

## PERSPECTIVAS SOBRE O PENSAMENTO EVOLUTIVO

---

*Francisco Mauro Salzano*

O processo evolutivo biológico decorre da própria natureza do universo, que está em constante mudança. Na interpretação dos fatores que regem a evolução dos seres vivos existem duas correntes de pensamento: uma que privilegia agentes casuais/estruturais/mutacionais e outra que enfatiza fatores determinísticos, mais especificamente a seleção natural. Atualmente, as evidências em favor da importância marcante deste último agente são avassaladoras. O presente volume focaliza de modo abrangente quatro categorias de temas vinculados à evolução: (a) cultura e cérebro; (b) aspectos histórico-filosóficos; (c) aplicações ao ensino; e (d) ética. Além desses pontos, são igualmente caracterizados a imensa riqueza do bioma terrestre, aspectos de genômica comparada, a interação biologia-cultura e a importância da ciência como fatores de explicação do mundo que nos cerca. A educação científica em todos os níveis e através de todos os meios de comunicação é fundamental para combater a ignorância e a má-fé dos movimentos místicos e fundamentalistas.

## A natureza do processo evolutivo biológico

Há uma relação dialética nas interpretações sobre nós e o mundo, cristalizadas nas noções de estabilidade ou mudança. Enquanto a primeira concentra-se em uma visão fixista de um universo criado por um ente superior, a segunda distingue-se por seu aspecto dinâmico, de mudança. Tal mudança, no entanto, ocorre através de padrões definidos, e a sua área de estudo é a evolução. A relação diádica é dialética, porque na evolução biológica há tanto conservadorismo como revoluções, quando se consideram tanto organismos quanto regiões genéticas determinadas, bem como sua distribuição espacial ou temporal. Já salientei anteriormente<sup>1</sup> que o mundo orgânico é um todo relacionado e que, portanto, a preservação de sua biodiversidade deixa de ser apenas um imperativo ético, para ser também um sentimento egoístico, de que não devemos destruir nossos irmãos ou parentes biológicos.

No exame deste conceito deve-se ter em conta que os processos biológicos são diferentes dos não-biológicos. Apresentam eles uma causalidade dupla; estão sujeitos às leis físico-químicas de seu ambiente, mas também são controlados por programas genéticos. Adicionalmente, os sistemas biológicos são abertos, e o princípio da entropia (o grau de desordem de um sistema fechado, que não interage com o meio externo, tende a crescer) não é aplicável àqueles.<sup>2</sup>

Outra relação dicotômica diz respeito à influência do acaso, quando comparado ao modelo determinístico da seleção natural. A discussão a respeito, no que se refere ao nível molecular quando comparado ao orgânico, já fez quarenta anos,

tendo sido iniciada por um artigo de Kimura<sup>3</sup>. Análises mais recentes questionando o papel da seleção natural no processo evolucionário são as de Nei<sup>4</sup> e Lynch<sup>5</sup>, publicadas em 2007. Segundo eles a evolução fenotípica ocorreria principalmente através de mutações que interagem entre si no processo de desenvolvimento. Lynch<sup>6</sup> ainda salienta a importância do tamanho populacional nesse processo.

Deve-se enfatizar que sob o termo seleção natural estão incluídos diferentes processos: no caso de um único loco ou região cromossômica, quando há o favorecimento de um dos homozigotos, fala-se em *seleção direcional positiva*, enquanto o outro estaria sob a ação de uma *seleção direcional negativa* (ou *purificadora*). Em ambos os casos o resultado final será a fixação (positiva) ou a eliminação (negativa) do alelo. Há, portanto, *redução* da variabilidade genética populacional. Já a *seleção balanceadora* ou *diversificadora* favorecerá a variabilidade. O caso clássico é o da *sobredominância*, quando o valor adaptativo do heterozigoto é superior ao dos dois homozigotos. Variações no tempo e no espaço, bem como as relacionadas às freqüências relativas dos alelos, também podem levar à seleção balanceadora. Uma característica que vem sendo bastante abordada recentemente refere-se à *varredura seletiva*, na qual uma mutação vantajosa nova elimina ou reduz a variação em sítios neutros ligados, à medida que ela aumenta de freqüência na população.

Há muitas maneiras de se identificar esses processos em nível molecular, e uma delas é a comparação das variabilidades

<sup>1</sup> SALZANO, F. M. DNA e evolução humana. *Ciência & Ambiente*, 26:17-24, 2003.

<sup>2</sup> MAYR, E. *What makes biology unique? Considerations on the autonomy of a scientific discipline*. Cambridge: Cambridge University Press, 2004.

<sup>3</sup> KIMURA, M. Evolutionary rate at the molecular level. *Nature*, 217:624-626, 1968.

<sup>4</sup> NEI, M. The new mutation theory of phenotypic evolution. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 104:12.235-12.242, 2007.

<sup>5</sup> LYNCH, M. *The origins of genome architecture*. Sunderland: Sinauer, 2007.

<sup>6</sup> LYNCH, M. *Op. cit.*

intra e interespecífica.<sup>7</sup> Outra possibilidade bastante utilizada é a da comparação da variação que ocorre como resultado de mudanças sinônimas (a alteração em nível de DNA não se expressa em nível protéico devido à degeneração do código genético) e não-sinônimas (nas quais há alterações nos dois níveis).

É impossível entrar em detalhes aqui sobre os resultados obtidos com a aplicação desses métodos. Basta sublinhar que a evidência acumulada sobre a ocorrência da seleção em nível molecular é agora avassaladora. Em um estudo relativamente recente<sup>8</sup>, foram encontradas evidências claras de seleção positiva nas linhagens humanos/chimpanzés em 3.995 genes. Para uma boa parcela deles (23%) foi possível identificar a função envolvida; como esperado, dois terços desses últimos estavam implicados em diferenças de caráter imunológico.

## Contribuições do presente volume

Embora haja alguma sobreposição, os artigos que compõem o presente volume de *Ciência & Ambiente* podem ser classificados em quatro categorias: 1. Discussão de conceitos e resultados sobre cultura e cérebro (Bortolini; Flores & Schüler); 2. Aspectos histórico-filosóficos (Abrantes; Bizzo; Fonseca; Martins; Miguel & Videira; Sepúlveda & El-Hani); 3. Aplicações ao ensino (Amorim; Sepúlveda & El-Hani); 4. Ética (Chediak).

Com relação à primeira categoria, Bortolini enfatiza as relações entre a cultura humana e a de organismos não-humanos, em contraposição a Chediak, que aponta para as diferenças. Já Flores & Schüler, após uma análise detalhada dos

conceitos de algoritmo e heurística, concluem não haver uma fronteira explícita entre a evolução humana e a dos computadores, deixando margem a especulações como a de um futuro surrealista, no qual estaríamos subordinados a robôs dotados de inteligência artificial!

A biologia evolucionária é uma ciência histórica<sup>9</sup> e é importante conhecer o progresso do conceito de evolução. É nesta área que se concentra a maioria das contribuições, com ênfase à análise de algumas figuras paradigmáticas como Charles Darwin (especialmente Abrantes e Bizzo), Jean-Baptiste Lamarck (Martins), Ernst Mach e Ludwig Boltzmann (Miguel & Videira). Por outro lado, o artigo de Fonseca centrou-se no conceito de seleção sexual, e o de Sepúlveda & El-Hani nos de adaptacionismo e exaptacionismo. Em conjunto, essa série de artigos fornece uma visão esclarecedora sobre as personalidades citadas e os conceitos discutidos durante suas vidas e posteriormente, aí incluindo as importantes contribuições de outras personagens ilustres como Alfred R. Wallace, Ronald A. Fisher, William D. Hamilton, Stephen J. Gould e Richard Lewontin.

A aplicação de tais conceitos ao ensino da evolução em geral (Sepúlveda & El-Hani) e ao da sistemática filogenética animal e vegetal (Amorim) foi adequadamente examinada. Amorim, particularmente, analisou em detalhe aspectos diversos da metodologia do ensino e forneceu uma minuta de aula a ser ministrada no Ensino Fundamental.

Questões éticas, e mais especificamente a natureza da moral, foram consideradas por Karla Chediak. Inicialmente ela examina a naturalização da moral, relaciona esta última com o altruísmo e, por último, aborda a chamada falácia naturalista (que seria cometida toda vez que se definisse a moral a par-

<sup>7</sup> NIELSEN, R. Molecular signatures of natural selection. *Annual Review of Genetics*, 39:197-218, 2005.

<sup>8</sup> NIELSEN, R. *et al.* A scan for positively selected genes in the genomes of humans and chimpanzees. *PLoS Biology*, 3:976-985, 2005.

<sup>9</sup> MAYR, E. *Op. cit.*

tir de propriedades naturais). Edward O. Wilson não tem medo deste conceito. Segundo ele, não haveria necessidade de situar o raciocínio moral em uma categoria especial; a própria proposição da falácia naturalista seria uma falácia! Outra questão abordada especialmente por Michael Ruse é o do critério externo para julgar os assuntos morais. Se a moral é suficiente por si mesma, poder-se-ia estabelecer, aleatoriamente, qualquer tipo de regra ou exigência. A posição de Chediak, no entanto, é clara: “Há uma realidade própria relativa aos valores e às normas que faz de sua aceitação, reconhecimento e manutenção uma questão de relativa autonomia, mostrando que as normas não são redutíveis às suas influências, por mais importantes que essas sejam”. O problema é complexo e vem sendo debatido há várias décadas. Simpson<sup>10</sup> resume o problema da seguinte maneira: uma ética evolutiva para o ser humano deve ser baseada em sua própria natureza, isto é, na sua posição e significação evolutivas. Não se pode esperar que ela surja automaticamente dos princípios evolucionários, nem que seja absoluta, devendo resultar de uma escolha deliberada e consciente. Ele conclui com alguns exemplos: (a) a promoção do conhecimento é essencialmente boa; (b) é bom, certo e moral reconhecer a integridade e a dignidade da pessoa humana, e estimular a realização e o desenvolvimento das capacidades individuais; (c) a diversidade de personalidades e ações é uma característica boa; por outro lado: (d) a fé cega é imoral; (e) o autoritarismo é errado; e (f) o totalitarismo como forma estatal é também errado. Outros aspectos foram por mim discutidos em trabalhos anteriores.<sup>11</sup>

<sup>10</sup> SIMPSON, G. G. *O significado da evolução*. São Paulo: Livraria Pioneira Editora, 1962 (edição original: *The meaning of evolution*. New Haven: Yale University Press, 1949).

<sup>11</sup> SALZANO, F. M. Mito, razão e ciência. *Ciência Hoje*, 36(215):28-32, 2005.  
SALZANO, F. M. Somos únicos? Biologia, cultura e humanidade. *Scientific American Brasil*, 6(71):64-71, 2008.

## O bioma terrestre

Alguns temas não abordados nos mencionados artigos serão considerados daqui para diante. O primeiro relaciona-se com a incrível variabilidade biológica existente em nosso planeta. O quadro 1 apresenta alguns números aproximados. Calcula-se em 14 milhões o número de espécies vivas, com tamanhos genômicos variando entre 500 mil a 100 bilhões de pares de bases de DNA. Já o número de genes presente nesses organismos é muito menor, mas assim mesmo apreciável (1 mil a 100 mil). O número estimado de proteínas diferentes é enorme, mas elas podem ser agrupadas em apenas cerca de 100 mil famílias (com composição similar) e 10 mil famílias estruturais (pois muitos desses domínios têm a mesma estrutura tridimensional). Para funcionar, a proteína necessita dobrar-se, e essas dobras estão relacionadas a estruturas específicas que geram a atividade biológica. Nossa ignorância sobre as relações estrutura-função ainda é grande. Apenas mil dobras têm a sua estrutura conhecida. E dados os números apresentados, conclui-se que a tarefa de sistematizar toda essa diversidade em um esquema evolucionário consistente é gigantesca.<sup>12</sup>

## Genômica comparada

O desenvolvimento fenomenal dos métodos de análise molecular e de bioinformática está abrindo perspectivas inéditas para o estudo da evolução. Enquanto anteriormente a pesquisa tinha de se restringir a determinadas regiões do material genético, atualmente há a possibilidade da comparação da totalidade do mesmo entre as mais variadas espécies. O acúmulo da informação pertinente em bancos de da-

<sup>12</sup> CHOI, I-G. & KIM, S-H. Evolution of protein structural classes and protein sequence families. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 103:14.056-14.061, 2006.

dos ocorre de maneira muito rápida, mas o quadro 2 fornece os números disponíveis para diferentes classes de organismos ou organelas no início de 2008. Nada menos do que 580 espécies de bactérias já tiveram os seus genomas inteiramente seqüenciados. O número para Archaea (51) e Eukaryota (74) é naturalmente mais reduzido, no primeiro caso porque os organismos desse domínio de vida não são muito numerosos, e no segundo porque o tamanho dos genomas limita ou impede uma determinação rápida; mas assim mesmo já é considerável.

**Quadro 1:** Ordens de magnitude do número total de organismos vivos, unidades genéticas e características das proteínas existentes no planeta

Categorias	Ordens de magnitude estimadas
Número de espécies vivas	14 milhões
Tamanho do genoma (pares de bases)	500 mil a 100 bilhões
Número de genes em um organismo	1 mil a 100 mil
Número de proteínas diferentes	10 bilhões a 1 trilhão
Número de famílias de domínios protéicos	100 mil
Número de famílias estruturais de domínios protéicos	10 mil
Número de dobras protéicas de estrutura conhecida	1 mil

Fonte: CHOI, I-G. & KIM, S-H. *Op. cit.*

**Quadro 2:** Informação disponível sobre genomas completos classificada por grupos de organismos ou organelas

Classificação	Número de genomas completos em 8/2/2008
1. Vírus	1.466
2. Viróides	44
3. Plasmídeos	568
4. Fagos	419
5. Organelas	1.337
6. Archaea	51
7. Bactéria	580
8. Eukaryota	74

Fonte: <http://www.ebi.ac.uk> (European Bioinformatics Institute).

Abordarei aqui apenas dois exemplos desses estudos, o primeiro em procariotos (Archaea mais Bactéria) e o segundo em eucariotos.

As relações entre os genomas de 144 procariotos, distribuídos por 23 filas ou divisões (6 de Archaea, 17 de Bactéria) e envolvendo mais de 220 mil proteínas, foram examinadas considerando de maneira particular o grau de transferência genética lateral que ocorreria entre esses organismos.<sup>13</sup> Foi verificada a presença de um padrão de herança basicamente vertical, porém com exceções notáveis. Genes com funções metabólicas parecem transferir-se mais freqüentemente entre os genomas, talvez porque eles representariam novas fontes de energia e nutrição, aumentando a capacidade dos organismos que os recebem para explorar e colonizar novos ambientes. Genes informacionais como o *16SrDNA*, ao contrário, não se transfeririam tão comumente, o mesmo sendo verdadeiro para os relacionados às proteínas de membrana e à divisão celular.

Outro estudo<sup>14</sup> procurou investigar a origem dos genes responsáveis pelo sistema nervoso central. Os pesquisadores partiram de 3.101 clones de etiquetas de seqüências expressas (*expressed sequence tags*, ESTs) da porção da cabeça de planárias e, através de buscas de homologia, selecionaram 116 com similaridade significativa, com genes que já eram conhecidos e que estavam relacionados ao sistema nervoso central. Posteriormente compararam as seqüências desses clones com as dos genomas completos da espécie humana, de *Drosophila melanogaster* e de *Caenorhabditis elegans*, e verificaram que

<sup>13</sup> BEIKO, R. G. *et al.* Highways of gene sharing in prokaryotes. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 102:14332-14337, 2005.

<sup>14</sup> MINETA, K. *et al.* Origin and evolutionary process of the CNS elucidated by comparative genomic analysis of planarian ESTs. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 100:7666-7671, 2003.

95% desses 116 genes eram compartilhados pelas quatro espécies, indicando a existência de um ancestral comum para essa região genética. O mais curioso, no entanto, foi a ocorrência de 30% dos mesmos em seqüências de *Arabidopsis thaliana* (um arbusto) e *Saccharomyces cerevisiae* (o levedo da cerveja), que não possuem sistema nervoso central! A origem desses genes, portanto, é anterior ao surgimento desse sistema, e devem ter sido de alguma maneira recrutados para a montagem de sua estrutura.

### Biologia, cultura e cyborgs

Há 2,5 milhões de anos atrás surgiu, em nossos ancestrais, a capacidade de fabricação e uso de ferramentas. Em época não tão bem estabelecida apareceu a linguagem; essa propriedade, como a conhecemos hoje, envolve a manipulação cognitiva de partes do corpo (língua, garganta, dentes, lábios) que não se tinham desenvolvido com tal objetivo. Da mesma maneira, os dedos, as mãos e as sobrancelhas não foram montados para gestos e a transmissão de emoções. Portanto, com a cultura, nós manipulamos conscientemente não só o mundo ao nosso redor, como também a nossa própria biologia.

Uma pesquisadora, Donna Haraway, assim se expressou a respeito dessas interações: “Quando os membros da espécie *Homo sapiens* tornaram-se humanos, eles também se tornaram *cyborgs* (mescla humano/animal/máquina), pois o reflexo da cultura influencia a biologia de tal maneira

que a biologia em si torna-se um artefato da cultura”! Em outras palavras, somos todos *cyborgs*! Também as barreiras entre espécies estão se rompendo. Um camundongo que recebeu genes humanos continua sendo um membro clássico de sua espécie ou uma quimera camundongo/humano de difícil classificação? Não seria uma máquina produzida por nossa cultura científica? Por último, como classificar os chimpanzés que aprenderam a linguagem dos sinais, com a qual nos comunicamos com os surdos ou surdo-mudos? Muitas vezes esses animais podem improvisar, tornando-se independentes da intervenção humana posterior. Monta-se assim uma situação de comunicação que cruza barreiras específicas.<sup>15</sup>

### A importância da ciência

Foi o conhecimento científico que nos libertou do sentimento de incompreensão e terror típico da era pré-científica, em que os acontecimentos do mundo externo eram um mistério para os quais os únicos tipos de apelação eram o mágico e o mítico. Paradoxalmente, em paralelo aos fantásticos avanços da ciência, pulularam por toda parte movimentos anticiência e proliferaram religiões dos mais variados matizes. Os membros das mesmas questionam abertamente procedimentos perfeitamente válidos tendo em vista o nosso conhecimento atual do mundo, tornando-se claramente entraves ao progresso da ciência. Embora existam personalidades completamente impenetráveis à razão e ao bom-senso, uma política continuada de educação científica em todos os níveis e através de todos os meios de comunicação é o único antídoto disponível a esses movimentos de má-fé e ignorância deliberada.<sup>16</sup>

Francisco Mauro Salzano é biólogo, doutor em Genética e professor emérito da Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

francisco.salzano@ufrgs.br

<sup>15</sup> ALTER, J. S. The once and future “apeman”. Chimeras, human evolution, and disciplinary coherence. *Current Anthropology*, 48:637-652, 2007.

<sup>16</sup> As nossas pesquisas são financiadas pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, Programas Institutos do Milênio e Apoio a Núcleos de Excelência, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio Grande do Sul e Pró-Reitoria de Pesquisas da Universidade Federal do Rio Grande do Sul.