

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 artificios 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.



Foi Li quem mostrou que o relógio molecular – a taxa de transformação da molécula de DNA – não era tão constante ao longo do tempo, mas poderia variar com o tempo de vida de uma espécie: anda mais devagar na espécie humana e mais rápido entre os camundongos, por exemplo. “Graças aos avanços da biologia molecular, da genética e de genômica”, comentou Li na palestra do dia 12 de julho no Ibirapuera, “podemos ter uma compreensão razoavelmente boa da evolução humana”. Melhor ainda, segundo ele, é que podemos ver nossa história com menos preconceitos: “Os primeiros europeus a chegarem à África viram os africanos, que tinham outra cor, e os consideraram indivíduos de outra espécie. Achavam que não seria possível o acasalamento, mas os humanos não se diferem tanto assim uns dos outros”. Ele próprio reconheceu que evidentemente ainda há muitos mistérios a serem resolvidos, como o fato de muitos primatas andarem tocando o solo com as quatro mãos, enquanto o ser humano consegue andar ereto; a evolução da inteligência ainda é outro conjunto de perguntas à espera de boas respostas.

Li abriu a palestra intitulada “Uma visão genômica da evolução humana” com uma rápida revisão dos conceitos básicos de DNA, RNA e gene. Antes de deixar a platéia pensar que havia começado uma aula tediosa, mostrou sua habilidade em fazer rir ao mostrar uma cena de um chimpanzé acenando ao lado do atual presidente dos Estados Unidos, George W. Bush, também acenando. “Eles parecem muito diferentes porque seus genomas são diferentes”, acentuou. Mas, exatamente, quão diferentes? Não muito, considerando que a evolução é um acúmulo de mudanças genéticas ao longo do tempo. “Sem alterações genéticas, não há evolução”, afirmou, lembrando que as pessoas naturais de Taiwan que nasceram antes ou logo depois da Segunda Guerra Mundial, por não terem sido bem nutridas, têm baixa estatura. Já as que nasceram depois da guerra se alimentaram adequadamente e crescem mais. Uma geração é mais alta que a outra não em razão da evolução, porque as pessoas que



“Os avanços da biologia molecular, da genética e da genômica nos permitem ver a evolução humana com menos preconceitos”

nascerem em Taiwan serão novamente baixas se houver outra vez limitação de alimentos.

Em seguida Li tratou do darwinismo, um conjunto de idéias fundamentais para a biologia. De acordo com o darwinismo, a evolução dos seres vivos resulta da seleção natural, segundo a qual sobrevivem principalmente os indivíduos mais bem adaptados ao ambiente. As diferenças entre as espécies, ressaltou, são uma conseqüência da seleção natural, de modo que todas as espécies têm uma origem comum. “É difícil aceitar essa idéia de que chimpanzés, macacos e nós temos um ancestral comum”, observou. “Por esse motivo, Darwin chegou a ser ridicularizado. Esse aspecto do darwinismo é o mais polêmico. Atualmente, entretanto, acredito que já se aceitou completamente a idéia de que todos os primatas, incluindo todos os humanos, têm a mesma origem.”

Para mostrar de onde vieram essas duas espécies, Li expôs sucessivas árvores genealógicas apresentando relações mais próximas ou mais distantes entre as famílias – a categoria mais abrangente na classificação de animais e plantas – de quatro espécies de grandes primatas

Li e Sandro de Souza, do Instituto Ludwig: evolução com menos preconceitos

(orangotango, gorila, chimpanzé e bonobo) e da espécie humana. As seqüências de DNA, ele lembrou, são ótimas para tentar descobrir quando surgiu cada uma dessas espécies: a simples troca de uma seqüência pode levar a espécies diferentes, que podem ou não cruzar entre si, dependendo da semelhança genética.

Como ele mostrou em seguida, o genoma humano difere apenas 1,2% do genoma do chimpanzé, 1,62% do gorila e 3,08% do orangotango. O orangotango e o gorila, com uma taxa de divergência de 3,09%, são mais distantes geneticamente entre si do que o homem e o chimpanzé. Li arrancou novamente risadas ao mostrar um chimpanzé e Bush fazendo caretas. “Um chimpanzé pode fazer quase tudo o que os homens fazem”, comentou o geneticista. Já entre um rato e um camundongo, apesar das semelhanças, a divergência genética é muito maior: 20%.

Mas o que exatamente faz de um macaco um macaco e de um homem um homem? Esta pergunta inevitável leva a incertezas: as diferenças, do ponto de vista genético, poderiam resultar das seqüências de proteínas formadas a partir dos genes, os mecanismos de regulação dos genes ou ambos. A regulação dos genes, ele lembrou, determina o momento de ligar ou desligar um gene, além de controlar a quantidade desse gene e em que tecido será produzido. “Essa regulação afeta o desenvolvimento, a fisiologia e a saúde”, disse Li. Com outras árvores filogenéticas ele mostrou em seguida que o homem e os grandes primatas se separaram – ou divergiram – de um ancestral comum há pelo menos 15 milhões de anos. Uma divergência mais recente, entre 4,8 milhões e 6,4 milhões, teria feito a espécie humana e os chimpanzés tomarem caminhos biológicos próprios.

Linguagem e cor da pele

A possibilidade de existir um gene para a linguagem pode ajudar a responder a essa pergunta inevitável. Trabalhando com a carga genética transmitida de uma geração a outra de uma mesma família na Irlanda, os geneticistas encontraram um gene, o FOXP2, que controla a linguagem: os portadores

de versões defeituosas desse gene perderam a habilidade de falar e de se comunicar. Por outro lado, contou Li, o desenvolvimento da linguagem depende de duas versões funcionais do FOXP2. “O FOXP2 é o único gene capaz de influenciar o desenvolvimento da linguagem”, observou. Sutis diferenças em uma versão original desse gene apareceram há pelo menos 14 milhões de anos, levando os seres humanos a terem um vocabulário muito mais rico que o dos chimpanzés. “Nossa hipótese é que esse gene foi selecionado por causa da vantagem que a linguagem pode proporcionar.”

Genes que determinam as diferentes tonalidades da pele e dos cabelos, como o MC1R, também foram selecionados ao longo de milhões de anos, favorecendo a

migração e se mantendo à medida que poderia beneficiar a sobrevivência da espécie humana. Não é um privilégio de nossa espécie. Há cerca de 10 mil anos uma glaciação isolou em grandes poças d’água distantes entre si uma espécie de peixe, o peixe-espinho (*Gasterosteus aculeatus*), que a partir daí começou a se diferenciar em espécies distintas, alguns com escamas escuras, outros com escamas claras, determinadas pela expressão ou não do gene Kitlg. Os seres humanos, embora tenham seguido outros caminhos evolutivos, também carregam esse gene, mais comum entre africanos do que entre escandinavos. Ao longo de nossa evolução esse gene deve ter favorecido a migração e a produção de pigmentos que protegiam do sol intenso. ■

Robin Buell

Bióloga da Universidade Estadual de Michigan
fala da importância do genoma do arroz

MARCOS PIVETTA

A genômica mudou o modo como se faz pesquisa e o próprio entendimento do que é a biologia. Seus efeitos atuais são comparáveis aos produzidos nos anos 1940 pela descoberta da penicilina, que então mudou a medicina. “A genômica é hoje responsável pelo mesmo fenômeno, só que em todas as áreas da biologia e na agricultura”, disse a pesquisadora Robin Buell, do Departamento de Biologia Vegetal da Universidade Estadual de Michigan (EUA), em palestra realizada no dia 22 de junho. A apresentação fez parte da agenda cultural da exposição *Revolução genômica*, que esteve em cartaz até meados do mês de julho no Parque do Ibirapuera, em São Paulo. Robin falou sobre o tema “Arroz: um exemplo de como a genômica pode mudar as abordagens da ciência”. A

pesquisadora teve papel de destaque no trabalho do consórcio público internacional que seqüenciou em 2005 o genoma quase completo da subespécie *japonica* do arroz (*Oryza sativa*), a primeira planta cultivável a ter o seu DNA mapeado. Antes do cereal, apenas o genoma da *Arabidopsis thaliana*, planta modelo da biologia, tinha sido seqüenciado em sua integridade.

Se o século passado viu a primeira revolução verde, que permitiu o aumento generalizado de produtividade na agricultura devido ao emprego de fertilizantes e pesticidas e à introdução de cultivares criadas pela genética clássica, o século atual vai precisar de uma segunda revolução verde, com um perfil distinto da anterior. “Isso pode ocorrer com o uso dos mesmos métodos que