

trechos de DNA que se duplicam e podem se espalhar por todo o genoma – no genoma humano eles são 70% do material genético. “O elemento mais comum no genoma humano é o elemento Alu. Se um explorador de outra galáxia chegasse à Terra e seqüenciasse o genoma humano, encontraria o elemento Alu e teria de concluir que isso é o que nos faz humanos.”

Mas mesmo que o genoma de animais pareça inflado em comparação ao das bactérias, estudos sobre a evolução da arquitetura genômica indicam que o genoma dos mamíferos vem diminuindo ao longo do tempo. Há 100 milhões de anos, o genoma médio de um mamífero tinha 6 bilhões de pares de bases. O genoma humano atual tem metade disso. “Se economizássemos e fizéssemos o seqüenciamento somente daqui a 15 milhões de anos, nosso genoma teria um terço do tamanho”, afirmou. Para explicar esse fenômeno é preciso recorrer à geologia, à história do planeta. No limite entre os períodos Cretáceo e Terciário se extinguiram os dinossauros e começou a era dos mamíferos, que se tornaram bem maiores do que seus ancestrais. O Eoceno, em seguida, trouxe um período mais quente no qual, segundo Lynch, havia plantas até nas regiões polares e os mamíferos se disseminaram por todo o planeta. Vem daí a hipótese para explicar o encolhimento dos genomas nos últimos 40 milhões de anos: as populações se tornaram maiores e a seleção natural, em consequência, mais eficiente. “Acho isso muito interessante, pois pensamos na paleontologia e na evolução do genoma como áreas completamente diferentes no campo da biologia evolutiva. Há razões para que as relacionemos.”

Para Lynch, a seleção natural é um mecanismo evolutivo importante. Mas é sobretudo o acaso – na forma de mutações genéticas e mortandade causada por catástrofes ambientais, por exemplo – que determina a complexidade do genoma. “Resumindo, o ambiente genético populacional das espécies realmente dita que tipo de evolução pode ou não ocorrer.” É a capacidade da seleção natural de tirar vantagem das diferentes arquiteturas genômicas que dá origem ao processo evolutivo. ■

Alan Templeton

Biólogo evolucionista afirma que o homem deixou a África três vezes, a primeira delas há quase 2 milhões de anos

MARCOS PIVETTA

Costuma-se afirmar que o momento-chave do surgimento dos humanos ocorreu há cerca de 100 mil anos, quando apareceram os traços anatômicos comumente associados ao homem moderno. Em sua primeira palestra dentro da programação cultural paralela à mostra *Revolução genômica*, proferida no dia 29 de março (ver reportagem sobre a segunda palestra na página 19), o biólogo evolucionista Alan Templeton, da Universidade Washington, em Saint Louis, Missouri, refutou essa idéia amplamente difundida e disse que o processo teve origens muito mais remotas. “Se analisarmos somente algumas características

anatômicas modernas (surgidas há 100 mil anos), veremos que elas são relativamente triviais quando comparadas ao que estava ocorrendo muito tempo antes”, opinou o especialista em genética evolutiva e de populações. Para ele, o verdadeiro nascimento do homem se deu aproximadamente 1,9 milhão de anos atrás.

Nesse ponto da história evolutiva, argumentou Templeton, afloraram as diferenças que marcaram a divisão entre os homens e os outros primatas, como os chimpanzés e gorilas. Os hominídeos experimentaram então uma série de mudanças capitais, segundo o

Templeton: o verdadeiro nascimento do homem se deu há 1,9 milhão de anos, muito antes do que se pensa



pesquisador: passaram a ocupar novas áreas geográficas; estabeleceram pela primeira vez uma estrutura social avançada; seu cérebro exibiu os indícios primordiais de aumento de tamanho (e essa característica passou a ser importante no mecanismo de seleção natural); sua face e a mandíbula começaram a diminuir, evidenciando o surgimento de ferramentas que os teriam auxiliado na tarefa de arrumar comida.

Templeton questionou algumas conclusões normalmente tiradas por estudiosos do momento em que os ancestrais do homem moderno deixaram a África. Não refutou de forma alguma a famosa hipótese *Out of Africa*, mas fez uma interpretação alternativa à visão dominante sobre o tema. Segundo o pesquisador, os hominídeos primordiais abandonaram três vezes a África em direção à Eurásia – a primeira há cerca de 1,9 milhão de anos, a segunda há 650 mil anos e a terceira há 130 mil anos – e em nenhuma dessas migrações promoveram o extermínio das populações do continente em que se instalaram. “A noção mais difundida é a de que os africanos acabaram com todos os eurásianos”, comentou. “Mas essa teoria da eliminação é falsa.” Afirmou também que, desde a migração inicial, as populações de hominídeos dos dois continentes trocaram constantemente material genético, ou seja, tiveram contatos sexuais e se reproduziram.

Para o pesquisador, todos os humanos vivos descendem de uma única linhagem evolutiva que se desenvolveu como uma unidade coesa por pelo menos 1,5 milhão de anos devido à troca de genes e à

expansão populacional por meio do acasalamento. “Não há raças biológicas entre os humanos”, afirmou. “As populações humanas atuais apresentam diferenças genéticas, mas elas são pequenas quando confrontadas com as encontradas em outras espécies de grandes mamíferos e refletem primariamente a sua distância geográfica.” Ele também questionou a taxonomia tradicional que classifica diferentes formas de hominídeos (casos do *Homo erectus* e do *Homo ergaster*, ou do próprio *Homo sapiens* e o *Homo neanderthalensis*) como espécies distintas. Para o pesquisador, as distinções entre essas espécies eram mínimas e deve ter havido troca de genes (relações sexuais que geraram descendentes) entre os membros dessas populações.

Genes como fósseis

Em sua apresentação, Templeton falou sobre a evolução humana nos últimos 2 milhões de anos a partir do ponto de vista de um biólogo com formação na área de estatística. Para amparar suas teses, usou dados publicados em estudos de sua própria autoria e em trabalhos escritos por outros especialistas em genética de populações. Em menor escala, recorreu também a informações arqueológicas e paleontológicas. Em sua argumentação, empregou a genética molecular como uma das ferramentas essenciais na tarefa de reconstruir o passado da espécie humana. “Os genes podem ser vistos como fósseis”, afirmou. “O DNA de uma geração é uma cópia do DNA de gerações passadas.” Uma cópia com erros, com modificações, as tais de mutações, mas, ainda assim, uma cópia com informações importan-

tes sobre a nossa história evolutiva. “Se voltarmos no tempo, veremos que todas as cópias de DNA dos bilhões de pessoas que existem hoje, mais cedo ou mais tarde, derivaram de uma única molécula que existiu no passado”, disse Templeton.

Reconstruir o passado dessa forma é possível porque os geneticistas estudam um processo denominado coalescência, que é a observação da replicação do DNA a partir do presente em direção ao passado. Segundo essa teoria, todas as variações de um gene (seus diversos alelos) ou de segmento de DNA encontrados no homem atual derivam, em última instância, de uma versão inicial dessa molécula presente numa população do passado que abrigava o ancestral comum a todos os humanos. O fenômeno ocorre em qualquer parte do genoma que for analisada e é válida para qualquer espécie que se estude. Com o conceito de coalescência na cabeça e muitos cálculos estatísticos feitos no computador, os cientistas montam então a chamada árvore de haplótipos. Um conjunto de genes que são herdados como se fossem uma unidade recebe o nome de haplótipo. Essa árvore indica basicamente o caminho evolutivo desse trecho do DNA. Mostra que as moléculas atuais foram criadas a partir de uma única molécula ancestral que existiu no passado. “Podemos construir árvores de haplótipos para o DNA mitocondrial, genes do DNA nuclear e o DNA do cromossomo Y”, exemplificou.

Embora seja uma ferramenta fundamental da biologia para o estudo da evolução humana, uma árvore de haplótipos deve ser ana-



EDUARDO CESAR

lisada com cuidado e critérios. “Alguns de vocês devem ter ouvido falar da Eva mitocondrial”, disse Templeton à atenta platéia. Há alguns anos foi construída uma árvore de haplótipos para o DNA mitocondrial, um tipo de material genético passado exclusivamente das mães para os filhos, que foi rapidamente interpretada por muitos cientistas como a árvore da história evolutiva de toda humanidade. Mas essa idéia é uma simplificação tentadora que ronda muitos estudos genéticos relacionados à evolução humana, de acordo com o biólogo da Universidade Washington. Templeton disse que não se deve pegar um gene ou um segmento de DNA e considerá-lo como portador da história evolutiva da população humana. “Segmentos diferentes de DNA de um genoma poderão ter, na verdade, histórias evolutivas diferentes”, exemplificou. “A história evolutiva de uma região do genoma humano não é a história evolutiva do homem. A Eva mitocondrial é somente a árvore da variação genética desse segmento de DNA.”

Para amparar essa tese, Templeton afirmou que, de acordo com o trecho do DNA usado como base de comparação, o homem pode estar mais próximo evolutivamente do chimpanzé ou mesmo do gorila. Um trabalho do ano passado feito por Ingo Ebersberger, da Universidade de Viena, que analisou mais de 23 mil segmentos do genoma humano, concluiu que, em mais de 80% dos casos, os humanos e os chimpanzés são os primatas mais aparentados sob a ótica molecular. Não é à toa, portanto, que essa é a visão amplamente dominante em termos evolutivos. No entanto, o estudo, publicado na revista *Molecular Biology and Evolution*, também revelou que 10% do genoma indica que os chimpanzés e os gorilas são mais próximos evolutivamente. Por sua vez, outros 10% do DNA, ainda de acordo com o trabalho, situaram os humanos e os gorilas como os primatas mais próximos evolutivamente. “Todas essas informações são significativas estatisticamente”, comentou o biólogo molecular. “Podemos concluir, então, que partes diferentes do genoma humano têm, na verdade, histórias evolutivas diferentes.”

“Não há raças humanas, nem mesmo algo parecido, do ponto de vista genético”



Em seus trabalhos, Templeton usa ferramentas estatísticas, em especial uma técnica desenvolvida por ele e denominada análise de clados aninhados (*nested clade analysis*, no original em inglês) para extrair dados que julga relevantes a partir das análises genéticas. Clado significa ramo. Com essa abordagem, que depende de cálculos pesados e de grandes amostragens, o pesquisador acredita ter levantado evidências de que não se deve falar numa árvore genealógica para a espécie humana. Não se deve ver a história evolutiva da humanidade como uma sucessão de espécies de homínídeos que foram substituindo umas às outras ao longo do tempo sem promover a troca de material gené-

tico. Segundo o geneticista, seus estudos com o DNA humano revelam, na verdade, uma estrutura na forma de treliça, com ramos interligando as diversas formas de homínídeos. Fica mais fácil entender essa idéia se, como no caso das árvores reais, as pessoas enxergarem as árvores evolutivas como construções com ramos que, por sua vez, podem se conectar a ramos ainda maiores. “Essas séries de ramos podem ser pensadas como aninhamentos naturais”, explicou. “Podemos converter qualquer árvore de haplótipos num esquema de aninhamentos e bifurcações.”

O emprego da análise de clados aninhados em 25 regiões do genoma humano – como o DNA mitocondrial, o cromossomo Y (de origem paterna) e trechos genéticos herdados de ambos os pais – levou Templeton a concluir que houve ao menos três expansões de homínídeos da África, continente-mãe do homem, em direção à Eurásia. Ainda de acordo com esse estudo, as populações humanas estão tro-

cando genes há, no mínimo, 1,5 milhão de anos. “Podemos afirmar isso com 95% de certeza”, comentou. Os cálculos que embasam esse cenário são bastante complicados e têm de levar em conta uma série de desvios, como mutações ocorridas nessas regiões genômicas no passado. Templeton, no entanto, acredita que sua afirmação tem forte amparo estatístico e está embasada na análise combinada de vários trechos do genoma humano – e não de apenas um ou dois genes. “Creio que há uma probabilidade muito baixa de que tenha havido somente um evento de expansão para fora da África. Rejeito essa hipótese”, comentou o pesquisador. “Nós, cientistas, fazemos isso o tempo todo. Rejeitamos hipóteses. Provamos algo como sendo falso, mas nunca podemos comprovar de fato o que é verdade, mesmo que algumas vezes afirmemos o contrário.”

Raça e subjetividade

A serenidade com que Templeton, um homem cordial, fez a palestra não o livrou de uma bateria de perguntas ao final da apresentação. O tema mais polêmico: sua opinião de que o conceito biológico de raças humanas não tem fundamentação científica. Os questionamentos não o fizeram recuar nem um milímetro de sua idéia central. “Não há raças humanas, nem mesmo algo parecido, do ponto de vista biológico. Diria que o conceito de raça como um todo causa mais enganos do que traz esclarecimentos. Deveríamos eliminá-lo”, afirmou. “Ainda podemos falar de populações e de padrões de diferenciação, mas há várias maneiras de diferenciarmos essas populações. Podemos distingui-las por meio da fragmentação, do isolamento por distância.” Para o biólogo evolucionista, muitos cientistas aplicam conceitos de raça e taxonomia para o homem de forma bastante tendenciosa e subjetiva. “Se adotássemos os mesmos critérios taxonômicos que empregamos para outros organismos, classificaríamos os humanos, os chimpanzés e os gorilas como pertencentes ao mesmo gênero”, comentou. “As diferenças genéticas não são tão grandes. Devemos utilizar critérios objetivos que nos forcem a ser honestos.” ■

Wen-Hsiung Li

Geneticista explica como macacos e seres humanos seguiram caminhos evolutivos diferentes

CARLOS FIORAVANTI

Normalmente a evolução é vista por fora, considerando prioritariamente a aparência e a forma dos animais. O chinês Wen-Hsiung Li prefere olhar *por dentro* e buscar os artifícios genéticos que favoreceram (ou atrapalharam) a diferenciação de espécies, em especial a humana. Desse modo, carrega para a biologia o conhecimento que acumulou ao longo de uma peculiar trajetória acadêmica, que começou em Taiwan, onde ele nasceu em 1942,

com um curso de engenharia e mestrado em geofísica, e prosseguiu nos Estados Unidos com doutorado em matemática aplicada à genética. Desde 1998 na Universidade de Chicago, Li ajudou a criar os métodos de análise estatística que facilitam entender, com base na genética, como chimpanzés, orangotangos e outros grandes primatas seguiram caminhos diferentes dos da espécie humana, mesmo com uma carga genética muito semelhante.

