que este não é mais o caso. Na medida em que adicionamos elementos epistemológicos ao debate, bem como aprofundamentos distinções e teorias, um caminho interessante seria fiar-nos mais ao conhecimento científico.

Os problemas relacionados ao conceito de “coesão” ameaçam a consistência da categoria de “indivíduo” e, por conseguinte, da tese “espécies-como-indivíduos”. Essa razão faz com que devamos levar tais problemas a sério. Afinal, ao longo dessa dissertação nós fundamentamos a

posição de que espécies biológicas são indivíduos no contexto da Sistemática Filogenética. Ainda que a categoria “tipos naturais históricos” apresente-se como uma concorrente a tal posição, ela carece de desenvolvimento. Uma possível réplica é de que esta última categoria é acometida por tantos ou mais problemas conceituais que os “indivíduos”. Combatendo essa ideia, nós mostramos que uma perspectiva naturalista sobre as categorias ontológicas pode abrir caminho para uma compreensão mais adequada da individualidade metafísica das espécies biológicas. Mostre-se ou não um bom caminho, é certo que as controvérsias acerca da coesão indicam, por si só, que o esclarecimento de “indivíduos” – bem como sua confrontação com a teoria dos tipos naturais – não é um debate encerrado na Filosofia da Biologia. Novos e velhos caminhos esperam por ser pavimentados na direção de uma resposta satisfatória à ontologia das espécies biológicas.

5. Conclusão

Nas páginas anteriores nós fizemos um longo percurso através do debate envolvendo o *estatuto ontológico* das espécies biológicas na Sistemática Filogenética. Esse percurso teve uma clara orientação temática. Nós apresentamos o problema que cerca o estatuto ontológico das espécies, avaliando criticamente os principais argumentos que levaram a literatura biológica e filosófica a adotar uma dentre duas posições bastante difundidas: as espécies são *indivíduos* ou *tipos naturais*. Ao mesmo tempo, todavia, nosso percurso também teve uma orientação histórica. A reconstrução dos argumentos seguiu uma ordem cronológica, com o intuito de evidenciar o desenvolvimento das discussões até o momento presente. Compreender esse desenvolvimento é muito importante, pois nos permitiu mensurar alguns problemas conceituais que ainda acometem o debate. Tal mensuração é a porta de entrada para novos caminhos no debate, como o caminho proposto no final do último capítulo.

Levando-se em conta sua dimensão temática e também histórica, nossa dissertação cumpriu dois objetivos gerais: (i) reconstruiu os aspectos mais importantes do debate acerca do estatuto ontológico desde a década de 1960 até seus desenvolvimentos mais recentes e (ii) posicionou-se frente as alternativas discutidas e alguns de seus desafios na atualidade.

Após uma breve introdução, o primeiro capítulo da nossa dissertação forneceu o contexto teórico-científico no qual o problema do estatuto ontológico foi abordado, a saber: a Sistemática Filogenética. Vale frisar que este contexto *não* é contexto no qual as discussões iniciais sobre o estatuto ontológico das espécies foram colocadas. Ao contrário, foi no contexto da Biologia Evolutiva que essas discussões ganharam maior repercussão e vigor filosófico (GHISELIN, 1966, 1974; HULL, 1976, 1978; KITTS & KITTS, 1979; DUPRÉ, 1981). Por isso mesmo, ao adentrarmos no problema do estatuto ontológico, nós recorreremos aos autores ligados à Biologia Evolutiva. Em particular, valemo-nos da argumentação de David Hull (1976, 1978), buscando por meio dela fornecer uma argumentação mais robusta daquele problema e suas possíveis soluções. Essa estratégia tornou-se tanto mais necessária pelo fato de não encontrarmos na obra de Willi Hennig (1966), fundador da Sistemática Filogenética, uma discussão substancial acerca do estatuto ontológico das espécies. Assim sendo, nosso primeiro capítulo expôs o contexto da Sistemática Filogenética para, logo em seguida, apresentar o problema do estatuto ontológico em uma perspectiva mais ampla. Essa perspectiva nos forneceu elementos filosóficos, a partir dos quais nos foi possível desenvolver uma interpretação de porque a Sistemática Filogenética precisa vincular-se à tese de que espécies são indivíduos, não tipos naturais.

Nós iniciamos o primeiro capítulo com uma apresentação da Sistemática Filogenética, esclarecendo a maneira como Hennig concebe as espécies biológicas. Notamos que o entomólogo alemão as caracteriza como “comunidades reprodutivas” (HENNIG, 1966, p. 81), entendendo que cada espécie seria um conjunto de populações interligadas ao longo do tempo mediante relações genealógicas e cujos organismos seriam capazes de entrecruzamento. Por um lado, cada espécie constitui uma metalinagem, ou ainda, uma complexa rede de linhagens interligadas e contínuas no espaço-tempo. Essa linhagem inicia-se com um evento de especiação e termina com o evento de especiação imediatamente subsequente (ou com uma extinção). Por outro lado, o que determina a especiação é o rompimento das relações reprodutivas entre organismos coexistentes dessa rede em algum instante de tempo. A incapacidade de entrecruzamento indica que tais organismos não pertencem à mesma espécie, ainda que seus ancestrais fossem capazes de se entrecruzar. Nesse sentido, um evento de especiação marca sempre o início de duas linhagens diferentes a partir de uma mesma espécie ancestral. Trata-se de um evento de bifurcação (ou cladogênese), o qual termina por gerar uma estrutura arborescente de representação da evolução: cada ramo é uma espécie que dá origem a dois novos ramos e assim sucessivamente.

Assim colocada, a concepção de espécies proposta por Willi Hennig possui dois elementos centrais. Em primeiro lugar, ela destaca a capacidade de reprodução que marca o interior da cada espécie. Hennig denomina as relações reprodutivas de *relações tocogênicas*, entendendo que tais relações geram uma ligação reticulada entre os diferentes organismos de uma mesma espécie. Essas relações são responsáveis por produzir a estrutura de “rede”, a qual conecta os organismos em um padrão “muitos-muitos” (RIEPEL, 2008, p. 600). Em segundo lugar, temos um elemento genealógico atrelado à reprodução. A estrutura de “rede” entre os organismos de mesma espécie é formada ao longo do tempo, partindo-se do fato de que cada ato reprodutivo gera descendentes. Podemos dizer que a “rede” é formada por linhagens, isto é, cadeias de organismos que ao longo do tempo conectam-se por relações de ancestral-descendente.

Os dois elementos da concepção hennigiana de espécie foram retratados em nossa dissertação mediante a formulação de critérios de identidade. A razão disso é que tais elementos fornecem as condições para dizermos por que, segundo a Sistemática Filogenética, determinado organismo pertence ou não à determinada espécie. Em outros termos, tais elementos indicam porque um grupo de organismos corresponde a uma *única e mesma espécie*. O elemento reprodutivo fundamentou o critério de *identidade sincrônico* das espécies:

(i) **Identidade sincrônica das espécies**: um organismo P é uma instância da espécie Q em T’ se e somente se fizer parte de uma comunidade reprodutiva C em T’.

Essa definição indica que, a cada instante de tempo, os organismos (coexistentes) de uma espécie fazem parte da mesma comunidade reprodutiva. Tal comunidade é aquela composta de organismos capazes de se entrecruzar, de modo que esse entrecruzamento permite a formação das cadeias genealógicas. De modo complementar ao elemento reprodutivo, o elemento genealógico fundamentou o critério de *identidade diacrônico* das espécies.

(ii) **Identidade diacrônica das espécies:** um organismo P é uma instância da espécie Q em T' se e somente se estiver causalmente conectado às instâncias da espécie Q em T'' por meio de cadeias genealógicas espaço-temporalmente contínua.

Tal definição enfatiza o fato de que Willi Hennig concebe as espécies como um ramo da árvore filogenética, isto é, como uma rede que se estende de modo contínuo ao longo do tempo a partir de cadeias de ancestralidade. Nesse sentido, se em um tempo T a espécie deve ser uma comunidade reprodutiva, no intervalo entre o tempo T e T'' ela é um complexo conjunto de cadeias genealógicas interconectadas. Fundamental é perceber que, tanto diacrônica quanto sincronicamente, a identidade das espécies (i.e. o pertencimento dos organismos a elas) depende de *relações causais* travadas em seu interior.

Na sequência do primeiro capítulo nós apresentamos o problema do estatuto ontológico e apresentamos as principais posições que marcaram os debates na década de 1960 e 1970. Segundo tais posições, espécies biológicas poderiam ser consideradas *indivíduos* ou *tipos naturais*. A tese de que espécies seriam tipos naturais possui uma história filosófica remota, sendo aceita em diferentes áreas da filosofia como uma posição *default* (ERESHEFSKY, 2007). De acordo com ela, espécies são classes definidas em termos de propriedades necessárias e conjuntamente suficientes. Tais propriedades seriam *qualidades intrínsecas* aos organismos que compõem tais classes. Nesse sentido, as características fenotípicas e/ou genotípicas dos organismos seriam responsáveis por indicar seu pertencimento à determinada espécie *qua* tipo natural. Essa ideia esteve vinculada historicamente a uma forma de essencialismo: as características intrínsecas dos organismos, consideradas propriedades necessárias e suficientes para seu pertencimento às espécies, são consideradas as *essências* das espécies. Elas representam o que é para um grupo de organismos ser de uma *única e mesma espécie*. A partir dessa análise nós concluímos que a tese de que espécies são tipos naturais dotados de essências compromete-se com o seguinte critério de identidade (tanto sincrônico quanto diacrônico) para as espécies biológicas:

Def.: um organismo P é uma instância da espécie Q se e somente se possuir a essência qualitativa XYZ.

Em oposição à tese de que espécies são tipos naturais, apresentamos a tese de que elas são indivíduos. Indivíduos são entidades cujos “componentes” estabelecem relações causais entre si e essas relações determinam sua individualidade. Indivíduos são espaço-temporalmente restritos, já que eles existem ao longo do tempo, possuem uma história única e irrepetível e ocupam posições discretas no espaço a cada instante dessa história (HULL, 1978, p. 336). Nesse sentido, existem relações causais que marcam uma continuidade histórica entre os elementos que compõem um indivíduo com o passar do tempo. As células do meu corpo hoje, por exemplo, podem não ser as mesmas de ontem. Todavia, relações causais determinam uma continuidade histórica entre as células de ontem e de hoje. Além do mais, as células que coexistem hoje no meu corpo estabelecem certas relações causais entre si, relações de “coesão” que indicam o que é para um indivíduo ser uma unidade individual a cada instante de tempo (HULL, 1978, p. 345). Ainda que superficialmente, esse raciocínio analógico ilustra aquilo que identificamos como os critérios de identidade diacrônica e sincrônica dos indivíduos:

Identidade diacrônica dos indivíduos: um indivíduo I em T' é o mesmo indivíduo I em T'' se e somente se mantiver sua continuidade espaço-temporal entre T' e T'' por meio de relações causais.

Identidade sincrônica dos indivíduos: um indivíduo I em T' é o mesmo indivíduo I em T' se e somente se exibir uma coesão O entre suas partes por meio de relações causais.

A formulação e a investigação dos critérios de identidade não são enfatizadas nos debates acerca do estatuto ontológico das espécies. Entretanto, a partir dos argumentos lançados originalmente nesse debate, entendemos que tais critérios desempenham um papel importante. A ênfase nesse papel é uma das contribuições centrais que nossa dissertação promove. A distinção entre indivíduos e tipos naturais é inicialmente caracterizada a partir dos elementos mais diversos, sejam eles metafísicos, epistemológicos ou semânticos. Ao apresentar o debate nós indicamos que, todavia, seus argumentos centrais podem ser apresentados por meio da distinção entre critérios de identidade de indivíduos e tipos naturais. Diferentes aspectos semânticos, epistemológicos e metafísicos *não* são cruciais para a defesa ou crítica desses argumentos. Muitos deles são desdobramentos, mas não precisam ser mencionados quando nos restringimos a fornecer uma defesa ou recusa da tese de que espécies são indivíduos. Por outro lado, a questão dos critérios de identidade está absorvida no cerne do debate e nos ajuda a compreender o que há de

fundamentalmente decisivo nele.

A partir da questão da identidade nós retornamos ao contexto da Sistemática Filogenética. Defendemos que a identidade das espécies nesse contexto coaduna-se ao critério de identidade de indivíduos, não de tipos naturais. Do ponto de vista diacrônico, uma espécie é uma entidade historicamente contínua, pois sua identidade é mantida por relações causais genealógicas a partir da reprodução e hereditariedade. Isso faz com que as espécies possuam histórias evolutivas particulares e irrepetíveis, tal como é de se esperar dos indivíduos. Do ponto de vista sincrônico, uma espécie é uma comunidade reprodutiva, isto é, um grupo de organismos capazes de se reproduzir. As relações reprodutivas fazem com que tais organismos reúnam-se em uma mesma espécie, sendo “*partes*” de uma única e mesma entidade em dado instante de tempo. Esse tipo de comportamento é esperado para indivíduos, não tipos naturais. Como vimos, a cada ponto da história os indivíduos devem ser internamente organizados por suas “*partes*” a partir de relações causais. Essas considerações em termos de critérios de identidade nos ajudam a compreender a distinção fundamental entre indivíduos e tipos naturais. Dessa forma, elas nos ajudam a compreender *por que* as espécies na Sistemática Filogenética precisam ser consideradas indivíduos. Tal compreensão vai além daquilo que Willi Hennig nos ofereceu em seus trabalhos seminais sobre Sistemática Filogenética.

Historicamente nosso segundo capítulo concentra-se em um marco mais recente das discussões acerca do estatuto ontológico das espécies biológicas. Trata-se da teoria dos *clusters de propriedades homeostáticas* (CPH). Essa teoria foi proposta por Richard Boyd no fim da década de 1980, figurando em um contexto amplo do realismo científico defendido pelo filósofo (BOYD, 1991). Desde então, a teoria disseminou-se como uma nova maneira de caracterizar os tipos naturais, enfatizando o embricamento entre seus elementos epistemológicos e ontológicos. Isso resultou na revitalização da tese de que espécies são tipos naturais e no refinamento filosófico do debate acerca do estatuto ontológico. A proposta de Richard Boyd tem sido aceita por diversos filósofos e biólogos contemporâneos, constituindo uma alternativa aparentemente convincente à tese de que espécies são indivíduos (GRIFFITHS, 1999; WILSON, 1999; RIEPPEL, 2007; WILSON *et al*, 2009).

No primeiro capítulo, havíamos nos limitado a oferecer uma caracterização ontológica do que são tipos naturais. Já no segundo capítulo, oferecemos uma contextualização mais ampla de “tipos naturais”, indicando que o interesse filosófico desse conceito é tanto ontológico quanto epistemológico. Tipos naturais desempenham determinadas funções em nossas práticas indutivas e são uma chave de leitura importante para tratar o chamado *problema da indução* (GOLDMAN, 1953; QUINE, 1969). Uma das vantagens da teoria de Richard Boyd é justamente que ela leva em

conta esses aspectos epistemológicos de “tipos naturais”. Segundo Boyd (1999), compreender as funções deste conceito nas práticas explicativas é o fundamento para se compreender qual é a ontologia dos tipos naturais, isto é, o que são e como definir “tipos naturais”. Tal compreensão sugere para o filósofo que tipos naturais não precisam ser definidos por propriedades necessárias e conjuntamente suficientes, bem como por meio de qualidades intrínsecas. Bastaria que os tipos naturais fossem definidos por meio de um conjunto de propriedades variáveis, as quais poderiam ser intrínsecas aos membros do tipo ou não. Este conjunto de propriedades é tecnicamente denominado de “*clusters*”, pois abarca propriedades que não são necessárias, mas apenas *frequentes* no tipo natural. Não seria necessário que todos os organismos de uma espécie possuíssem um mesmo conjunto de propriedades. Segundo a abordagem dos CPH, cada organismo deveria possuir um subconjunto qualquer dentro do conjunto de propriedades frequentes (*cluster*), porém não necessárias.

A teoria de Richard Boyd chama as propriedades do *cluster* de *propriedades homeostáticas*, no sentido de que sua frequente coinstanciação (coaparecimento) nos membros do mesmo tipo natural seriam resultado de determinadas forças causais, denominadas *mecanismos homeostáticos* (BOYD, 1999b, p. 112). Por isso, um tipo natural não seria definido apenas por meio do *cluster* de propriedades, mas de sua conjunção com o conjunto de mecanismos causais que produzem o *cluster*. No caso das espécies, haveria diversos mecanismos empíricos responsáveis por fazer com que organismos da mesma espécie apresentassem propriedades frequentes. Um desses mecanismos seria a transmissão hereditária de propriedades ao longo de cadeias genealógicas, isto é, a partir de uma ancestralidade comum. Esse mecanismo possui uma importância para Richard Boyd, pois ele permite compatibilizar duas ideias: (i) espécies são formadas por cadeias genealógicas estendidas ao longo do tempo e (ii) seus organismos são muito similares entre si. A primeira ideia municiava até então a tese de que espécies seriam indivíduos, enquanto a segunda ideia era vinculada à concepção tradicional dos tipos naturais. Por um lado, Richard Boyd almejou incorporar o caráter genealógico das espécies, trazendo para dentro de sua teoria dos tipos naturais aquilo que mais importava aos adeptos da tese “espécies-como-indivíduos”. Por outro lado, ele procurou garantir o apelo à similaridade na definição dos tipos naturais, mantendo-se fiel à ideia de que os organismos de uma espécie constituem um mesmo tipo natural por que são similares.

Refletindo sobre o contexto da Biologia Evolutiva, Richard Boyd afirma que espécies são tipos naturais. Elas possuiriam um caráter genealógico, além de sofrerem a ação de mecanismos reprodutivos, ecológicos e etc. Todos estes mecanismos seriam geradores de similaridade. Os adeptos da tese “espécies-como-indivíduos” não recusam a ideia de que tais mecanismos geram a similaridade entre os organismos de uma mesma espécie. Todavia, eles teriam errado ao insistir que

espécies não são tipos naturais. Segundo Richard Boyd (1999b), o fato de que espécies são tipos naturais decorre do lugar que a similaridade desempenha na prática dos biólogos evolucionistas: estes caracterizariam os processos e padrões evolutivos a partir do pressuposto fundamental de que espécies são compostas de organismos similares. O caráter genealógico das espécies seria secundário em relação à similaridade se tivéssemos em vista como os biólogos descrevem e calculam a evolução, por exemplo, em cenários de seleção natural. Desse modo, Boyd parte de uma premissa epistemológica para uma conclusão ontológica: da ideia de que a similaridade é fundamental na prática dos biólogos para a ideia de que a identidade das espécies é baseada nela, ou seja, na posse de determinadas propriedades. Relações genealógicas e de coesão não desempenhariam papel nesse sentido.

Após expor a teoria de Richard Boyd, nós apresentamos a argumentação de Ereshefsky; Matthen (2005) contra ela. Os autores reivindicam que essa teoria não incorpora a genealogia tanto quanto requerido no contexto da Sistemática Filogenética. Para tanto, eles utilizam um exemplo fornecido anteriormente pelo próprio Richard Boyd (1999a): a especiação por *hibridação com múltiplas origens*. Considere que duas espécies diferentes são capazes de se entrecruzar e gerar descendentes férteis, fenômeno cada vez mais estudado em diversas áreas da Biologia. Essas duas espécies se encontram uma vez, gerando uma primeira linhagem de descendentes. Em seguida, elas se encontram outras vezes e geram novas linhagens. A pergunta que se coloca é como devemos agrupar essas linhagens híbridas. Seria pelo fato de seus organismos serem similares entre si ou pelo fato deles terem origens históricas distintas? Richard Boyd (1999a) afirma que a similaridade possui precedência sobre a continuidade espaço-temporal e, portanto, ela seria mais importante que o fato das linhagens possuírem origens históricas distintas. Não obstante, tal afirmação é inaceitável do ponto de vista da Sistemática Filogenética. Para essa escola de classificação, organismos de linhagens com origens históricas distintas não possuem continuidade espaço-temporal e, portanto, não podem pertencer à mesma espécie. Isso indica que, embora Boyd faça um esforço para acomodar em sua teoria a ideia de que espécies são entidades contínuas no espaço-tempo, ele não considera essa continuidade uma *condição necessária* para a identidade das espécies.

A teoria de Richard Boyd ganhou vários adeptos nas últimas décadas. Um deles, Paul Griffiths, propõe uma versão dos *clusters de propriedades homeostáticas* com a intenção deliberada de acomodar o uso de “espécie” na Sistemática Filogenética. Por isso, após argumentar contra a posição de Boyd, voltamos para as ideias de Griffiths. Este filósofo também entende que a ancestralidade comum é um mecanismo homeostático das espécies, mas afirma adicionalmente que esse mecanismo é a *essência* das espécies na Sistemática Filogenética. Tal mecanismo produz um determinado tipo de similaridade, a saber: as homologias evolutivas (sinapomorfias). Nesse sentido,

Griffiths entende que a definição das espécies é determinada por esse tipo específico de similaridade. Em alguns trechos, todavia, Griffiths (1999, p. 219) sugere que essa definição equivale à definição em termos do próprio mecanismo homeostático. O problema é que, embora possa haver uma correspondência entre homologias evolutivas e ancestralidade comum na prática, existe uma grande diferença entre elas: a primeira é apenas *evidência* da segunda, já que a segunda é a razão de ser *ontológica* da primeira. Desse modo, a sugestão de Griffiths incorre no erro de colapsar evidência e aquilo de que algo é evidência. O filósofo não quer abandonar uma definição dos tipos naturais em termos de propriedades qualitativas, isto é, similaridade. Por isso, sua estratégia é estabelecer a equivalência entre essa definição e uma ontologia que privilegie a genealogia (ancestralidade comum). Todavia, essa equivalência é apenas prática e não implica, portanto, que a identidade das espécies esteja fundamentada na similaridade. Isso pode ser mais bem apreciado mediante a reflexão sobre certo tipo de *caso hipotético*, o qual sinaliza um limite explicativo de abordagens que privilegiam a similaridade. Imaginemos organismos inteiramente diferentes, mas interligados pela mesma cadeia histórica. Nesse caso, não seria possível reconstruir a cadeia histórica por falta de evidência, isto é, por falta de homologias evolutivas. Essa impossibilidade prática não prova, entretanto, que aqueles organismos *não* são da mesma espécie. Se eles são da mesma espécie ou não, isso depende da continuidade espaço-temporal entre eles ao longo do tempo, não da existência de evidências para a reconstrução dessa continuidade. Assim, o limite explicativo da teoria dos *clusters* é a impossibilidade de conceber hipóteses nas quais organismos radicalmente diferentes compõem a mesma espécie. Esse tipo de hipótese pode não ser *metodologicamente* viável dentro da Sistemática Filogenética, mas não é excluída do escopo desta teoria.

Nosso segundo capítulo terminou com a conclusão de que as propostas de Richard Boyd e Paul Griffiths não são adequadas. Com isso, elas não estão aptas a substituir a tese “espécies-como-indivíduos” no contexto da Sistemática Filogenética. A primeira parte do nosso terceiro capítulo retoma essa discussão, analisando tentativas mais recentes de defender a teoria *cluster* de propriedades homeostáticas e o essencialismo histórico.

O zoólogo Olivier Rieppel (2007, 2008) é um dos mais prolíficos defensores da teoria dos *clusters*. Ele apresenta duas respostas principais ao argumento de Ereshefsky; Matthen (2005), argumento segundo o qual a teoria *cluster* privilegia a similaridade em detrimento da genealogia. A primeira resposta aponta que o referido argumento assenta-se sobre uma premissa equivocada, a saber: espécies seriam grupos monofiléticos, isto é, grupos formados por uma população ancestral e todas as suas descendentes. O equívoco dessa premissa consiste em aplicar o conceito de monofilia às espécies, quando ele deveria ser restrito aos *táxons superiores*. Em seguida, nós mostramos que a

argumentação de Ereshefsky; Matthen não supõe que espécies sejam grupos monofiléticos. Essa argumentação precisa supor apenas que, assim como todos os outros táxons, as espécies possuem origens históricas únicas. Possuir tal origem não equivale a dizer que elas são grupos monofiléticos. É pelo fato de privilegiar a similaridade frente à *origem única* das espécies que a teoria dos CPH é inadequada. Por isso, a primeira resposta de Rieppel não atinge seu objetivo.

A segunda resposta de Olivier Rieppel não possui melhor sorte. Essa resposta pode ser sumarizada da seguinte maneira: o simples fato de que fazemos inferências indutivas envolvendo propriedades dos organismos de uma espécie faz com que nos comprometamos com uma ontologia de tipos naturais. O problema dessa réplica é que ela opera uma passagem apressada da epistemologia para a ontologia que nem mesmo Richard Boyd aprovaria. Este filósofo concede que todos os polos da discussão obviamente aceitam que nós façamos inferências envolvendo propriedades e que é legítimo fazê-las. Não é isso, portanto, que deve nos levar a defender que espécies são tipos naturais e não indivíduos. Para Boyd, a verdadeira questão é saber em que medida o apelo à similaridade ou à genealogia é um pressuposto fundamental na utilização do conceito “espécies” nas práticas explicativas da ciência. Os argumentos de Ereshefsky; Matthen exploram casos nos quais há um choque entre o apelo à similaridade e à origem histórica das espécies. Tais argumentos mostraram que a classificação da Sistemática Filogenética prioriza a origem histórica e, portanto, defende que a genealogia possui precedência sobre a similaridade. Essa priorização torna-se clara frente à maneira distintiva mediante a qual a Sistemática Filogenética concebe a *especiação por hibridação com múltiplas origens* e também *casos hipotéticos de espécies compostas por organismos radicalmente diferentes*. A Sistemática Filogenética utiliza hipóteses acerca da similaridade dos organismos. Entretanto, tais hipóteses servem como base para outro tipo de hipótese, a saber: hipóteses sobre a origem única dos grupos orgânicos.

Na sequência do terceiro capítulo nós tematizamos o essencialismo histórico e concluímos que, embora a versão de Paul Griffiths possua problemas, algumas versões dessa tese podem ser defendidas. Nós nos concentramos na versão de Samir Okasha (2002b). Em primeiro lugar, é importante reconhecer que Okasha fez um diagnóstico preciso de porque teóricos dos tipos naturais foram tão relutantes em abrir mão de definições em termos de similaridade. Isso decorreria de uma leitura enviesada dos objetivos das teorias de tipos naturais, segundo a qual tipos naturais são primeiramente ferramentas conceituais para as práticas indutivas e explicativas envolvendo *propriedades qualitativas*. Nesse sentido, abrir mão de definições que explicitem tais propriedades seria abrir mão da capacidade explicativa dos tipos naturais. Samir Okasha afirma então que existem diversos outros objetivos explicativos da teoria dos tipos naturais, como, por exemplo, retratar certos tipos de grupos que povoam nossas teorias. Segundo ele, se levarmos esse objetivo

em conta, devemos agrupar as espécies na Biologia Evolutiva – e, podemos adicionar, na Sistemática Filogenética – de modo relacional. Devemos agrupá-las privilegiando suas relações históricas, não o partilhamento de propriedades comuns. A partir disso, Samir Okasha abre mão de definições com base na similaridade.

Ao aceitarmos a argumentação de Samir Okasha, nós fomos levados a reconhecer que, em princípio, uma teoria de tipos naturais aliada ao essencialismo histórico poderia acomodar os critérios de identidade das espécies na Sistemática Filogenética. Isso porque tais critérios são relacionais, tal como o tipo de essência proposta por Okasha prevê. Tal reconhecimento nos levou, entretanto, a um problema metateórico: se tanto indivíduos quanto tipos naturais com essências históricas podem ser adequados, como fazer a escolha entre uma categoria e outra? Afinal, o que difere uma categoria da outra? No contexto desta dissertação, nós defendemos que o que individua cada categoria é o critério de identidade de seus membros (LOWE, 2006; ERESHEFSKY, 2010). Assim, se a identidade das espécies pode ser retratada tanto por uma categoria quanto por outra significa que a diferença entre elas é verbal. Vale lembrar, por exemplo, que se o critério de identidade de indivíduos e tipos naturais com essências históricas é o mesmo, então aquela diferença relativa aos casos de especiação por hibridação e de organismos radicalmente diferentes torna-se nula. As duas categorias tratarão da mesma maneira casos-limites, indicando que elas possuem as mesmas capacidades explicativas.

Não há dúvida de que afirmar que espécies são tipos naturais com essências históricas evoca alguns problemas, como a necessidade de distinguir entre duas categorias diferentes de “tipos naturais” (com e sem essências históricas). Por outro lado, é necessário deixar claro que a categoria de “indivíduo” também sofre de inúmeros problemas, a começar por sua falta de clareza. A parte final do nosso terceiro capítulo enfoca um dos problemas que provocam essa falta de clareza, avaliando criticamente a tese de que “espécies-são-indivíduos”.

O problema que discutimos concerne ao significado e aplicação do conceito de “coesão” para indivíduos e, por conseguinte, às espécies. Uma rápida observação sobre a literatura do estatuto ontológico revela diferentes posições em relação a esse conceito. Em especial, diferentes versões da tese “espécies-como-indivíduos” associam diferentes ideias de coesão com a individualidade das espécies, gerando posições bastante distintas. Ademais, a falta de acordo a esse respeito municia os detratores da referida tese. Isso mostra o quão importante é discutir o conceito de “coesão”. Nesse sentido, primeiramente nós apresentamos uma *estado da questão* acerca dessa discussão. Interessou-nos mapear as principais posições sobre a coesão presentes na literatura. David Hull (1978) foi um defensor de que a coesão possui um papel importante para a individualidade, sendo responsável por demarcar sincronicamente o que é para algo ser um e o

mesmo indivíduo. Hull propôs que indivíduos são necessariamente coesos e que, portanto, espécies também o são. Michael Ghiselin (1997) também afirmou que espécies são coesas, mas recusou a ideia de que todos os indivíduos são coesos. Por sua vez, Willi Hennig nem sequer chegou a usar o termo “coesão” para descrever a individualidade.

Na literatura encontramos diferentes sentidos de “coesão”. O próprio David Hull (1981) apresenta dois sentidos diferentes, um dos quais denotaria a *contiguidade física* entre as partes de um indivíduo e outro denotaria a capacidade dessas partes gerarem uma *funcionalidade do “todo”*. Este último sentido é claramente vago e encontramos formas de desmembrá-lo por meio de uma literatura mais recente. Robert Wilson e Mathew Barker (2010) propõem uma distinção entre coesão integrativa e coesão responsiva. A primeira entende que a funcionalidade do todo deriva da integração física-causal entre partes, isto é, as ações e respostas do indivíduo são resultado de interações mecânicas entre suas partes. Já a coesão responsiva não supõe tais interações, defendendo que a funcionalidade é um produto de respostas isoladas dessas partes aos mesmos fatores externos.

A distinção entre coesão integrativa e coesão responsiva traz consequências para a tese “espécies-como-indivíduos”. Antes de qualquer coisa, é necessário saber qual o sentido de coesão que importa para essa tese. Não há dúvida de que organismos da mesma espécie respondem de modo similar aos mesmos fatores externos. Entretanto, seria este o sentido apropriado de coesão? Caso afirmemos que sim, seremos levados a admitir que diversos grupos são indivíduos só pelo fato de serem similares. Caso exijamos que a coesão dos indivíduos em geral é a coesão integrativa, seremos levados a questionar se espécies são indivíduos. A esse respeito duas posições podem ser destacadas. Primeiro, Marc Ereshefsky afirma que apenas espécies sexuadas possuem integração física e, portanto, apenas elas são indivíduos. Segundo, Wilson; Barker (2010) afirmam que nem mesmo espécies sexuadas são coesas. Os autores entendem que a reprodução e o fluxo gênico daí decorrentes não constituem mecanismos que promovem a integração, a não ser em um sentido vago e metafórico. Isso faz com que os autores recusem a tese de que “espécies-são-indivíduos”.

Após apresentar a problemática em torno da coesão, pode parecer atrativo esquivar-se dela, afirmando que indivíduos não precisam ser entidades coesas. Essa é uma posição interessante, mas que pelo menos precisa ser mais bem justificada. Torna-se necessário refletir sobre os papéis teóricos de “coesão”, da categoria de “indivíduo” e o modo como fundamentamos a definição desses conceitos. Nesse sentido, nós aludimos a uma perspectiva ainda pouco explorada no debate sobre o estatuto ontológico das espécies. Essa perspectiva pode mostrar-se útil no futuro para o esclarecimento das bases conceituais da categoria de “indivíduo” e podendo ser vagamente denominada de *naturalista*. Segundo ela, a categoria de “indivíduo” deve ser compreendida a partir

de certos conhecimentos científicos. Se organismos biológicos são tradicionalmente considerados indivíduos, abre-se a perspectiva de investigar como a ciência os concebe e extrair daí algumas lições para conceber a individualidade metafísica. A compreensão científica dos organismos pode jogar luz sobre diversos aspectos dessa categoria ontológica, livrando-nos de uma argumentação baseada inteiramente em intuições filosóficas. O apelo à ciência nos sugere que a escolha por definir a categoria de indivíduos de uma maneira ou de outra não deve ser aceita *a priori*, mas deve estar atrelada (i) ao contexto teórico específico no qual ela é usada e (ii) depende de como os participantes desse contexto utilizam o conceito. Assim, mesmo que a distinção entre indivíduos e tipos naturais seja bastante geral, ela só pode ser propriamente substancializada quando entendemos o contexto teórico no qual ela é feita. Esse contexto determina o sentido específico de cada característica que defina as categorias. Por exemplo, as exigências para uma espécie e para um organismo ser “indivíduo” são bastante diferentes. É apenas o recurso ao contexto teórico que nos permite tornar a individualidade das espécies mais precisa.

A partir das considerações acima, procuramos estabelecer uma direção para conceber a coesão de modo a levar em conta aspectos naturalistas para lidar com as dificuldades conceituais do problema. Nós reforçamos a existência de tais dificuldades, mas também indicamos a possibilidade de abordá-las sob um prisma pouco explorado. A individualidade das espécies pode se beneficiar das discussões recentes sobre a individualidade biológica, na medida em que esta pode servir de modelo para pensarmos os problemas com a primeira. Nós defendemos, entretanto, que a individualidade biológica serve de modelo, não pelo fato de que organismos são intuitivamente exemplos de indivíduos, mas porque as discussões acerca da individualidade biológica refletem um cenário complexo, no qual distinções filosóficas e científicas estão entrelaçadas, e no qual o uso de “indivíduo” e “coesão” é muito mais sensível a contextos e diversificado do que nossa intuição pode querer indicar. Acreditamos que a discussão sobre a individualidade das espécies irá se beneficiar dessa aproximação com a individualidade biológica, mais do que com o apelo a intuições e distinções conceituais sem aderência à prática científica.

REFERÊNCIAS

- ASSIS, L.; BRIGANDT, I. Homology: homeostatic property cluster kinds in systematic and evolution. *Evolutionary Biology*, n. 36, p. 248-255, 2009.
- BARKER, M; WILSON, R. Cohesion, gene flow and the nature of species. 2010. Disponível em: <<http://www.artsrn.ualberta.ca/raw/Cohesion.pdf>>. Acesso em: 20 jan. 2013.
- BIRD, A.; TOBIN, E. Natural Kinds. *Stanford Encyclopedia of Philosophy*, 2008. Disponível em: <<http://plato.stanford.edu/entries/natural-kinds/>>. Acesso em: 11 fev. 2011.
- BOYD, R. Scientific realism and naturalistic epistemology. *PSA: proceedings of the biennial meeting of the Philosophy of Science Association*, p. 613-662, 1980.
- BOYD, R. On the current status of scientific realism. *Erkenntnis*, n. 19 (1-3), p. 45-90, 1983.
- BOYD, R. Realism, anti-foundationalism and the enthusiasm for natural kinds. *Philosophical Studies*, v. 61, p. 127-148, 1991.
- BOYD, R. Kinds, complexity and multiple realization: comments on Millikan's historical kinds and the special sciences. *Philosophical Studies*, v. 95, p. 67- 98, 1999a.
- BOYD, R. Homeostasis, species, and higher taxa. In: WILSON, R. (Ed.) *Species: new interdisciplinary essays*. Cambridge: MIT Press, 1999b, p.141-185.
- BRIGANDT, I. Natural kinds in evolution and systematics: metaphysical and epistemological considerations. 2009. Disponível em: <http://philsci-archive.pitt.edu/archive/00004154/01/Natural_kinds_in_evolution_and_systematics.pdf>. Acesso em: 18 mai. 2010.
- CAPONI, G. Os táxons como indivíduos. STEFANO, W; PECHLIYE, M (eds) *Filosofia e história da biologia*, Mack pesquisa: São Paulo, p. 37-47, 2011.
- CHISHOLM, R. The problem of criteria. 1982. Disponível em: <<http://www.oswego.edu/~dhoracek/220/Chisholm-criterion.pdf>>. Acesso em: 19 ago. 2013.
- CLARKE, E. The multiply realizability of biological individuals. *Journal of Philosophy*. Disponível em: <<http://philpapers.org/rec/CLATMR>>. Acesso em: 19 mai. 2013. No prelo.
- CLARKE, E. The problem of biological individuality. *Biological Theory*, n. 5, p. 312-325, 2010.
- CRANE, J. K. On the metaphysics of species. *Philosophy of Science*, v. 71, p. 156-173, 2004.
- DARWIN, C. *Origin of Species* [1859]. Cambridge: Harvard University Press, 1966.
- DAWKINS, R. *The selfish gene*, Oxford: Oxford University Press, 1976.
- DE QUEIROZ, K. The linnaean hierarchy and the evolutionization of taxonomy, with emphasis on the problem of nomenclature. *Aliso*, n. 15(2), p. 125-144, 1997.

DE QUEIROZ, K; GAUTHIER, J. Toward a phylogenetic system of biological nomenclature. *Trends in Ecology and Evolution*, vol. 9, n.1, p. 27-31.

DEVITT, M. Resurrecting biological essentialism. *Philosophy of Science*, vol. 75, p. 344-382, 2008.

DUPRÉ, J. Natural kinds and biological taxa. *Philosophical Review*, v. 90, p. 66-91, 1981.

DUPRÉ, J. *The disorder of things: metaphysical foundations of the disunity of science*. Cambridge: Harvard University Press, 1993.

DUPRE, J.; O'MALLEY, M. Varieties of living things: life at the intersection of lineage and metabolism. *Philosophy & Theory in Biology*, n. 1, p. 1-25, 2009.

ERESHEFSKY, M. Foundational issues concerning taxa and taxon names. *Systematic Biology*, n. 56, p. 2, 295-301, 2007.

ERESHEFSKY, M. Species. *Stanford Encyclopedia of Philosophy*, 2008. Disponível em: <<http://plato.stanford.edu/entries/species/>>. Acesso em: 11 fev. 2011.

ERESHEFSKY, M. Systematics and taxonomy, In: SARKAR, S.; PLUTYNSKI, A. *The blackwell companion to Philosophy of Biology*. New Jersey: Wiley-Blackwell, 2008.

ERESHEFSKY, M. *The poverty of linnaean hierarchy: a philosophical study of biological taxonomy*. Cambridge: Cambridge University Press, 2001.

ERESHEFSKY, M. The reality of species and higher taxa. *Philosophy of Science*, v. 58, p. 84-101, 1991.

ERESHEFSKY, M. What's wrong with the new biological essentialism. *Philosophy of Science*, n. 77, p. 674-685, 2010.

ERESHEFSKY, M ; MATTHEN, M. Taxonomy, polymorphism and history: an introduction to population structure theory, *Philosophy of Science*, n. 72, p. 1-21, 2005.

FUTUYAMA, D. *Biologia Evolutiva*. 3a ed. Funpec: São Paulo, 2005.

GEACH, P. *Mental Acts*. Routledge & Kegan Paul: London. 1957.

GHISELIN, M. On psychologism in the logic of taxonomic controversies. *Systematic Zoology*, v. 26, p. 207-215, 1966

GHISELIN, M. A radical solution to the species problem. *Systematic Zoology*, v. 23, p. 536-544, 1974.

GHISELIN, M. Species concepts, individuality, and objectivity. *Biology and Philosophy*, n. 2, p. 127-143, 1987.

GHISELIN, M.T. *Metaphysics and the origin of species*. Buffalo, NY: Suny Press, 1997.

GILMOUR, J. S. L. The development of taxonomic theory since 1851. *Nature*, v. 168, Issue 4271, p. 400-402, 1951.

GODFREY-SMITH, P. *Darwinian populations and natural selection*. Cambridge: Cambridge University Press, 2009.

GONZÁLEZ, F. O problema das espécies 150 anos depois de A Origem. ABRANTES, P (ed). *Filosofia da biologia*. São Paulo: Artmed, 2011, p. 97-122.

GOODMAN, N. *Fact, fiction and forecast*. Harvard: Harvard University Press, 1983.

GRIFFITHS, P. Squaring the circle: natural kinds with historical essences. In: WILSON, R. (Ed.). *Species: new interdisciplinary studies*. Cambridge: MIT Press, 1999, p. 209-228.

HABER, M. Multilevel lineages and multidimensional trees. *Philosophy of Science*, n. 79, p. 609-623, 2012.

HABER, Matt. Colonies are individuals: revisiting the superorganism revival. In: BOUCHARD, F. & HUNEMAN, P. (Ed.), *From groups to individuals: evolution and emerging individuality*. Cambridge: MIT Press, 2013.

HACKING, I. A tradition of natural kinds, *Philosophical Studies*, n. 61, p. 109-126, 1991.

HACKING, I. On Boyd, *Philosophical Studies*, n. 61, p. 149-154, 1991b.

HENNIG, W. Grundzüge einer Theorie der phylogenetischen Systematik. Berlin: Deutscher Zentralverlag, 1950.

HENNIG, W. Phylogenetic systematic. *Annual Review of Entomology*, vol 10, p.97-116, 1965.

HENNIG, W. *Phylogenetic systematics*. Urbana, Illinois: University of Illinois Press, 1966.

HULL, D. The effect of essentialism on taxonomy: two thousand years of stasis, *British Journal for the Philosophy of Science*, n. 15, p. 314-326;n. 16, p. 1-18, 1965.

HULL, D. Are species really individuals? *Systematic Zoology*, v. 25, p.174-191, 1976.

HULL, D. The ontological status of species as evolutionary units. In: BUTTS, R.; HINTIKKA, J. (Ed.). *Foundational problems in the special sciences*. Dordrecht: D. Reidel, 1977, p. 91-102.

HULL, D. A matter of individuality. In: SOBER, E. (Ed.). *Conceptual issues in evolutionary biology*. 3. ed. Cambridge: MIT Press, 2006[1978], p. 363-386.

HULL, D. The principles of biological classification: the use and abuse of philosophy, *PSA: proceedings of the biennial meeting of the Philosophy of Science Association*, p. 130-153, 1978.

HULL, D. Individuality and selection. *Annual Review of Ecology and Systematics*. n. 11, p. 311-332, 1981.

- HULL, D. *Metaphysics of evolution*. New York: Suny, 1989.
- KERNEY, M. Philosophy and Philogenetics: historical and current connections. In: HULL, D.; RUSE, M (Ed.) *The Cambridge companion to the Philosophy of Biology*. Cambridge: CambridgeUniversity Press, p. 211-232, 2007.
- KITCHER, P. Species. *Philosophy of Science*, n. 51, p. 308-333, 1984.
- KITTS, D. B.; KITTS, D. J. Biological species as natural kinds, *Philosophy of science*, n. 46, p. 613-622, 1979.
- KRIPKE, S. *Naming and necessity*. Cambridge: Harvard University Press, MA, 1980.
- KUHN, T. *Estrutura das Revoluções Científicas*. São Paulo: Perspectiva, 2006.
- LADYMAN, J. *et al. Every thing must go: metaphysics naturalized*. Oxford: Oxford University Press, 2007.
- LAPORTE, J. *Natural kinds and conceptual change*. Cambridge: Cambridge University Press, 2004.
- LEWIS, D. Counterfactual dependence and time's arrow. *Nous*, vol 13., p. 455-476, 1979.
- LOUX, M. *Metaphysics: a contemporary introduction*. New York: Routledge, 2002.
- LOWE, E. J. Individuation. In: LOUX, M.; ZIMMERMAN, D. *Oxford handbook to metaphysics*. Oxford: Oxford University Press, 2003.
- LOWE, E. J. *The four-category ontology*. Oxford: Oxford University Press, 2006.
- MALLET, J. Hybrid speciation. *Nature*, vol. 446, p. 279-283, 2007.
- MAYR, E. Isolation as an evolutionary factor. *Proceedings of the American Philosophical Society*, n. 103, p. 221-230, 1959.
- MAYR, E. Cause and effect in Biology, *Science*. v. 134, n. 3489, p. 1501-1506,1961.
- MAYR, E. *Principles of systematic Zoology*. New York: Mcgraw-Hill, 1969a.
- MAYR, E. Biological meaning of species. *Biological Journal Linnean Society*, v. 1, p. 311-320, 1969b.
- MAYR, E. Typological versus population thinking. In: MAYR, E. *Evolution and the diversity of life*. Cambridge: Harvard University Press, 1975, p.26-29.
- MAYR, E. *The growth of biological thought*, Cambridge: Harvard University Press,1982.
- MAYR, E. What is a species, and what is not? *Philosophy of Science*, n. 63, p. 262-277, 1996.
- MILLIKAN, R. *On clear and confused ideas*. Cambridge: Cambridge University Press, 2000.

- MISHLER, B. Three centuries of paradigm change in biological classification: Is the end in sight?, *Taxon*, n. 58, p. 61-67, 2009.
- MISHLER, B.; BRANDON, R. Individuality, pluralism, and the phylogenetic species concept. *Biology and Philosophy*, n. 2, p. 397-414, 1987.
- MISHLER, B.; DONOGHUE, M. Species concepts: a case for pluralism, *Systematic Zoology*, n. 31, p. 491-503, 1982.
- NICE, C; et al. Hybrid speciation and independent evolution in lineages of alpine butterflies. *Evolution*, vol. 67, n.4, p. 1055-68, 2013.
- OKASHA, S. Darwinian metaphysics: species and the question of essentialism. *Synthese*, n. 131, p. 191-213, 2002b.
- OKASHA, S. *Philosophy of science: a very short introduction*. Oxford: OUP, 2002a.
- PUTNAM, H. The meaning of "Meaning", *Minnesota Studies in the Philosophy of Science*, n. 7, p. 215-271, 1975.
- QUINE, W. V. O. Natural kinds. *Ontological relativity and other essays*. New York: Columbia University Press, 1986.
- QUINE, W.V.O. Espécies naturais. In: *Os Pensadores*. São Paulo: Abril Cultural, 1975.
- REYDON, T. Natural kinds theory as a tool for philosophers of science, *EPSA Epistemology and Methodology of Science*, 2010.
- REYDON, T. Species are individuals, or are they? *Philosophy of Science*, n. 70, p. 49-56, 2003.
- RICHARDS, Richard. *The species problem: a philosophical analysis*. Cambridge: Cambridge University Press, 2010.
- RIDLEY, M. *Evolução*. Trad. H. Ferreira et al. São Paulo: Artmed, 2006.
- RIEPPPEL, O. Origins, taxa, names and meanings. *Cladistics*, n. 24, p. 598-610, 2008.
- RIEPPPEL, O. Species as individuals: the German tradition. *Cladistics*, n. 27, p. 629-645, 2011.
- RIEPPPEL, O. Species: kinds of individuals or individuals of a kind. *Cladistics*, n. 23, p. 373-382, 2007.
- RUSE, M. Biological species: natural kinds, individuals, or what? *The British Journal for the Philosophy of Science*, v. 38, p. 225-242, 1987.
- SCHWARZBACH, A; RIESENBERG, L. Likely multiple origins of a diploid hybrid sunflower species. *Molecular Ecology*, vol. 11, p. 1703-1717, 2002.
- SIMPSON, G. G. *Principles of animal taxonomy*. New York: Columbia University Press, 1961.

- SNEATH, P.; SOKAL, R. *Numerical taxonomy*. San Francisco: W. H. Freeman and Company, 1973.
- SOAMES, S. *Beyond Rigidity: The Unfinished Agenda of Meaning and Necessity*. Oxford: OUP, 2002.
- SOBER, E. Evolution, population thinking, and essentialism. *Philosophy of Science*, v. 47, p. 350-383, 1980.
- SOBER, E. Metaphysical and epistemological issues in modern Darwinian theory. In: HODGE, J.; RADICK, G. (Ed.) *The Cambridge Companion to Darwin: Second Edition*. Cambridge: Cambridge University Press, 2003.
- SOBER, E. *Philosophy of biology*. 2. ed. Boulder: Westview Press, 2000.
- SOKAL, R.; SNEARTH, P. *Principles of numerical taxonomy*. San Francisco: W. H. Freeman, 1963.
- STAMOS, D. *The species problem*. Oxford: Lexington, 2003.
- STERELNY, K.; GRIFFITHS, P. *Sex and death: an introduction to Philosophy of Biology*. Chicago: University of Chicago Press, 1999.
- TEMPLETON, A. R. The meaning of species and speciation: a genetic perspective. In: OTTE, D.; ADLER, J. *Speciation and its consequences*. Sunderland, MA: Sinauer, 1989
- WARBURTON, F. E. The purposes of classifications. *Systematic Zoology*, n. 16, p. 241-245, 1967.
- WESTERHOFF, J. *Ontological categories*. New York: Oxford University Press, 2005.
- WIGGINS, D. *Sameness and substance*. New York: Blackwell, 1980.
- WILEY, E. O. *Phylogenetics: theory and practice of phylogenetic systematics*. New Jersey: Wiley-Liss, 1981.
- WILEY, E. O.; LIBERMANN, B. *Phylogenetics: Theory and Practice of Phylogenetic Systematics*. New Jersey: Wiley-Blackwell, 2011.
- WILSON, R. Realism, essence, and kind: resuscitating species essentialism? In: WILSON, R. (Ed.) *Species: new interdisciplinary studies*. Cambridge: MIT Press, p. 187-207, 1999.
- WILSON, R.; BARKER, M.; BRIGANDT, I. *When traditional essentialism fails: biological natural kinds*, 2009. Disponível em: <www.ualberta.ca/~brigandt/Essentialism.pdf>. Acesso em: 13 abr. 2012.