

Uma nova frente matemática para compreender a coexistência de espécies

3 de novembro de 2020 – Num esforço para compreender como espécies diferentes coexistem, investigadores desenvolvem um modelo matemático que estabelece as interações inerentes à co-colonização como chave. O estudo, publicado na revista **Bulletin of Mathematical Biology**, liga a epidemiologia à ecologia e à evolução e propõe um novo modelo para a colonização de hospedeiros por espécies microbianas diferentes, um avanço fundamental para a análise de como diferentes espécies coexistem e para o entendimento da biodiversidade.

A forma como a biodiversidade é gerada e mantida são parte das questões mais centrais da ciência, cada vez mais importantes para a nossa qualidade de vida. A diversidade e saúde dos ecossistemas é necessária à existência da humanidade e engloba uma quantidade notável de espécies que interagem em redes complexas. Mas entender todas as interdependências entre os membros destes sistemas é difícil, um processo muitas vezes obscurecido pela sua própria complexidade.

Como podem espécies semelhantes coexistir num sistema? Quais dominam ou são excluídas? Sucumbirá o sistema à invasão por entidades externas? Podemos prever estas interações dinâmicas em sistemas com muitas espécies? Tipicamente, as simulações e a análise estatística são as abordagens escolhidas para responder a estas questões, mas as suas limitações levaram Erida Gjini, investigadora principal do Instituto Gulbenkian de Ciência, em colaboração com Sten Madec, da Universidade de Tours, em França, a usar a matemática para descobrir os princípios gerais que governam este tipo de sistemas.

Os dois investigadores usaram o sistema da transmissão de microrganismos entre hospedeiros como base do seu estudo teórico. Neste tipo de sistemas, cada espécie que coloniza o hospedeiro pode alterar o ambiente local e torná-lo propício ou não para a co-colonização por outra espécie. Se o ambiente melhora, o fenómeno é descrito como facilitação por pares; se piora, denomina-se competição entre pares. Este estudo propõe uma metodologia que explica o que ocorre numa rede com muitas destas interações em pares e como os seus membros engendram a sua coexistência.

“No início não sabíamos como as interações competitivas ou facilitadoras entre os vários membros se traduziriam em termos de dinâmica global do sistema. Lidávamos com muitas equações e o seu número aumentava quadraticamente com o número de

espécies consideradas no nosso modelo. Por exemplo, para 10 espécies estudadas lidávamos com mais de 100 equações”, afirma **Erida Gjini**. O uso da técnica matemática da separação de escalas temporais foi muito vantajoso, já que esta permite separar as variáveis que mudam mais rápido das que mudam mais lentamente. Por outras palavras, permite identificar os processos do sistema em estudo que são “rápidos” e “lentos” e analisá-los de forma quase independente. Através do uso desta técnica, os investigadores descobriram que a prevalência global de colonização e co-colonização do hospedeiro captura o processo “rápido”, enquanto a seleção entre espécies é o processo “lento”, determinando quais sobrevivem ou são extintas.

“Graças a esta técnica descobrimos uma equação simples que pertence à família das equações do replicador (muito usadas na teoria evolutiva dos jogos), que governa a dinâmica da frequência entre espécies no nosso modelo. Este tipo de equações consegue captar a essência da competição entre múltiplas estratégias num jogo com múltiplos jogadores e como o sucesso das mesmas muda ao longo do tempo. Surpreendentemente, descobrimo-la aqui, a partir da matriz de interações ‘sociais’”, explica **Erida Gjini**. Com estes resultados torna-se claro que as dinâmicas globais do sistema podem ser previstas inteiramente a partir do tipo e qualidade das interações em pares.

“Acreditamos que esta descoberta pode mudar a forma como as pessoas estudam comunidades complexas, que vai muito para além da epidemiologia, que era a motivação inicial deste trabalho. A um nível mais fundamental, a linguagem matemática deste trabalho realça que os organismos não vivem sós, mas são parte de uma rede de múltiplas relações de interdependência com outros, onde o sucesso individual depende das conexões próximas, mas também do contexto global”, revelam os autores.

Este estudo traz vantagens a nível analítico e computacional para o estudo e interpretação de sistemas complexos com muitas dimensões, tanto no que toca à sua estabilidade como à sua evolução, estabelecendo assim a co-colonização como rota importante para a coexistência entre espécies e a biodiversidade.

Este estudo foi desenvolvido em colaboração no Instituto Gulbenkian de Ciência e na Universidade de Tours e financiado mutuamente.

Sten Madec and Erida Gjini (2020) Predicting N-strain coexistence from co-colonization interactions: epidemiology meets ecology and the replicator equation. Bulletin of Mathematical Biology.

Artigo original:

<https://rdcu.be/b9sGQ>

Mais informação:

Ana Morais

Coordenadora Comunicação Institucional

@: anamorais@igc.gulbenkian.pt

Telm.: +351 965 249 488