

## 2 Excursões pela Biologia Evolutiva

A filosofia é importante para a biologia porque suas excitantes conclusões não se seguem apenas dos fatos. Ao mesmo tempo, a biologia é importante para a filosofia porque essas excitantes conclusões dependem, na verdade, dos fatos biológicos.

Sterelny & Griffiths, 1999, p. 5. Minha tradução.

A ligação da memética com a biologia é controversa, mas inquestionável. Até que ponto as questões e as propostas levantadas a favor e contra a memética dependem de uma dada interpretação da biologia é um tema que será abordado no último capítulo do presente trabalho (seção 11.2). Por hora, faz-se necessário a apresentação e a discussão de uma série de questões relacionadas com a biologia e a filosofia da biologia que serão imprescindíveis para a compreensão dos temas tratados. No que se segue não será feita uma separação rigorosa entre os fatos da biologia como ciência e as interpretações da filosofia da biologia. Tentar fazer tal separação não nos traria nenhum benefício significativo. Na biologia - provavelmente até mais do que nas outras ciências ditas “duras” - esta separação é ainda mais difícil de fazer por motivos que serão apresentados no décimo capítulo (seção 10.7).

A biologia é hoje uma área extremamente vasta. Até mesmo o estudo mais restrito sobre a evolução é amplo o suficiente para que uma só pessoa não seja capaz de compreender as suas inúmeras questões com a profundidade desejável. O presente capítulo tratará exclusivamente dos temas da biologia evolutiva que auxiliarão na compreensão da memética e, principalmente, na compreensão das críticas feitas contra a memética. Por este motivo os temas tratados se encontrarão irremediavelmente fragmentados. Fizemos um esforço para que, sempre que possível, os assuntos abordados fossem ligados entre si, evitando a aparência de um apanhado desconexo de teorias e fatos. No entanto, em alguns casos a ligação entre duas teorias exigiria uma digressão desnecessária e improdutiva. Nestes casos, um salto entre uma teoria e outra foi inevitável, mas com o desenvolver dos

temas nos próximos capítulos todos os assuntos apresentados aqui se mostrarão úteis e serão indispensáveis para a compreensão dos argumentos que se seguirão.

Várias questões atuais da filosofia da biologia serão levantadas e apresentadas, outras tantas serão ignoradas. O fato de algumas questões serem ignoradas de maneira nenhuma implica que sua importância não é reconhecida. Somente significa que elas não foram aqui consideradas relevantes para esclarecer questões relacionadas à memética. Entre as questões ignoradas estão algumas das mais importantes dentro da biologia como, por exemplo, da existência real ou nominal das espécies, do surgimento do sexo, dos diferentes conceitos de espécie, etc. Especificamente sobre esta última questão, o conceito de espécie utilizado aqui será em grande parte o conceito mais comum entre os evolucionistas que é o Conceito Biológico de Espécie (CBE). Nas palavras de seu criador, que não se proclama como tal, este conceito pode ser resumido da seguinte maneira: “Espécies são grupos de populações naturais intercruzantes permanecendo reprodutivamente isoladas de outros grupos” (Mayr, 2006, p.29).

No entanto este conceito está longe de ser uma unanimidade e junto com ele existem pelo menos cerca de 20 outros (cf. Wilson, 1999, p.78), sendo que ao menos um deles será tratado mais longamente aqui, a saber, o conceito filogenético de espécies proveniente do cladismo (seção 2.10). Outra questão muito importante que será ignorada diz respeito as críticas feitas ao evolucionismo como um todo que foram propostas, principalmente, por movimentos religiosos e pelo Design Inteligente. Tais críticas normalmente se baseiam em uma péssima compreensão da biologia e sobre tudo em um deplorável conhecimento das questões levantadas pela filosofia da ciência. Por mais que se tente dizer o contrário, não há hoje em dia nenhum questionamento sério sobre a veracidade da evolução e da seleção natural.

No que se segue será apresentado algo que Sterelny e Griffiths chamaram convenientemente de “visão recebida da biologia” (1999, p.22. Minha tradução), ou seja, a visão mais comum e mais estudada do evolucionismo. Não é exatamente uma visão que esteja linha por linha em algum manual canônico e sim uma visão espalhada por inúmeros manuais e artigos tanto de biologia quanto de filosofia da biologia. A própria importância do evolucionismo para a biologia como um todo faz parte desta dita “visão recebida” e está muito bem representada na famosa frase de Dobzhansky “nada em biologia faz sentido se não for à luz da

evolução”. É a perspectiva mais geral da evolução que une áreas como a fisiologia, a taxonomia, a embriologia, a citologia, a genética, a sistemática, a zoologia, a etologia, a ecologia e muitas outras. A grande influência que Darwin teve foi, em grande parte, justamente devido ao fato de que pela primeira vez foi possível ver como áreas separadas do estudo da vida estavam ligadas entre si. Deste modo, a evolução pode ser considerada como o fio que costura todas as demais áreas da biologia em um todo coeso.

Dizer que a biologia só faz sentido através da evolução não é o mesmo que dizer que só é possível estudar biologia se você for primeiro um perito em evolução. Para deixar isso mais claro Ernst Mayr faz a seguinte separação:

A biologia na realidade consiste em dois campos bem diferentes, a biologia mecanicista (funcional) e a biologia histórica (Mayr, 2005, p.39).

A biologia funcional trata principalmente com a parte física e química dos seres vivos e é neste sentido que ela é chamada de mecanicista. Embora tais seres tenham, é claro, uma origem evolutiva, ela pode ser ignorada em certos estudos. A biologia funcional se preocupa só com o momento presente da história da vida sem questionar como tal ser chegou neste momento presente. Já a biologia histórica é eminentemente evolucionista e se preocupa com o acontecimento histórico de como algo chegou a ser o que é hoje. Uma vez separada a biologia funcional da biologia histórica, podemos, ainda seguindo Mayr, subdividir esta em cinco grandes teorias que formam um todo coeso, são elas “evolução propriamente dita, descendência comum, gradualismo, multiplicação das espécies e seleção natural” (Mayr, 2005, p.115)<sup>4</sup>.

A *evolução propriamente dita* é a constatação de que as espécies mudam, se transformam. Ela está em oposição à antiga visão das espécies como tendo sido criadas por Deus do modo como se encontram hoje. Uma vez constatada a veracidade da evolução, ainda falta descobrir o processo pelo qual esta se dá, a grande descoberta de Darwin e Wallace foi justamente este processo nomeado de *seleção natural*. Em oposição a ela está a famosa herança de características adquiridas de Lamarck e outros.

---

<sup>4</sup> Gordon Graham (2005, p.42) faz uma separação em 3, são elas, a evolução, a seleção natural e o gradualismo. Como veremos, esta separação é de fato incompleta.

O *gradualismo* já é um detalhe do processo da seleção natural. Ele nos diz, como Darwin gostava de afirmar, que a natureza não dá saltos. Em oposição, encontramos o saltacionismo. A versão mais famosa do saltacionismo é muito posterior à época de Darwin, são os “monstros promissores” de Goldshimdt: este acreditava que a evolução se dava aos saltos quando grandes anomalias genéticas subitamente apareciam. Que grandes saltos acontecem é hoje inegável, não há também muito questionamento sobre o fato de que a seleção natural poderia atuar através de grandes saltos. O saltacionismo só não tem um papel relevante na evolução por causa da improbabilidade gigantesca que uma grande transformação dê origem a um ser viável vivendo justamente no ambiente que lhe é propício. Seria esperar que a evolução operasse através de milagres e mais milagres!

Para deixar isso mais claro o grande biólogo R. A. Fisher usou a imagem de um microscópio que estamos tentando focalizar melhor (cf. Dawkins, 2005, p.156): um ajuste bem pequeno tem 50% de chance de melhorar o foco, já um movimento grande muito provavelmente vai piorar o foco, mesmo que esteja na direção correta, pois tenderá a passar do foco! Com os seres vivos, dizia Fisher, é exatamente a mesma coisa: estes já estão bem adaptados a um determinado ambiente, esperar que uma grande mudança crie um outro ser também bem adaptado seria esperar por um milagre.

A *multiplicação das espécies* também foi apontada por Darwin com a idéia de “árvore da vida” para mostrar que as espécies dão origem a outras espécies diferentes de uma maneira ramificada, espécies dando origem a espécies filhas. Esta idéia se opõe a uma visão transformacionista linear onde as espécies evoluem, mas sem ramificação. Já a *descendência comum* é uma continuação natural da multiplicação das espécies se voltarmos no tempo. Ela indica que esta ramificação toda das espécies começou em um único ponto de origem. Podemos acreditar na multiplicação das espécies sem acreditarmos na origem comum, as espécies poderiam ter tido múltiplas origens. Mas é difícil acreditar na origem comum sem acreditar na multiplicação das espécies, embora seja possível, pois se o gradualismo for negado podemos imaginar que a separação entre as espécies se deu por saltos, quase como criações independentes, um tipo de geração espontânea das espécies. Parece ter sido esta a opinião de Hugo de Vries e outros, que veremos ainda neste capítulo (seção 2.6). No entanto, há algo de inconsistente em acreditar que todas as espécies tiveram uma origem comum, mas que as

espécies não se originaram umas das outras por ramificação. Seria mais razoável concluir que se a multiplicidade de espécies que encontramos hoje teve a mesma origem comum, então é porque umas espécies deram origem a outras.

Uma outra importante teoria darwinista, não colocada por Mayr dentro das cinco já apresentadas, é a da *variação intraespecífica*. Antes de Darwin era comum acreditar que a única diferença relevante era aquela entre uma espécie e outra, as diferenças dentro de uma mesma espécie eram consideradas como erros insignificantes na cópia de um original comum a todos. Mas Darwin deixou claro que isto estava errado ao dizer inúmeras vezes dentro da *Origem das Espécies* que “as espécies são apenas variedades bem trabalhadas e definidas” (2004, p.70). Para ele não havia nenhuma diferença essencial entre a variação dentro de uma determinada espécie e a variação entre espécies, dando origem, assim, ao que é chamado hoje de Pensamento Populacional. Nas palavras de Douglas Futuyma:

A substituição do essencialismo pela ênfase sobre a variação, feita por Darwin – que Mayr chamou de pensamento populacional – foi a base de sua teoria e sua mais revolucionária contribuição à biologia (Futuyma, 2002, p.7).

Hoje em dia é difícil ver a separação entre estas seis teorias, sendo que o próprio Darwin chamou a sua teoria de “um longo argumento” (Darwin, 2004, p.481). Mas tais teorias só se uniram definitivamente na chamada “Nova Síntese”, que se deu entre 1930 e 1940, ou seja, praticamente 80 anos depois de Darwin ter publicado a *Origem das Espécies*. Na época de Darwin, e logo após a sua morte, estas teorias se encontravam separadas e acreditar em algumas delas não implicava em acreditar nas outras. O caso paradigmático é o de Lamarck, que acreditava na evolução e no gradualismo, mas não na seleção natural e nem na multiplicação das espécies. Muitos, inclusive, se consideravam contrários a Darwin. Na maioria das vezes a sua oposição era contra o princípio de seleção natural, este sim tipicamente darwinista. Mas mesmo alguns auto declarados darwinistas, como Thomas Huxley e Charles Lyell, encontravam problemas com a seleção natural e com o gradualismo (cf. Mayr, 2005, p.128).

O que então unia a visão dos que se autop roclamavam darwinistas era “a rejeição à idéia de criação especial” (Mayr, 2006, p.99), ou seja, era a convicção de que todos os processos envolvidos eram processos naturais, sem intervenções divinas. Em outras palavras, o que os unia era o seu professado naturalismo

materialista. Pode parecer estranho, mas foi principalmente Darwin quem *naturalizou a natureza*. Para usar os termos de Daniel Dennett, podemos dizer que o que unia os darwinistas era o seu repúdio aos *skyhooks* (ganchos imaginários) e a colocação de *gruas* (guindastes) no local. Um *skyhook* seria uma espécie de gancho proveniente diretamente do céu para auxiliar em algum trabalho de suspensão qualquer. Já uma grua é um guindaste comum que faz o mesmo trabalho que o *skyhook*, mas tem a sua base firmemente colocada no chão. Nas palavras de Dennett:

*Skyhooks* são elevadores milagrosos, não-sustentados e insustentáveis. Gruas não são menos eficientes como elevadores, e possuem a óbvia vantagem de serem reais (Dennett, 1998, p.78).

Um *skyhook* é uma solução milagrosa e *ad hoc* para um problema qualquer como, por exemplo, dizer que as espécies são distintas “porque Deus quis assim”. Já uma grua é uma solução fundamentada em princípios naturais e tão justificados quanto eles podem ser. É uma explicação através de argumentos razoáveis e empiricamente defensáveis. A rejeição dos *skyhooks* nas explicações naturais era justamente o ponto de tque dos primeiros darwinistas, e ainda é o laço que reúne todos os darwinistas de hoje.

Estes fatos históricos nos ajudam a compreender melhor o cerne do darwinismo, mas os detalhes da história não são relevantes para o presente trabalho. O darwinismo que será tratado aqui é o darwinismo proveniente do que foi chamado de “visão recebida”, que por sua vez tem a origem na chamada “Nova Síntese”, unindo a evolução gradualista por seleção natural de Darwin com a genética mendeliana. No que se segue, será primeiro apresentado um esboço abstrato da teoria da evolução por seleção natural com o intuito de deixar claro os principais pontos e a simplicidade de tal teoria. Após tal esboço, se seguirá uma atenção maior aos fatos da biologia de nosso mundo, que corresponderão a maior parte do presente capítulo.

## 2.1 Um Esboço de uma Teoria

O “ingrediente” fundamental da evolução é, segundo Richard Dawkins, o que ele chamou de replicador (cf. Dawkins, 2001, p.36): o replicador é um ente capaz de fazer cópias de si mesmo. Ele é o ser que tem descendentes e é nele que podemos dizer que a seleção natural age. Os primeiros replicadores provavelmente foram algo parecido com o RNA, mas não necessariamente. Eles eram capazes de copiar a si mesmos. Sendo assim seus descendentes herdavam suas características e, portanto, também eram capazes de copiar a si mesmos. A hereditariedade é uma característica fundamental dos replicadores. Entretanto, mesmo os replicadores que são capazes de fazer boas cópias de si mesmos eventualmente erram no processo e criam seres diferentes de si. Tais erros, que foram chamados de mutações, acontecem por acaso, ou seja, eles não são direcionados para nada. É preciso deixar claro aqui que acaso não quer dizer que elas não são causadas por nada. Existem inúmeros fatores que causam a mutação, os mutágenos e as substâncias radioativas são as mais conhecidas. Mas o importante é que nenhuma destas influências é capaz de discriminar qual é a mutação necessária para um determinado indivíduo em determinado ambiente. Deste modo, tais mutações são cegas “no sentido de que surgem sem levar em conta as necessidades dos organismos no momento” (Ruse, 1995, p.35).

Eventualmente, um erro na replicação pode criar um replicador mais potente. Dawkins enumera três características que tornam um replicador mais potente, a saber: a fecundidade, que é a capacidade de fazer um maior número de cópias de si mesmo; a longevidade, que é a capacidade de durar mais no tempo e, por isso, fazer mais cópias de si mesmo; e a fidelidade, que é a capacidade de evitar erros durante o processo de cópia, o que garante um maior número de cópias iguais a si (cf. Dawkins, 2001, p.38). De imediato podemos perceber que o que realmente importa é a capacidade de fazer boas cópias de si mesmo.

Falta ainda um fator muito importante, para um replicador fazer cópias de si mesmo ele precisa de “nutrientes” que são adquiridos no meio ambiente. Sem tais “nutrientes” ele não poderia se replicar. É neste ponto que entra a chamada seleção natural, uma vez que o número de “nutrientes” é finito. Se este não fosse o caso até mesmo um péssimo replicador conseguiria o que precisa para criar seus

descendentes. É por isso que Michel Ruse nos diz que “se não estiverem nascendo mais indivíduos do que podem sobreviver e reproduzir não poderá haver seleção” (Ruse, 1995, p.41). É a possibilidade de escassez de “nutrientes” que cria a “luta pela sobrevivência”. Tal concepção, que Darwin recebeu de Malthus, é central no darwinismo: significa que um replicador que tenha uma mutação que lhe dá uma vantagem sobre os outros vai tender a ter mais descendentes. Um replicador tem mais descendentes do que os outros porque é mais apto a viver em um determinado ambiente. Esta é a chamada “sobrevivência dos mais aptos”, expressão que teve origem com Herbert Spencer e foi posteriormente adotada por Darwin. No entanto, nem sempre “sobrevivência dos mais aptos” é uma boa imagem da evolução. Quando não há muita pressão evolutiva como, por exemplo, mudanças climáticas ou a chegada de um novo predador, uma melhor imagem poderia ser a “eliminação dos menos aptos”. A diferença aqui está no fato de que no primeiro caso só um grupo seletivo de mais aptos sobrevive, já no segundo caso só os piores adaptados morrem, mas a grande maioria ainda sobrevive. No caso da “eliminação dos menos aptos” uma gama considerável de variedades dentro de uma população ainda permanece existindo.

O que torna os seres mais ou menos aptos são as suas mutações, mas é claro que uma mutação só pode ser considerada uma vantagem em um determinado ambiente. Portanto, de nada adianta ser um predador se não há nada para ser caçado, de nada adianta uma proteção contra o frio em um lugar quente etc. O importante é saber que tais vantagens são vantagens porque ao possuir uma delas o replicador será capaz de ter mais descendentes que, por sua vez, também as herdarão. Tais descendentes inclusive poderão ter novas mutações que lhes auxiliem ainda mais a ter mais descendentes. Assim, as mutações vão se acumulando. Isto é o que Dennett chamou de “acumulação de projeto” (Dennett, 1998, p.71). É justamente este processo de acumulação de mutações que se deu o nome de evolução. Mas é preciso deixar claro que não são os organismos que evoluem e sim as populações. A evolução é um processo eminentemente populacional que se dá através da seleção das variações entre indivíduos de uma população. É neste sentido que ela pode ser vista como a “mudança em frequências gênicas em uma população” (Dawkins, 2005, p.126). Alguns genes se tornam mais comuns no acervo genético (*gene pool*) de uma determinada

população e outros se tornam mais raros. Esta mudança é o que chamamos de evolução.

A evolução se dá pela seleção natural que nada mais é do que uma diferença no sucesso replicativo. Nas palavras de Trivers “seleção natural se refere ao diferente sucesso reprodutivo na natureza, onde sucesso reprodutivo é o número de descendentes produzidos que sobrevivem” (Trivers, 1985, p.15). Aquele que tem uma vantagem, que lhe possibilita se replicar mais, torna-se mais comum na população, ou seja, deixa mais descendentes. Aqueles que se replicam menos tornam-se mais raros e talvez venham a se extinguir. O último fator que falta para completar este processo é o tempo para que todo ele se realize.

No caso do nosso mundo os replicadores são feitos de DNA. São eles que sofrem as mutações e são eles que transmitem as informações da hereditariedade. Mas hoje em dia não mais nos encontramos naquele “caldo primordial” onde os primeiros replicadores surgiram. Embora ainda existam DNA que se repliquem livremente, como o caso dos vírus, a maioria do DNA de nosso mundo se encontra dentro dos organismos vivos. Na maior parte estes organismos são unicelulares, porém muitos são pluricelulares. Em tais organismos o replicador, que é o DNA, é chamado de genótipo e o efeito que este genótipo, e também o ambiente, têm no organismo é chamado de fenótipo. É através do fenótipo que os organismos se relacionam entre si e com o meio ambiente.

No começo da vida na Terra alguns replicadores criaram uma membrana para se proteger, depois outros criaram a habilidade de romper esta membrana, outros criaram a capacidade de se mover para poder fugir ou para poder atacar e assim por diante. Em um determinado momento dois replicadores trabalharam em conjunto e, fazendo isso, cada um aumentou o número de cópias de si mesmo. “A seleção favoreceu genes que cooperam entre si” (Dawkins, 2001, p.70). Tudo isso, segundo Dawkins, são “veículos” que os primeiros replicadores criaram para sobreviver e é exatamente isso que todos os organismos de hoje em dia são, máquinas de sobrevivência dos genes.<sup>5</sup>

Embora a mutação se dê ao acaso, podemos observar que a seleção natural não é um processo aleatório, muito pelo contrário, é um processo selecionador

---

<sup>5</sup> David Hull criou o termo “Interactor” (interagente) para substituir o termo veículo de Dawkins, no entanto, seguiremos aqui a interpretação de Sterelny e Griffiths e estes dois termos serão considerados como intercambiáveis (Sterelny & Griffiths, 1999, p.40)

bastante rigoroso onde não ser selecionado normalmente significa morte ou, pelo menos, significa que o indivíduo não será capaz de contribuir com seus descendentes para uma determinada população. A confusão da evolução com um processo aleatório é umas das confusões mais comuns, mas a aleatoriedade só está presente no surgimento das mutações, o que se segue daí é um rigoroso processo diferencial. É neste sentido que a evolução “conserva o acaso” como dizia Jaques Monod em seu livro com um título que fazia menção justamente ao problema aqui tratado, a saber, *O Acaso e a Necessidade*. Mais recentemente tornou-se comum falar deste processo como uma “catraca”: “as mutações são adicionadas, mas nunca são retiradas, daí a analogia com a catraca” (Sterelny & Griffiths, 1999, p.207. Minha tradução). O “efeito catraca” nos mostra que a evolução se dá através de retenção de pequenos passos graduais. É justamente esta a impressionante força da seleção natural: ela pode acumular todas estas pequenas “sortes” de modo que, com o tempo, o produto final parecerá incrivelmente improvável. Grande parte das críticas dirigidas à evolução se dá justamente pela falta de compreensão deste “acúmulo de pequenas sortes”.

A idéia de que a mutação é um processo aleatório talvez tenha a sua origem em outra idéia errônea, a saber, de que a seleção natural fica esperando as mutações ocorrerem para que possa atuar. Esta é uma imagem comum da evolução, mas está em grande parte errada. É claro que a seleção natural pode atuar em mutações que acabaram de surgir dentro de uma população, mas o mais comum é que aquela população já conte com uma grande variabilidade e inúmeras mutações onde a seleção natural atue, se for o caso. Como já vimos ao falar da divisão realizada por Mayr da idéia de Darwin em cinco teorias, a sexta, que foi acrescentada aqui, é justamente a da variabilidade intraespecífica. Esta sexta idéia é essencial para a compreensão da seleção natural.

Ainda é fácil encontrar nos dias atuais pessoas que acreditam que todas as zebras ou todas as lulas são praticamente iguais. Mas isso não é verdade, elas são tão distintas entre si como nós somos distintos uns dos outros. Cada uma é um indivíduo. O motivo de elas serem tão parecidas é duplo: há o fato delas sofrerem uma pressão seletiva maior, causando uma maior mortalidade nos seres que se diferenciam muito dos demais. Mas há também o fato de que julgamos baseados em nosso uso comum dos cinco sentidos. Um ser que seja visualmente muito semelhante ao outro será considerado como idêntico, mesmo que o cheiro deles

seja completamente diferente. Mas se tal ser se distingue pelo cheiro, então eles mesmos se julgarão completamente diferentes. Morcegos de uma mesma espécie, por exemplo, costumam ser, para nós, idênticos entre si, pois são visualmente muito semelhantes, mas, para eles, são completamente diferentes, pois se identificam pelo som e pelo cheiro. Tão diferentes que certas espécies de morcego (*Desmodus rotundos*) são capazes de montar colônias baseadas na capacidade de um indivíduo reconhecer o outro e retribuir favores.

Isto significa que em praticamente qualquer momento já existe sempre um grande número de variações para a seleção atuar. Ela não fica simplesmente esperando uma mutação benéfica ocorrer. Nas palavras de Dawkins:

Existe um enorme poço de variações, originalmente alimentado por um gotejamento de mutações, mas significativamente revolvido e agitado pela reprodução sexuada, de modo a originar variações ainda maiores. As variações surgem a partir das mutações; no entanto, as mutações já podem ser razoavelmente antigas no momento em que a seleção natural começa a trabalhar nelas (Dawkins, 1998, p.102).

O papel do sexo, citado por ele, é justamente o de separar e unir diferentes variações achando, assim, os genes que trabalham melhor em conjunto e descartando variações que não são benéficas, mas que se “aproveitam” de outras mutações benéficas. Neste sentido o sexo tem um efeito de limpeza do genoma, pois ao permitir múltiplas combinações de variação ele permite que as melhores variações se encontrem em um mesmo indivíduo que será fortemente selecionado justamente por este motivo (cf. Dawkins, 1998, p.99).

Uma vez explicado o que é a seleção natural é preciso deixar claro que ela não é o único evento capaz de mudar a frequência gênica de uma população. A chamada Deriva Genética também pode fazer o mesmo, mas de um outro modo. Deriva genética é o papel do acaso na sobrevivência dos genes. Um indivíduo pode ter um gene muito bem adaptado a um determinado ambiente e que facilmente seria selecionado pelo seu valor adaptativo, mas é perfeitamente possível que este indivíduo não sobreviva ou não consiga se reproduzir simplesmente por acaso. Ter um bom gene não é garantia de sobrevivência e reprodução, por isso “ser melhor adaptado” não quer dizer “produziu mais descendentes do que a média da população” e sim “capaz de produzir mais

descendentes do que a média da população”, mesmo que esta capacidade não tenha se realizado de fato.

Um gene também pode se tornar mais comum dentro de uma população simplesmente por acaso: “a deriva genética resulta na perda de variação genética dentro das populações e na divergência genética entre elas, inteiramente por acaso” (Futuyma, 2002, p.139). O modo mais conhecido em que isso pode acontecer é o chamado “efeito do fundador”. Este efeito acontece principalmente quando um pequeno grupo de uma determinada população é responsável por fundar uma outra população. Pode ser um pequeno grupo que migrou e acabou indo para uma área antes desconhecida, pode ser um pequeno grupo sobrevivente de uma catástrofe que dizimou o resto da espécie, pode ser um grupo que se separou da população original por causa de alguma mudança climática ou geológica, ou pode ser simplesmente um grupo que estava agarrado em um tronco quando este caiu no mar e foi parar em outra ilha. Em todos estes casos o importante é que, quanto menor o grupo, menor a chance de que ele seja uma amostra estatística correta da população de onde ele se originou. Isto quer dizer que quanto menor o grupo maior a chance de que ele tenha mais, ou tenha menos, um determinado gene se comparado ao grupo original. Deste modo, a população que será fundada por este grupo se inicia a partir de um acervo genético diferente. Em um caso extremo, uma única mãe grávida de seu filhote (macho) pode fundar uma nova população e esta nova população seria geneticamente muito mais uniforme do que a original pelo simples fato de que toda ela descenderia de um único indivíduo. Teríamos, então, alguns genes se tornando mais comuns e outros mais raros por simples acaso e não pela seleção natural.

O efeito do fundador e a deriva genética podem ser mais importantes do que parecem à primeira vista. Se considerarmos a evolução como uma mudança nas frequências dos genes em uma população, então eles são extremamente importantes. Algumas medidas hoje em dia indicam que cerca de 95% do DNA humano, por exemplo, não codifica gene nenhum. Da parte do DNA que não codifica proteínas, algumas codificam RNA e outros são trechos reguladores que “decidirão” que genes serão transcritos e quando (seção 2.8). Algumas estimativas sobre a quantidade de genes que codificam proteínas são ainda mais extremas:

Estimou-se que, no genoma humano, no máximo 1,5% dos DNA codificam proteínas. Poucos codificam tRNA, e outros RNA não-traduzidos, mas a maioria nunca, ou dificilmente, é transcrita, muito menos traduzida (Jablonka & Lamb, 2005, p.52. Minha tradução).

Grande parte do DNA restante é o chamado DNA lixo que está, de certa maneira, só “pegando uma carona” com o DNA codificador (cf. Ridley, 2006, p.208). Se tal DNA não produz efeitos sustentáveis, então ele não pode ser selecionado nem contra, eliminando tal seqüência, nem a favor, fixando uma determinada seqüência. Ele é invisível para a seleção. Além disso, como veremos ainda neste capítulo, o código genético é redundante: a mudança em algumas posições do DNA não significam mudanças nos aminoácidos por ele produzidos. São as chamadas substituições silenciosas. Isto significa que todas as mutações sofridas nas tais posições silenciosas serão mantidas, não serão nem selecionadas nem eliminadas. Tal constatação deu origem a chamada “Teoria Neutra da Evolução Molecular” de Mooto Kimura. Nas palavras de Dawkins:

Os neutralistas pensam – corretamente, a meu ver – que essas adaptações são a ponta do iceberg – provavelmente a maior parte da mudança evolutiva, considerada no nível molecular, é não funcional (Dawkins, 2001, p.397).

Por ser não funcional significa que tais mudanças são explicadas pela deriva aleatória, elas se dão ao acaso e não por seleção. Como não estão sujeitas a seleção, devem variar em uma taxa constante. Baseado nisso elas funcionam como relógios moleculares que podem nos dar o tempo transcorrido desde um ancestral comum (cf. Futuyma, 2002, p.153). “A evolução molecular parece ter uma taxa aproximadamente constante por unidade de tempo; considera-se, portanto, que ela mostra um relógio molecular” (Ridley, 2006, p.194).

Recentemente surgiu também a “Teoria Aproximadamente Neutra” para tentar resolver alguns problemas da Teoria Neutra. Aquela coloca o tamanho da população como uma característica relevante. Uma mutação neutra não pode ser selecionada contra ou a favor, por isso o tamanho populacional não é importante. Já uma mutação levemente vantajosa, ou levemente desfavorável, depende do tamanho populacional para continuar existindo ou não. Se a população for pequena, o seu destino vai ser idêntico ao destino da mutação neutra, pois ela poderá se fixar, mesmo sendo desvantajosa, simplesmente por deriva aleatória, ou seja, simplesmente porque um pequeno grupo fundador tinha uma quantidade

grande desta mutação por acaso. Já em uma grande população se dará o inverso, ela não será capaz de se fixar por acaso e, por isso, se comportará como uma mutação não neutra e será selecionada contra ou a favor (cf. Ridley, 2006, p.201).

É preciso deixar claro que nenhuma das duas teorias nega o papel da seleção natural, nas palavras de Ridley:

A outra coisa que a teoria neutra da evolução molecular não proclama é que toda evolução molecular é dirigida pela deriva neutra. Ela diz que a maior parte da evolução molecular é por deriva neutra. Uma fração importante da evolução molecular é quase que certamente dirigida pela seleção: a fração da evolução molecular que ocorre durante a evolução de adaptações (Ridley, 2006, p.187).

Exatamente qual papel a seleção teria é um pouco controverso. Ela poderia tanto ser uma seleção positiva escolhendo as mutações adaptativas, quanto negativa simplesmente atuando contra as mutações desvantajosas. Neste segundo caso ainda seria a deriva que seria responsável pela fixação da mutação positiva. Ainda a respeito deste segundo caso temos uma visão da seleção natural como algo que freia a evolução. Se não houvesse seleção natural, a mudança na frequência genética de uma população seria tão rápida quanto o ritmo do surgimento de novas mutações, todas as novas mutações permaneceriam. A seleção negativa, deste modo, atuaria para frear este ritmo impedindo certas mudanças. É claro que não podemos negar também a possibilidade da seleção atuar nos dois papéis. Esta terceira hipótese parece ser a mais provável (cf. Ridley, 2006, p.218).

O exato papel da seleção não é importante no presente trabalho. O importante é que ela tem um papel não aleatório na fixação ou no descarte de uma mutação em uma determinada população. O papel da seleção natural só se torna realmente importante, como vimos, nas mutações adaptativas. A seleção de adaptações é o que importa para a teoria darwiniana, mas é perfeitamente possível pensar em um processo de seleção sem adaptação. Um exemplo muito simples de seleção sem adaptação é escolher algo no cara ou coroa. É um processo de seleção como qualquer outro, mas o que é selecionado não o é porque está melhor adaptado a vencer no cara ou coroa, foi selecionado simplesmente por sorte!

Assim como há seleção sem adaptação, há também reprodução sem hereditariedade. Dawkins usa o exemplo das nuvens: uma nuvem pode produzir outra. Mas o exemplo mais comum e instrutivo é o do fogo, pois este claramente

se reproduz: uma pequena chama pode dar origem a um verdadeiro incêndio de ordem crescente. Mas o fogo não tem herdabilidade, isto quer dizer que um determinado fogo iniciado por uma certa chama não tem uma chance maior de se parecer com esta chama do que ele tem chance de parecer com qualquer outra chama. O mesmo se dá com as nuvens.

Aqui é preciso deixar claro o que é *herdabilidade* e, principalmente, como ela é constatada. Dizemos que certo caractere é herdável quando é passado dos pais para os filhos, mas ele tem herdabilidade quando a prole se parece mais com seus pais do que com os contemporâneos de seus pais em relação a este caractere. Para medi-la é preciso uma população onde certos indivíduos têm uma determinada característica e outros não. Se só os filhos dos indivíduos que têm esta característica apresentam a mesma característica, então a herdabilidade é máxima. Caso contrário, caso ela possa aparecer em qualquer indivíduo com a mesma probabilidade, então ela não tem nenhuma herdabilidade. Entre estes dois extremos temos os diferentes graus de herdabilidade. (cf. Sterelny & Griffiths, 1999, p.35). “A herdabilidade, portanto, é a extensão quantitativa na qual a descendência se assemelha aos seus progenitores, em relação à média da população” (Ridley, 2006, p.364).

Deste modo, se um determinado caractere herdável já estiver presente em toda a população dizemos que sua herdabilidade é zero, pois, no que diz respeito a este caractere, os filhos de um determinado pai serão idênticos aos filhos do resto da população. Ele é hereditário, mas não influencia a medida da herdabilidade. A herdabilidade não mede exatamente a hereditariedade, mas sim até que ponto diferenças genéticas ocasionam diferenças fenotípicas em uma determinada população. Se todos indivíduos de uma população tiverem a mesma dieta e forem medir a herdabilidade da obesidade, por exemplo, a diferença entre indivíduos será exclusivamente genética, ou seja, a herdabilidade será alta, mas se a dieta variar muito a diferença será mais ambiental do que genética, a herdabilidade será baixa (cf. Laland & Brown, 2002, p.267). Deste modo, se a herdabilidade de um caractere for zero, não quer dizer que ele não seja hereditário, mas somente que sua variação não depende da hereditariedade. No entanto, se houver algum valor de herdabilidade, isso significa que tal caractere é sim herdável. Podemos, assim, usá-la como uma boa medida da importância dos genes em um ambiente estável,

mas também pode funcionar como prova de que um determinado caractere é herdado (cf. Ridley, 2006, p.614).

É deste modo que a herdabilidade é constatada de fato, e não através da observação microscópica da reprodução, onde o biólogo deveria ver os cromossomos dos pais de fato criando os filhos. O mesmo se dá com a genética quantitativa ou genética populacional. Estuda-se o genoma, mas sem necessariamente olhá-lo diretamente. Seria possível estudar as mudanças genéticas de uma população estudando os genomas de todos os indivíduos em vários lapsos de tempo, mas isso é completamente impraticável dado o tamanho do trabalho. Teríamos que fazer um mapeamento genético do gene estudado em todos os indivíduos de uma população e em vários momentos distintos para saber se tal gene está sendo selecionado contra, a favor, ou nenhum dos dois. Mas na prática o que se estuda são os fenótipos e, através deles, os genes. Nas palavras de Maynard-Smith:

Uma das grandes dificuldades da genética das populações é que nossa teoria tem a ver com a frequência dos genes e dos genótipos nas populações, enquanto que nossas observações dizem respeito a fenótipos. Só muito raramente é que conhecemos as bases genéticas das diferenças fenotípicas que observamos (Maynard-Smith 1993, p.184. Minha tradução).

Estuda-se os genótipos, mas indiretamente. É este estudo que nos dá o diferencial ou coeficiente de seleção chamado de  $s$ . Resumidamente o procedimento é assim: escolhe-se um traço fenotípico qualquer, por exemplo, o tamanho do bico de certo pássaro. Mede-se o tamanho do bico de vários indivíduos dentro de uma determinada população e depois repete-se várias vezes esta mesma medição prestando atenção para a diferença no tamanhos dos bicos e para a sobrevivência dos indivíduos marcados. Se, por exemplo, em uma próxima medição forem encontrados mais indivíduos com bicos longos e for notado que um número proporcionalmente maior de indivíduos com bicos curtos marcados morreu, então podemos constatar que há uma pressão seletiva para bicos longos. Quanto maior for o diferencial entre as duas medições, maior a intensidade da seleção. Assim podemos ver como a seleção natural está afetando o tamanho dos bicos e com que intensidade ela está afetando. Nas palavras de Ridley:

Se os indivíduos bem-sucedidos forem muito diferentes dos indivíduos médios na população, a seleção será forte e o diferencial de seleção ( $S$ ) será grande. Se a

seleção for fraca, os indivíduos bem-sucedidos serão mais como uma amostra aleatória da população como um todo e  $S$  será pequeno (Ridley, 2006, p.268)

Um exemplo simples de como isso se dá, e que nos mostra o poder da seleção natural, foi dado por Sean Carroll. Ele nos diz que um indivíduo que é apenas 1% melhor adaptado do que a média de sua população, sendo que esta sua adaptação é perfeitamente herdável e sendo a população é de 10.000 indivíduos, serão necessárias cerca de 1.980 gerações para que esta mutação se dissemine por toda a sua população, ou seja, para que este gene seja fixado. Se tais indivíduos forem camundongos, ou qualquer outro ser que possua uma geração de cerca de 1 ano, então esta mutação estará fixada em 2.000 anos! Um tempo geologicamente ínfimo para uma mutação que só era levemente benéfica (cf. Carroll, 2006, p.220).

## 2.2

### **O Esqueleto da Evolução: o darwinismo universal**

Se não for possível que os filhos pareçam mais com os pais do que com a média da população, então nem a seleção natural e nem a evolução adaptativa é possível. A característica que permite todo este processo é justamente a reprodução com herdabilidade. É por este motivo que Dawkins coloca no início de todo o processo de evolução o chamado replicador. Embora seja importante saber qual foi este primeiro replicador e como ele surgiu, o mais importante é perceber que uma vez que ele surja, teremos um processo de evolução por seleção natural. Aqui surge o foco do chamado Darwinismo Universal, o importante do gene não é que ele é uma cadeia de DNA é sim que ele é um replicador. Deste modo, se ele fosse feito de outra substância, que também pudesse se replicar, ele também seria alvo da seleção natural e, por conseguinte, da evolução. É neste sentido que o ultradarwinismo quer ultrapassar as barreiras do darwinismo.

Para o darwinismo universal o darwinismo não se restringe a um estudo da biologia do nosso planeta. Nas palavras de Pinker, o darwinismo universal defende que:

A seleção natural não é só a melhor teoria da evolução da vida na terra, mas quase com certeza é a melhor teoria da evolução da vida em qualquer lugar do universo. (Pinker, 2006, p.132)

Onde houver um replicador capaz de passar suas características para seus descendentes e houver um suprimento finito de “nutrientes” necessários para a replicação, ocorrerá a seleção natural e, por conseguinte, a evolução. Isto quer dizer que a evolução não depende do substrato biológico aqui da Terra, ela pode se dar em outros planetas, com outros substratos. Como nos diz Dennett “As idéias de Darwin sobre os poderes da seleção natural também podem ser retiradas de sua base biológica” (Dennett, 1998, p.60). Com isso ele não está querendo dizer que tais idéias podem ser aplicadas só a outros planetas e sim aplicadas a qualquer ambiente onde existirem outros replicadores. Nas palavras de Dawkins “o darwinismo é uma teoria grande demais para ser confinada ao contexto limitado do gene” (Dawkins, 2001, p.213).

Concordando com Dawkins, Dennett diz que a evolução é algorítmica. Segundo Dennett, “algoritmo é um tipo de processo formal no qual se pode confiar – logicamente – que produza uma determinada espécie de resultado sempre que for ‘posto para funcionar’” (Dennett, 1998, p.52). Ele é um procedimento que pode ser dividido em pequenas etapas, simples o suficiente para um mecanismo completamente mecânico o seguir e chegar sempre ao mesmo resultado. No entanto, com isso ele não quer de maneira nenhuma afirmar que a evolução é sempre direcionada a um mesmo resultado, o importante aqui é que ela é neutra em relação ao substrato, ou seja, pode ser implementada em qualquer substrato que a suporte. Do mesmo modo, um torneio de tênis ou de cara e coroa terá sempre um ganhador, mas isso não quer dizer que será sempre o mesmo ganhador, e no caso do torneio de cara e coroa sequer quer dizer que ele ganhará por alguma característica que lhe é própria. Ele ganhará simplesmente porque tem que haver um ganhador!

Dawkins e Dennett continuam com a proposta ultradarwinista de levar as idéias de Darwin para além da biologia. Mas esta idéia está longe de ser nova. Não muito tempo depois do surgimento do darwinismo, Thomas H. Huxley, um de seus principais defensores, já dizia que

(...) a luta pela existência prevalece tanto no mundo físico quanto no mundo intelectual. Uma teoria é uma forma de pensamento, e seu direito de existir está diretamente relacionado ao seu poder de resistir à extinção pelos seus opositores (Huxley 1893, 229 in: Ruse, 1995, p.68).

Para ele as idéias lutavam pela existência, assim como os indivíduos, e as idéias mais aptas sobreviviam. Assim, o algoritmo da evolução darwinista estava sendo aplicado ao “mundo intelectual”. Mais recentemente Karl Popper defendeu uma proposta semelhante ao propor sua epistemologia evolucionária. Nas palavras de Popper:

(...) o crescimento de nosso conhecimento é o resultado de um processo estreitamente semelhante ao que Darwin chamou de ‘seleção natural’; isto é, a *seleção natural de hipóteses*: nosso conhecimento consiste, a cada momento, daquelas hipóteses que mostraram sua aptidão (comparativa) para sobreviver até agora em sua luta pela existência, uma luta de competição que elimina aquelas hipóteses que são incapazes.

Esta interpretação pode ser aplicada ao conhecimento animal, ao conhecimento pré-científico e ao conhecimento científico (Popper, 1975, p.238).

A epistemologia evolucionária de Popper foi só uma das tentativas de aplicar os princípios de Darwin ao conhecimento humano, outras tentativas surgiram<sup>6</sup>. Mas o importante aqui é perceber que em todos estes casos o darwinismo foi retirado de suas bases biológicas e tratado como um processo que será realizado sempre que certas condições estejam presentes.

Mesmo dentre aqueles que não defendem claramente que a evolução é um processo algorítmico é comum encontrar o que eles chamam de um “resumo abstrato” da evolução onde ela é “abstratamente compreendida como um argumento lógico, que leva das premissas a uma conclusão” (Ridley, 2006, p.104). Ridley nos apresenta quatro condições fundamentais para a existência da seleção natural: reprodução, hereditariedade, variação, variação da aptidão (algumas variações serão melhores do que outras). Até Darwin fez o seu pequeno resumo abstrato da seleção natural:

Como nascem muito mais indivíduos de cada espécie e que não conseguem subsistir; como, por conseqüência, a luta pela sobrevivência se renova a cada instante, segue-se que todo o ser que varia, ainda que pouco, de maneira a tornar-se-lhe aproveitável tal variação, tem maior probabilidade de sobreviver, este ser torna-se também objeto de seleção natural. Em virtude do princípio poderoso da hereditariedade, toda variedade, agente da seleção, tenderá a propagar sua nova forma modificada (Darwin, 2004, p.19-20).

Embora seja fácil ler este trecho pensando especificamente em seres vivos evoluindo, e provavelmente era nisso que Darwin pensava, é possível notar que

---

<sup>6</sup> Para mais informações sobre outros que seguiram caminhos semelhantes ver: Ruse, 1983, p.71. Para mais informações sobre a epistemologia evolucionária de Popper ver: Popper, 1999, p.54.

ele não faz referências específicas e que poderia estar falando de qualquer outra coisa capaz de se reproduzir e com aptidão variável. Isto fica claro na forma de argumento lógico que Darwin escolheu para este trecho ao usar as palavras “como... como... segue-se...”. Esta separação da evolução da sua base biológica é muito comum e inúmeros outros exemplos poderiam ser dados (cf. Maynard-Smith, 1993, p.43 - 44 & Dawkins, 2001 p.193 - 194). Todos eles são muito parecidos e em última instância se resumem a isso:

Se uma população variada de entidades produz descendentes semelhantes a si, e se essas entidades diferem em adaptatividade, a seleção deverá gerar alterações evolutivas nessa população independentemente do tipo de entidade em questão (Sterelny & Griffiths, 1999, p.41. Minha tradução).

Curiosamente, é comum que estes resumos abstratos esqueçam de dois tópicos importantes: é preciso que exista uma *falta de recursos* para a reprodução. Se a quantidade de recursos for infinita até um indivíduo que não esteja bem adaptado poderá sobreviver. Também é preciso *tempo* para que todo este processo se realize. Este último parece ser óbvio: ninguém defende que a evolução se dê instantaneamente. No entanto o tempo transcorrido pode ser menor do que o exigido pela evolução e, neste caso, não poderá ter sido ela a causadora das mudanças.

Vemos então que existem algumas condições necessárias em todo processo de evolução por seleção natural, são elas: *reprodução com herdabilidade*<sup>7</sup>, *variação intraespecífica*, *possibilidade do surgimento de novas mutações*, *aptidão diferencial*, *falta de recurso para a reprodução*, *tempo para o processo ocorrer*. Na presença destas condições a seleção natural acontece e, conseqüentemente, a evolução. Como os recursos são escassos, aqueles indivíduos de uma população variável que forem mais aptos tenderão a ter mais descendentes e, como suas aptidões são herdáveis, sua prole também será mais apta. Tal prole poderá ter novas mutações que lhes torne ainda mais apta criando, assim, um processo de acumulação de mutações que se convencionou chamar de evolução.

No entanto, nem todos concordam com esta algoritmização da biologia. Para Gould é um erro hediondo tentar levar o darwinismo para além da biologia. O problema é que ele não nos diz o que o substrato biológico tem de especial para

---

<sup>7</sup> Não basta o caractere ser herdável, ele precisa ter alguma herdabilidade, ou seja, precisa criar algum diferencial fenotípico na população para que possa ser selecionado ou não.

garantir que ele é o único substrato em que o darwinismo possa ser aplicado. Parece difícil, mas não impossível, defender que a evolução e a seleção natural são restritas ao substrato biológico sem defender um certo tipo de vitalismo, uma certa propriedade mágica da biologia que não poderia ser caracterizada pelo que faz, pelo seu funcionamento. Pois tudo que pode ser caracterizado pelo seu funcionamento pode ser retirado do seu substrato e implementado em outro que o suporte. Gould acaba se encontrando em um lugar parecido com o de John Searle na filosofia da mente: este se diz um materialista não funcionalista, mas dá ao cérebro uma capacidade especial de ter uma consciência intencional subjetiva que não pode ser realizada por nenhum outro substrato e nem estudada cientificamente utilizando uma linguagem objetiva. Searle considera que cabe aos funcionalistas provar que seres sem cérebros, computadores, por exemplo, seriam capazes de ter mente. No entanto defender que só os cérebros podem ter mentes é também uma posição muito forte, ainda mais se tais mentes tiverem estranhas propriedades desconhecidas pela ciência que seriam propriedades intrínsecas subjetivas inescrutáveis por um ponto de vista de terceira pessoa! Tal afirmação sobre uma possível característica peculiar do cérebro é muito forte para ser considerada a “posição padrão” enquanto somente a sua opositora que deveria ser capaz de prová-la errada. Não é sem razão que Searle é considerado por muitos como um dualista de propriedades.

Assim como Gould não se diz vitalista, Searle também não se diz dualista, mas ambos não são capazes de dizer o que há de especial no substrato que consideram como sendo o único capaz de implementar tal característica tão peculiar. Podemos então dizer que a resposta de Gould não é satisfatória. Simplesmente negar a universalização do darwinismo sem dizer o que o substrato biológico teria de especial para ser único não é o suficiente.

A despeito das críticas contra este tipo de abstração do processo evolutivo, a força de tal processo compreendido de maneira abstrata é utilizada hoje para explicar inúmeros outros processos, dentre eles a memética. Mas mesmo ainda dentro da área da biologia ele é utilizado para explicar outros processos como, por exemplo, o sistema imune. Este parece funcionar de uma maneira análoga à evolução por seleção natural. Sabemos que o que mais importa na relação de um anticorpo e seu antígeno é a sua forma tridimensional, seguindo o termo técnico

devemos dizer que o que importa são suas propriedades estereoespecíficas, “isto é, sua capacidade de ‘reconhecer’ outras moléculas (...) segundo a sua *forma*, a qual é determinada por sua estrutura molecular” (Monod, 2006, p.58). A relação entre o antígeno e o anticorpo é semelhante à relação entre uma chave e uma fechadura. No entanto, a forma original do anticorpo não se deve a forma do antígeno, os anticorpos são produzidos aleatoriamente em variadas formas, o antígeno serve, então, como seletor destas formas. As formas que encontram seu antígeno se multiplicam e tornam-se mais comuns, e as que não encontram tornam-se mais raras (cf. Monod, 2006, p.125 - 126). Baseado nisso é que surgem as vacinas, elas têm a forma do antígeno na parte em que o anticorpo se liga a ela, mas não são capazes de adoecer um indivíduo. Ao aplicar uma vacina você está selecionando certos tipos de anticorpos em um processo muito parecido com a seleção artificial (seção 2.3.1).

Um outro intrigante caso de auto-replicação que provém da biologia, mas sem ligação com os nossos replicadores mais conhecidos que são o DNA e o RNA, são os príons. Os príons são proteínas que fazem parte do funcionamento celular normal em mamíferos, por exemplo. Entretanto existe uma forma aberrante desta proteína que é capaz de fazer cópias de si mesmo transformando por contato os príons normais em príons aberrantes, modificando sua forma tridimensional (cf. Aunger, 2002). Como os príons estão presentes nas células cerebrais, as doenças que a forma aberrante gera normalmente são neurodegenerativas, dentre as quais a mais conhecida é a doença da vaca-louca (*encefalite espongiforme bovina*). O principal estudioso dos príons, Stanley B. Prusiner, inclusive ganhou o prêmio Nobel de medicina em 1997 por suas pesquisas. Temos, então, um replicador inusitado, e há até pouco tempo desconhecido dentro da própria biologia. Há, como é comum nas ciências, controvérsias sobre os príons, no entanto, nos últimos anos muitas evidências a favor desta hipótese foram reunidas a este respeito (cf. Soto & Castilla, 2004).

Um outro processo onde a estrutura abstrata da seleção natural desempenha um papel diz respeito a origem da vida como apresentada por Cairns-Smith. Segundo o autor, os cristais, como os encontrados na argila e no barro, são um conjunto ordenado de átomos que tendem a se aglomerar nesta forma ordenada. Por mais ordenado que eles sejam, podem existir pequenas falhas na sua

ordenação. O que é interessante é que eles podem crescer. Fazem isso agregando novas camadas da mesma substância seguindo sempre a mesma ordenação. Se tivermos, por exemplo, uma solução supersaturada de hipossulfito de sódio dissolvida em água e colocarmos um pequeno cristal em sua superfície podemos ver a olho nu a formação de vários cristais semelhantes em sua ordenação (cf. Dawkins, 2001, p.224).

De certa maneira o cristal se reproduziu e até apresenta herdabilidade, pois se o cristal original com que a solução foi semeada tiver algum falha, os novos cristais que surgirão tendem a ter esta mesma falha. É possível que algumas falhas tornem os cristais mais capazes de se reproduzir, podendo torná-los mais leves ou mais rápidos em sua reprodução etc. Teríamos, então, uma espécie de seleção natural dos cristais. Cairns-Smith une esta interessante perspectiva com uma relação química conhecida entre os cristais e certas moléculas orgânicas para propor uma explicação plausível para o surgimento da vida orgânica. No entanto, os detalhes da teoria de Cairns-Smith não nos interessam aqui, o que é importante é que neste caso os cristais é que são os primeiros replicadores, o DNA e o RNA é que teriam se originado depois e por intermédio deles. Sendo replicadores, os cristais poderiam sofrer um processo de seleção natural, é claro que extremamente simples, pois a estrutura dos cristais é muito organizada e infinitamente repetitiva. Além disso, a sua quantidade de informação é muito inferior a do mais simples ser vivo, no entanto, esta seria só uma separação quantitativa (cf. Monod, 2006, p.31).

A teoria de Cairns-Smith é só uma tentativa de explicar a origem da vida. Existem várias outras e a maioria começa com o surgimento de um replicador<sup>8</sup>. O fato de que um replicador não precisa ser necessariamente algo que consideramos como um ser vivo é demonstrado também pelos vírus e bacteriófagos. Estas são entidades que estão no limiar do que chamamos de vida. Alguns autores as consideram como vivas e outros não, mas independentemente disso elas são capazes de se replicar. Como são extremamente simples elas não têm nelas mesmas todos os instrumentos necessários para a replicação, então dependem dos

---

<sup>8</sup> Isto não é verdade para a teoria de Stuart Kauffman. A idéia fundamental dele é que sistemas complexos podem emergir automaticamente através da interação de unidades simples. Seria uma espécie de auto-organização que não dependeria de pré-existência de um replicador (cf. Sterelny & Griffiths, 2006 p.370 - 371). Mas por mais matematicamente interessante que seja a sua teoria, ela não conta com muitas evidências empíricas e também não refuta a idéia da evolução como um algoritmo. Ela somente dá outra explicação para o surgimento da vida onde a auto-organização desempenha um papel relevante, mas a replicação, uma vez que tenha surgido, tem o seu papel redimensionado, mas não perdido (Dennett, 1998, p.235).

mecanismos metabólicos de outros seres que elas invadem e “seqüestram”. Os bacteriófagos, por exemplos, são pedaços de DNA revestidos por uma camada de proteína. Para se copiar eles precisam infectar uma bactéria e utilizar os seus processos metabólicos. Um exemplo dado por Behe é o do fago:

O ADN do fago é bem pequeno, contendo a codificação de apenas uns cinquenta genes. Esse número não é suficiente para criar sua própria maquinaria de replicação, de modo que, inteligentemente (sic.), o fago seqüestra a maquinaria hospedeira. O fago, portanto, é incapaz de sustentar-se por si mesmo (Behe, 1997, p.271).

Vemos, então, que eles não possuem a capacidade de se replicar por conta própria, mas possuem herdabilidade e possuem também variação que implica em uma aptidão diferencial. Deste modo, temos os principais componentes para que o fago entre em um processo evolutivo por seleção natural mesmo não sendo necessariamente vivo e mesmo não sendo capaz de copiar a si mesmo. Fazem parte do ambiente do fago outros indivíduos, estes sim capazes de copiar a si mesmos e de replicar o fago, e os fagos competem por este recurso imprescindível para a sua replicação.

Um último exemplo de um possível processo de seleção natural que será dado aqui é justamente o mais distante da biologia. Lee Smolin aplicou a seleção natural ao surgimento de universos, defendendo a idéia de que universos podem se reproduzir em universos filhos dentro de buracos negros. Nestes universos filhos as constantes da física poderiam variar levemente. Deste modo, qualquer variação que implicasse em um aumento de probabilidade de surgirem novos buracos negros seria selecionada (cf. Dennett, 1998, p.185). Tal idéia é empiricamente muito difícil de provar, mas o que nos interessa aqui é só observar como a mesma estrutura geral da seleção natural biológica está sendo aplicada em diferentes níveis não biológicos. Nas palavras de Futuyma:

Pelo menos teoricamente, a seleção pode atuar sempre que diferentes tipos de entidades auto-reprodutoras, que geram descendentes semelhantes a elas próprias, difiram em suas taxas de sobrevivência ou reprodução (Futuyma, 2002, p.160).

Para isso só precisamos de um ente qualquer, biológico ou não, capaz de fazer cópias de si mesmo inserido em um ambiente propício para este processo. Suas cópias serão, por definição, também capazes de fazer cópias de si. Durante este processo erros podem ocorrer, sendo que eventualmente alguns erros podem

criar um indivíduo mais capaz de fazer cópias de si em comparação com os outros. Se o número de “nutrientes” necessários para realizar este processo for finito, então os indivíduos mais capazes tenderão a se tornar mais comuns e os menos capazes tenderão a desaparecer. Com o tempo novos erros de cópia surgirão e se tornarão comuns se forem benéficos, isto é, se criarem indivíduos mais capazes de fazer cópias de si do que a média da população.

Temos, então, construído o esqueleto de como se dá a evolução por seleção natural. Sempre que todas as propriedades exigidas pela seleção estejam presentes ela se dará, não importa se o ser capaz de se reproduzir seja um ser vivo ou não, ou seja, a seleção natural não se encontra, por princípio, restrita ao domínio da biologia, embora seja possível dizer que em nosso mundo ela de fato só atue neste domínio. Na verdade, os críticos da seleção natural podem até dizer que nem mesmo no domínio da biologia ela atua.

### **2.3 A Carne da Evolução**

Uma vez tendo delineado as principais juntas do esqueleto da evolução por seleção natural, podemos voltar e ver se este resumo abstrato realmente tem alguma instanciação em nosso mundo. O lugar para se procurar esta “materialização” é o mais óbvio: o mundo vivo. Pretendemos aqui mostrar que a evolução por seleção natural, além de ser um argumento bastante plausível por conta própria, realmente acontece em nosso mundo natural. Mas com isso não será feita uma longa defesa da evolução darwiniana, uma espécie de respostas aos seus críticos. Como já foi dito, tais críticas, propostas principalmente pelo Design Inteligente, não são relevantes. O propósito desta seção é apenas uma rápida constatação de que a evolução é um fato do nosso mundo, e com isso pretendemos apresentar que tipo de provas são necessárias para constatar a veracidade da seleção natural.

Muitas são as evidências da seleção natural, o próprio Darwin nos apresentou as principais e foi principalmente por esta apresentação detalhada que seu livro teve tamanho sucesso e que seu nome ficou em destaque, obscurecendo

o nome de Wallace, que também tinha chegado a uma espécie de resumo abstrato da seleção. Não faremos uma análise da visão histórica de Darwin. As evidências da evolução ficaram muito mais claras desde sua época e o que está sendo tratado aqui é a chamada “visão recebida” da evolução.

### 2.3.1 Seleção Artificial e Seleção Inconsciente

Uma das evidências mais marcantes, por nos ser tão próxima, é a que provém da seleção artificial. Qualquer um que tenha um animal doméstico encontra diariamente uma prova do poder da seleção artificial. Um caso conhecido é o dos cães que em poucos milhares, e em alguns casos centenas de anos, passaram dos lobos para as mais variadas formas de cães de todos os tipos e de todos os tamanhos. Este foi um processo presenciado e realizado pelo homem.

Em alguns casos, não foi realizado por seleção artificial e sim por seleção inconsciente. A diferença é pequena, mas relevante: na seleção artificial existe o desejo consciente do homem de buscar por alguma nova variedade, ele, então, reproduz somente os animais mais parecidos com esta variedade. É o tipo de seleção mais comum em animais que são usados como meio de subsistência como cavalos, gado, peixes, etc. Nestes casos o criador escolhe só os seus melhores indivíduos para procriar, onde o que se considera “melhor” depende completamente dos critérios do criador. Já na seleção inconsciente há a mesma reprodução diferencial, mas quem causa esta reprodução não está visando criar uma nova variedade, simplesmente a cria como uma espécie de subproduto de gostar mais de um tipo de indivíduo do que de outro (cf. Darwin, 2004, p.47). Um indivíduo pode, por exemplo, tratar melhor os cães que ele mais gosta, aumentando assim a saúde e a expectativa de vida deles e, conseqüentemente, aumentando o seu sucesso reprodutivo. Se isso for feito por muitas gerações é bastante provável que ocorra um processo de seleção, mesmo que o indivíduo nunca tivesse este processo em mente. Ele somente tratou bem os cães que ele gostava e não se importou muito com os que ele não gostava.

A seleção artificial também pode ser reproduzida em laboratório: em um grupo de ratos, por exemplo, permite-se a reprodução somente de uma minoria

com um determinado caractere, se ele for herdável as novas populações produzidas por seleção artificial rapidamente apresentarão este caractere em sua média. Já a seleção inconsciente também é muito comum. Um caso paradigmático é o do HIV. Quando ele é tratado com 3TC sua população decresce bastante em número, porém alguns dias depois já é possível detectar HIV resistente ao 3TC e, em 80% dos pacientes, a população de HIV logo se torna completamente resistente ao 3TC (cf. Ridley, 2006, p.68). O mesmo exemplo também acontece de maneira cotidiana nas pragas agrícolas resistentes a inseticidas. Neste caso ainda há uma piora, pois cada vez que um novo inseticida é desenvolvido e aplicado, mais rapidamente as pragas se adaptam a ele. A explicação comum desta aceleração na adaptação é que as pragas acabam desenvolvendo adaptações que lhes permitem sobreviver no meio de vários tipos de inseticidas diferentes como, por exemplo, técnicas de autolimpeza. A seleção inconsciente também é responsável pela diminuição do tamanho dos peixes em certos rios do Brasil. Como há um tamanho mínimo que certas espécies podem ser pescadas, há uma forte pressão seletiva para não ter o tamanho autorizado para a pesca.

A seleção artificial é considerada diferente da seleção natural porque nela o desejo de um ser humano desempenha o papel de selecionador. Já a seleção inconsciente é mais parecida com a seleção natural, só com a diferença de que nela o homem é o selecionador, mesmo sem saber disso. No entanto não é só o homem que é capaz de ser o agente da seleção inconsciente. As frutas das árvores servem para espalhar suas sementes, fazem isso através de animais que as comem. Quanto mais saborosa e nutritiva for a fruta, maior é a probabilidade de um animal espalhar as suas sementes. Cria-se, assim, uma espécie de seleção inconsciente pelo sabor da fruta onde o paladar do animal pode ser considerado como seletor. Podemos, então, considerar que o paladar do animal faz parte do ambiente ao qual a fruta deve se adaptar, uma fruta com gosto ruim não está bem adaptada a este ambiente e vai ser descartada, não produzindo muitos descendentes. Evidentemente existem casos em que frutas com o gosto ruim podem, também, ser uma adaptação, mas de qualquer modo, seriam uma adaptação ao paladar de animais, então não muda nada no que está sendo dito aqui.

Se podemos tratar o paladar de um animal como o ambiente das frutas, não há motivos, baseados em princípios, para não tratar o desejo do homem de ter um

gado com mais leite, ou com uma carne mais macia, também como parte do ambiente do gado. Aquele que produzir mais leite, por exemplo, será selecionado e deixará mais descendentes. Dito isso podemos perceber que *não há nenhuma real diferença entre a seleção natural e a seleção inconsciente ou a artificial*. Em todas elas o organismo que estiver melhor adaptado ao seu ambiente terá mais chances de se reproduzir. Podemos considerar, então, a seleção artificial e a seleção inconsciente só como casos especiais da seleção natural onde um outro indivíduo representa um papel fundamental como ambiente.

Visto deste modo, a seleção natural está muito mais presente em nossas vidas do que podemos esperar. Está nas formigas, baratas, ratos e pombos que se adaptaram para viver às nossas custas. Está nas árvores nas nossas calçadas que são escolhidas tendo o critério de raízes que não prejudicam o calçamento. Está também nos nossos animais de estimação e nas plantas da nossa casa.

### **2.3.2 Espécies-Anel e Poliploidia**

Fazem parte das evidências da evolução os fatos que mostram que duas espécies distintas podem ser intimamente relacionadas. Um exemplo clássico é de dois tipos de gaivotas (*Larus argentatus* e *Larus fuscus*) que no Reino Unido claramente se diferenciam fenotipicamente e não se reproduzem entre si, são duas espécies distintas (cf. Ridley, 2006, p.75). No entanto, uma destas gaivotas se reproduz com outra que é parecida com ela, mas vive nos países nórdicos, já esta se reproduz com outra que vive no oeste da Rússia, que se reproduz com outra que vive na Sibéria, que se reproduz com outra que vive no Canadá, que se reproduz com outra que vive na Groenlândia e que se reproduz com *a segunda* espécie de gaivota que vive no Reino Unido. Temos assim, duas espécies de gaivotas claramente distintas que estão ligadas por uma cadeia de gaivotas que literalmente dá a volta ao mundo, sendo que uma sempre se reproduz com a sua vizinha, ou seja, podem ser consideradas da mesma espécie. A situação se complica ainda

mais pelo fato de existir uma terceira espécie (*Larus glaucooides*) que se une a esta cadeia<sup>9</sup>.

Estas espécies anel não são um tipo peculiar, uma exceção, na verdade, *todos* os seres vivos no planeta Terra estão ligados entre si da mesma maneira que estas duas gaivotas. O que acontece é que na maioria dos casos os indivíduos que seriam intermediários entre uma espécie e outra não sobreviveram ao processo de seleção natural ou se extinguíram por simples acaso. A seleção natural normalmente não permite que estes anéis continuem existindo porque se os genes pudessem passar por todos os indivíduos sem barreira alguma não haveria como combinar vários genes bons para um determinado ambiente em um só organismo que vive neste ambiente, a não ser por mero acaso. Os genes simplesmente transitariam livremente por tudo quanto é lugar e nos mais diferentes animais, isto atrapalharia a adaptação de praticamente todos eles (cf. Mayr, 1996). Teríamos camelos nascendo no Pólo Norte! Muitos genes só são adaptados a um tipo específico de nicho, por isso o melhor é que eles se mantenham juntos naquele nicho. Além disso, os genes funcionam de maneira unida, de nada adianta genes para digerir carne no estômago de herbívoros. Deste modo, a seleção vai valorizar a capacidade de criar barreiras para a passagem dos genes. No entanto, isto nos mostra que a transmissão livre de genes entre espécies distintas não é uma impossibilidade lógica, ela é meramente uma improbabilidade biológica.

Veremos melhor a relevância biológica e filosófica deste tema quando falarmos mais detalhadamente sobre o Pensamento Populacional (seção 10.4). No momento é importante perceber que espécies diferentes podem estar bem intimamente ligadas entre si. Tais fatos trazem problemas para o conceito biológico de espécies, que define espécies como grupos *capazes* de reproduzir entre si: espécies são “grupos de populações naturais capazes de entrecruzamentos que são reprodutivamente isolados de outros grupos similares” (Mayr, 2005, p.192.). É preciso ressaltar que este conceito deve ser adimensional e atemporal, ou seja, deve independe do tempo e do espaço: indivíduos que poderiam reproduzir entre si, mas não conseguem ou porque estão muito distantes no espaço ou porque viveram em épocas diferentes são considerados da mesma espécie.

---

<sup>9</sup> Algumas salamandras californianas do gênero *Ensatina* são também um exemplo. Outros exemplos são algumas espécies de caracóis do Gênero *Partula*, na ilha de Moorea, no Pacífico, e a toutinegra *Phylloscopus trochiloides*, na Ásia Central. Cf. Ridley, 2006, p.414.

Mesmo assim este conceito tem problemas: em primeiro lugar, ele não diz muita coisa sobre o número gigantesco de espécies com reprodução assexuada. Além disso, mesmo nas espécies sexuadas, muitas espécies diferentes se reproduzem entre si, como no caso de árvores que se reproduzem por dispersão de seus gametas no ar ou através de insetos não plenamente especializados<sup>10</sup>. Tal reprodução entre espécies não está restrita às plantas. Podemos encontrá-las até nos mamíferos: leões e tigres, por exemplo, podem se reproduzir. Há documentação sobre a reprodução de lobos cinza e coiotes na natureza, mas são raras (cf. Mayr, 1998). Muitos outros animais podem fazer o mesmo e, em alguns casos, a cria é perfeitamente fértil. Normalmente isso não acontece na natureza e, quando acontece, a cria é logo morta por ser mal adaptada.

Um outro caso característico do tipo de relação que as diferentes espécies tem uma com a outra é a especiação por poliploidia. Em pouquíssimas palavras o que acontece é um erro na formação do gameta que o deixa com um número maior de cromossomos. O número de cromossomos do gameta é duplicado, triplicado etc. O indivíduo que nasce com este número maior fica impedido de entrecruzar com os que têm o número “normal” de cromossomos. Caso ele consiga entrecruzar, a cria será híbrida e será estéril. Isto causa uma barreira de entrecruzamentos entre os indivíduos “normais” e os indivíduos com mais cromossomos. Mas ele poderá se reproduzir normalmente com outros indivíduos poliplóides. Criada esta barreira reprodutiva, estes dois grupos, o “normal” e o poliplóide, podem, segundo o conceito biológico de espécies, ser considerados como duas espécies distintas. O mais interessante ainda é que a especiação por poliploidia não só é bem documentada como também é muito comum. Nas palavras de E. O. Wilson:

A poliploidia é responsável pela origem de quase metade das espécies vivas de plantas floríferas e de um número menor de espécies de animais (Wilson, 1994, p.79).

Temos, então, um evento que pode ser entendido como “mais do mesmo”, ou seja, um maior número dos mesmos cromossomos, causando a especiação. A poliploidia é inclusive utilizada para “fabricar” espécies artificialmente. O procedimento é simples: cruzam-se duas espécies distintas, mas relacionadas,

---

<sup>10</sup> Um bom exemplo são os carvalhos (gênero *Quercus*). Cf. E. Wilson, 1994, p.56.

normalmente de plantas, criando um híbrido infértil. Um composto químico chamado colchicina restaura a fertilidade do híbrido justamente causando nele a poliploidia e, a partir deste momento, este híbrido pode cruzar exclusivamente com outros híbridos criados como ele. Temos, assim, uma nova espécie. A primeira espécie criada artificialmente por poliploidia foi a planta *Prímula kewensis* criada através do cruzamento da *P. verticillata* com a *P. floribunda* (cf. Ridley, 2006, p.76).

### 2.3.3 Uniformitarianismo e Registro Fóssil

Até o presente momento todas estas evidências trataram de variações na mesma espécie, como no caso dos cães, ou de espécies intimamente relacionadas, como no caso da primula. Embora estas relações próximas já devessem ser o suficiente para mostrar a relação íntima entre as espécies e a força da seleção quando aplicada dentro de uma população variada, sempre resta ao crítico da evolução dizer que estamos só mostrando a criação de variações e nunca de verdadeiras espécies. O erro do crítico é achar que existe alguma diferença essencial entre variedades e espécies. Como já foi dito, o próprio Darwin deixou claro que tal diferença não existe, criando assim as bases do chamado pensamento populacional. A idéia básica é que estas pequenas diferenças observáveis durante o período de vida de um homem podem aumentar muito se lhe for dado o tempo. Tal idéia convencionou-se chamar de Uniformitarianismo. Este diz que os mesmos processos que o homem observa estão atuantes quando este não observa, até mesmo quando o homem sequer existia. Nas palavras de Ridley:

Esse princípio não é peculiar à evolução. Ele é utilizado em toda geologia histórica. Quando a ação persistente da erosão de um rio é utilizada para explicar a escavação de desfiladeiros profundos, o princípio racional é, de novo, o uniformitarianismo (Ridley, 2006, p.77).

Um modo de demonstrar que a relação entre as mais diferentes espécies é, em linhas gerais, a mesma relação que se dá entre as duas espécies de gaivotas anel é através do estudo de fósseis. Os fósseis nos dão muitas evidências da

evolução. A principal delas é a gradualidade crescente da evolução<sup>11</sup>. Por crescente gradualidade queremos dizer que os seres mais simples costumam vir antes dos mais complexos e, nos raros casos onde é o oposto que acontece, é perfeitamente possível compreender este processo como uma simplificação de um ser que não necessitava mais da sua complexidade. De maneira mais intuitiva temos a famosa frase de Haldane de que deixaria de acreditar na evolução se alguém lhe mostrasse um coelho fóssil pré-cambriano (cf. Ridley, 2006, p.88). O motivo disso é que coelhos são mamíferos e não poderiam ter sido formados antes dos anfíbios e répteis.

Outra evidência fóssil da evolução são os estágios intermediários entre peixes e anfíbios e entre répteis e mamíferos. Nos dois casos as evidências fósseis são muito detalhadas e mostram claramente um número grande de formas transicionais entre elas. O surgimento dos mamíferos é, inclusive, “a mais bem-documentada de todas as principais transições na evolução” (Ridley, 2006, p.563). Esta é também uma das mais interessantes, pois era usada como argumento contrário a evolução. Acontece que uma diferença crucial entre mamíferos e répteis é que ossos que faziam parte da mandíbula dos répteis foram reduzidos de tamanho e passaram a fazer parte do ouvido dos mamíferos (passando a ser a bigorna e o martelo). A crítica óbvia a ser feita aqui é que um ser entre os répteis e os mamíferos não teria uma mandíbula funcional, já que as mandíbulas dos dois funcionam de maneira muito diferente. No entanto, foram encontrados fósseis dos chamados “répteis tipo mamíferos” que tinham as duas formas de articulação mandibular! Isso mostra como é possível passar de uma forma à outra sem que o intermediário seja não-funcional. Um caso semelhante mais recente de uma crítica à evolução que acabou virando um sucesso da mesma foi o da evolução dos cetáceos (mamíferos marinhos) relatada por Gould (cf. Gould, 1997, p.431 em diante).

---

<sup>11</sup> O Equilíbrio Pontuado de Gould será tratado no próximo capítulo, onde pretendemos mostrar que ele não é anti-gradualista.

### 2.3.4 Homologias e Analogias

Dentre as evidências mais comuns e mais conhecidas da evolução estão as homologias e as analogias. As homologias são estruturas semelhantes com funções algumas vezes bem diferentes em diversos animais. As analogias são também estruturas semelhantes, mas com a mesma função em animais bem diferentes. A homologia mais comum, e que também foi citada por Darwin, é a dos membros de todos os tetrápodes que são basicamente construídas através dos mesmos ossos (cf. Darwin, 2004, p.498). Nisto se incluem as patas das rãs, dos lagartos, dos mamíferos, incluindo braços e pernas dos homens, as asas dos morcegos, os membros dos cetáceos e até as asas das aves. Todas elas têm estruturas extremamente parecidas sendo construídas basicamente pelo mesmo modelo fundamental. O que isto indica é que todas têm um mesmo ancestral comum, a saber, o primeiro tetrápode que ainda vivia na água e usava seus quatro membros para nadar, como o *Acanthostega*, e só depois o utilizou para andar, como o *Ichthyostega*. Há ainda homologias mais ubíquas como o código genético que é basicamente o mesmo em todos os seres vivos indicando que todos têm uma origem comum. E há também homologias mais restritas como as encontradas entre os homens e os chimpanzés.

As homologias nos indicam que tais seres têm o mesmo ancestral comum, do contrário não há motivos para compreender porque suas estruturas são tão semelhantes. Isto fica ainda mais claro no caso de órgãos vestigiais, que são estruturas sem nenhuma utilidade conhecida e que só estão presentes por causa da ancestralidade comum. Este é o caso da pelve das baleias e dos pequenos membros traseiros de algumas cobras que não são utilizados para locomoção. No caso do homem temos o apêndice que parece ter como única “utilidade” fazer com que sofram quando temos crises de apendicite e o cóccix que parece ter como única “utilidade” quebrar quando caímos sentados.

Talvez o exemplo mais claro de uma homologia desnecessária seja o nervo laríngeo recorrente (cf. Ridley, 2006, p.310). Ele surgiu primeiro nos peixes e nele segue em uma rota direta do cérebro até a laringe passando pelo coração. Mas como todos os tetrápodes são descendentes deste mesmo peixe, eles têm o mesmo nervo seguindo a mesma rota. No caso da girafa isto chega ao absurdo: este nervo

sai do cérebro, desce por todo o seu pescoço, dá uma volta no coração e depois sobe o pescoço de novo até a laringe! Ela chega a ter 3 a 4,5 metros a mais de nervo do que de fato precisaria em uma rota direta (cf. Ridley, 2006, p.83). O nervo laríngeo recorrente é o que pode ser chamado de um caso clássico de um acidente histórico congelado. Não há nenhum motivo adaptativo relevante para ele ser assim, simplesmente aconteceu de sermos descendentes de um animal com uma certa configuração anatômica difícil de ser modificada.

Algo muito semelhante acontece com o cordão espermático dos mamíferos. Este, que sai dos testículos dos homens e se liga a uretra, poderia percorrer um caminho bem simples e direto, ao invés disso ele faz uma espécie de laço dando a volta no osso púbico. O motivo é que tanto os testículos quanto os ovários são descendentes diretos das gônadas dos peixes que ficavam localizadas perto do fígado. Por este motivo, durante o desenvolvimento embrionário do homem, os testículos têm que descer para o saco escrotal criando, assim, uma fraqueza na parede abdominal que é a causadora de hérnias. Em outras palavras, a resposta de por que os homens podem ter hérnia escrotal é porque somos parentes dos peixes!

Há ainda um caso em especial onde as homologias são constatadas de maneira mais marcante e também muito conhecido que é no estudo da embriologia. Este estudo nos mostra que as fases iniciais do desenvolvimento embriológico de seres superiores é muito semelhante ao desenvolvimento embriológico de seres dos quais ele descende. Algumas vezes tão semelhante que chega a ser difícil distinguir um embrião do outro. Além disso, algumas estruturas chegam a aparecer e depois desaparecer nos embriões, como, por exemplo, a cauda e as brânquias nos homens. São fases no desenvolvimento embrionário que parecem desnecessárias se não forem compreendidas à luz da evolução. Estas fases se mantêm lá simplesmente porque não existem grandes pressões evolutivas para que elas deixem de existir e, principalmente, porque há restrições no desenvolvimento embrionário dos seres que não permitem qualquer modificação. Tais restrições foram chamadas de canalizações e o seu próprio surgimento pode ser visto como uma adaptação evolutiva. O motivo é que o sistema embrionário é muito delicado dependendo de diversos fatores que atuam ao mesmo tempo, sendo que uma pequena mudança pode gerar uma grande “aberração” fenotípica. Por este motivo o ritmo de mudanças no desenvolvimento embrionário tende a ser

lento e normalmente se realiza nas fases finais, onde as mudanças têm uma possibilidade menor de serem catastróficas.

Além das homologias temos também as analogias. Nestes casos as semelhanças entre as diferentes espécies não é devida ao parentesco comum e sim a ocupação de um nicho semelhante. Espécies que têm um mesmo papel dentro de um eco-sistema tenderão a ter formas anatômicas semelhantes, mesmo tendo sido originadas de espécies completamente diferentes. A analogia se torna uma evidência da evolução ao mostrar um tipo de “repetibilidade” da evolução. É a evolução levando a um ponto semelhante dois seres com histórias iniciais diferentes. O exemplo mais simples que podemos pensar é o de dentes e/ou garras afiadas nos predadores. Existem diversos tipos de predadores, mas quase todos têm esta característica comum, mesmo os que estão longamente separados como tubarões, tiranossauros e tigres. O motivo para que seres tão diferentes desenvolvam estas mesmas características é bastante óbvio.

Muitos são os exemplos de analogia, Dawkins nos dá uma lista deles explicando um por um, são eles: peixes-elétricos e enguias elétricas, o lobo-da-tasmânia e o lobo, a toupeira e a “toupeira-marsupial”, formigas e cupins, o tamanduá e o *Myrmecobius*, etc (cf. Dawkins, 2001, p.149 em diante). Todos são exemplos de animais com origens diferentes, mas com adaptações semelhantes por ocuparem nichos semelhantes. Eles indicam justamente o poder da seleção natural para moldar a forma dos seres vivos em sua evolução.

Todas as evidências da evolução têm se multiplicado e muitas vitórias foram conquistadas, as principais ocorreram justamente quando algo que é agora uma evidência da evolução era antes uma “prova” de que ela não era possível. Mas a evolução biológica já está muito bem fundamentada para não mais se abalar quando surge uma “nova prova” dizendo que descobriu algum sistema irredutivelmente complexo que não poderia ser explicado pela seleção natural<sup>12</sup>. No entanto, o que nos interessa aqui são os tipos de provas necessárias para mostrar a existência de um verdadeiro processo evolutivo.

---

<sup>12</sup> Muitos já foram tais “sistemas irredutíveis” que se mostraram, com o tempo, plenamente redutíveis. O mais clássico é, sem dúvida, o olho, mas vários já foram propostos. Tal crítica existia antes mesmo do surgimento do darwinismo e vem sendo superada desde então. No entanto, os críticos levam sempre uma vantagem desonesta, pois é muito mais fácil apresentar um problema do que resolvê-lo. A resolução normalmente exige décadas de pesquisa e novas descobertas, enquanto este processo se desenrola os críticos têm seus “15 minutos de fama”. Michael Behe é o exemplo mais recente de tais tentativas fracassadas, que remontam ao reverendo Paley (1743 – 1805).

As analogias e homologias nos explicam os padrões do mundo orgânico através de explicações evolutivas, seja na permanência de um traço antigo, provando a ancestralidade comum, como no caso das homologias, seja no surgimento repetido do mesmo traço, mostrando a força da seleção, como no caso das analogias. Espécies-anel e a poliploidia nos mostram que não há uma real separação entre variações e “espécies verdadeiras”, mostrando a continuidade do mundo natural. A seleção artificial e inconsciente nos mostra o quão a seleção natural nos é próxima, exibindo como pequenas variações podem ser acumuladas. O uniformitarismo é o princípio que nos permite ir além das pequenas variações que observamos de fato e, junto com o registro fóssil, permite mostrar o longo caminho através de espécies intermediárias, e muitas vezes extintas, que tivemos que percorrer para chegar às espécies atuais.

## **2.4 Darwin contra Lamarck?**

No ensino do Darwinismo, convencionou-se contrapor a teoria de Darwin à de Lamarck. Lamarck seria o principal defensor da teoria da herança dos caracteres adquiridos. O exemplo clássico seria o da girafa: para Lamarck as girafas tinham os pescoços curtos e os esticavam para alcançar os galhos mais altos, neste processo ficaram com o pescoço mais longo e passaram esta sua característica adquirida aos seus descendentes. Já no darwinismo, características adquiridas não seriam passadas: as girafas já seriam variadas, umas com o pescoço mais longo e outras com o pescoço mais curto, as com pescoço mais longo foram selecionadas porque eram mais capazes de sobreviver e, deste modo, deixaram mais descendentes também de pescoço longo.

Este quadro, embora muito instrutivo, não é plenamente correto. Há o motivo histórico de que Darwin de fato acreditava na regra do “uso e desuso” de Lamarck, embora não considerasse este princípio como muito relevante na história da evolução (cf. Gould, 2003, p.373 & cf. Darwin, 2004, p.67). Freire-Maia chega até a dizer que “Darwin era Lamarckista” (1995, p.36). Esta é, com certeza, uma afirmação exagerada, mas pode ser compreendida como mais um

sintoma de Darwin por não ter desenvolvido uma boa teoria da hereditariedade, como veremos a seguir. Mas não é a visão histórica que nos interessa, e sim a “visão recebida”. Nesta, a oposição entre Darwin e Lamarck se deve principalmente à obra de August Weismann. Foi ele que demarcou uma forte separação entre a linhagem germinativa e a linhagem somática. A linhagem germinativa são as células sexuais, a linhagem somática são todas as outras células do corpo. Na reprodução, só a linhagem germinativa passa para os descendentes, por isso só as mudanças nestas linhagens são hereditárias. Esta separação criada por Weismann acabou sendo considerada como o “dogma central” do darwinismo.

Até onde sabemos, as considerações de Weismann continuam corretas, mas é preciso ressaltar alguns pontos importantes para saber até onde ela é correta e porque ela é correta. Uma primeira observação é que a separação entre linhagem germinativa e linhagem somática só faz verdadeiro sentido para a reprodução sexuada. Organismos unicelulares, por exemplo, que se reproduzem por divisão celular não podem ter suas duas linhagens separadas. Além disso, muitos organismos pluricelulares podem se multiplicar assexuadamente através da embriogênese somática. Este tipo de reprodução é até bastante comum nas plantas e nós o presenciamos todas as vezes em que quebramos um galho de uma planta para plantá-la em nosso quintal. Neste caso temos uma parte da linhagem somática de uma planta dando origem a uma nova planta. Mas é claro que neste caso as células germinativas desta nova planta seriam idênticas às células germinativas da planta original. Não teríamos, então, uma verdadeira herança de caracteres adquiridos. No entanto, tal hipótese não foi completamente descartada, Ridley nos apresenta o trabalho de Whitham e Slobodchikoff dizendo que:

[eles] argumentam que, em plantas, a seleção entre linhagens celulares permite que o indivíduo se adapte às condições locais mais rapidamente do que seria possível com a herança estritamente weismannista (Ridley, 2006, p.324).

Há, então, a possibilidade de uma herança não-weismannista não só em organismos unicelulares como também em pluricelulares. O que causaria isso seria uma melhor adaptabilidade ao meio, principalmente a um meio em estado de mudança<sup>13</sup>. No entanto, existem grandes dificuldades com a herança de caracteres

---

<sup>13</sup> Maynard-Smith também comenta sobre um estudo com implicações semelhantes (cf. 1993, p.3)

adquiridos e a principal delas é apontada claramente por Dawkins: a relação entre o genótipo e o fenótipo não é uma relação bi-condicional um-a-um. Para deixar mais claro, Dawkins nos fala sobre a diferença entre uma receita e uma planta baixa. A planta, como aquela feita por arquitetos, representa o original de maneira simples: cada parte da planta se refere a uma parte do original. Se quisermos, por exemplo, retirar uma janela do original, podemos simplesmente apagá-la da planta. Já a receita não tem esta relação com o seu produto final. É claro que, se mudarmos a receita, mudamos o produto, mas a relação aqui não é simples, não é possível modificar a receita de modo que o produto final seja um bolo com uma fatia a menos, por exemplo.

A relação entre o genótipo e o fenótipo é semelhante a relação entre uma receita e seu produto final. “Não existe um mapeamento ponto a ponto entre as partes do corpo e as partes do DNA” (Dennett, 1998, p.336). Por isso, uma mudança no fenótipo não pode ser facilmente transcrita no genótipo. Em outras palavras, a relação entre genótipo e fenótipo é uma relação de mão única que vai do genótipo para o fenótipo e não vice-versa. O mecanismo necessário para fazer esta viagem “na contramão” teria que ser muito complexo: o organismo teria que ser capaz de reconhecer em si mesmo quais são as boas modificações adquiridas, pois de outro modo seus filhos acabariam herdando cicatrizes, doenças, problemas de velhice etc. e teria também que saber exatamente em que parte do DNA ele deveria realizar suas modificações, e como deveria modificá-la para que seus descendentes já nasçam melhor adaptados.

Nem é preciso dizer que tal mecanismo seria muito complexo e é completamente desconhecido pela ciência. Mas dizer que ele seja desconhecido não é o mesmo que dizer que ele não exista e, mais ainda, não é o mesmo que dizer que ele não poderia existir. Nas palavras de Dawkins:

Isso não quer dizer que em parte nenhuma do universo poderia existir algum sistema de vida estranho no qual a embriologia fosse pré-formacionista, uma forma de vida que realmente se desenvolvesse segundo uma ‘planta genética’ e que de fato pudesse, portanto, herdar características adquiridas (Dawkins, 2001, p.434).

Podemos ir além de Dawkins e dizer que se tal ser vivo surgisse em nosso mundo ele muito provavelmente seria selecionado, pois seria capaz de se adaptar com muito mais rapidez do que os seres que dependem de variação já existentes e de mutações ao acaso. Ou seja, o lamarckismo poderia se tornar verdadeiro

através de um processo darwinista de seleção natural! Tal espécie lamarckista não refutaria o darwinismo. Cabe lembrar, inclusive, que o fenômeno da transcrição reversa aponta para esta possibilidade. Dentro do “dogma central da biologia” teríamos que o DNA é transcrito em RNA, mas não vice-versa. No entanto, os chamados retrovírus são capazes de “burlar” esta lei, pois transcrevem o seu RNA no DNA do seu hospedeiro que, a partir daí, passam a produzir novos vírus de DNA (cf. Futuyma, 2002, p.480). Seria um erro chamar este fenômeno de lamarckista, mas ele aponta para esta possibilidade dentro do nosso próprio mundo. Dito isso, fica claro que a seleção natural trabalha, em nosso mundo, com mutações de DNA surgidas ao acaso, mas isso não tem que ser obrigatoriamente assim. Ela poderia trabalhar perfeitamente bem com mutações direcionadas transcritas reversamente (cf. Sterelny & Griffiths, 1999, p.33).

Se este fosse o caso, poderíamos dizer que tal mundo funcionaria de uma maneira lamarckista-darwinista. Mas compreender isso só é possível se compreendermos que esta dicotomia entre Darwin e Lamarck não é uma verdadeira oposição e sim um modo didático de explicar que a seleção natural poderia funcionar de duas maneiras, mas só uma delas de fato acontece em nosso mundo.

Uma vez diluída esta oposição radical entre Darwin e Lamarck é comum ficar uma certa confusão do “que é, então, ser um darwinista?”, pois a teoria de Darwin parece ter sido construída em oposição a de Lamarck. No entanto, como já vimos ao separar, junto com Mayr, a teoria de Darwin em cinco teorias distintas, a crença que unia os primeiros darwinistas não era mesmo a evolução por seleção natural e sim a crença mais fundamental que os fenômenos do mundo orgânico deveriam ser explicados de maneira naturalista e sem *skyhooks*. É esta a crença que deve ser mantida como o elo fundamental entre todos os darwinistas.

Vemos então que as explicações de Darwin e Lamarck são duas explicações que podem existir, inclusive juntas, em um mesmo mundo, desde que não se refiram a um mesmo organismo. Um organismo lamarckista poderia até surgir e ser selecionado pela evolução darwinista. Por isso acusar um processo de lamarckista não é o mesmo que acusá-lo de anti-darwinista. Os processos são diferentes, as estruturas que cada um exige também são diferentes, mas um pode dar a origem ao outro e vice-versa. Existe uma separação entre os dois, mas não uma dicotomia.

## 2.5 Evolução Epigenética: um pouco mais além dos genes

Um dos desenvolvimentos mais interessantes na biologia contemporânea é o estudo das heranças não-genéticas. A herança memética claramente cabe neste grupo, mas só será tratada no quarto capítulo. Uma das pesquisadoras mais importantes deste campo, Eva Jablonka, nos fala de quatro tipos de hereditariedade: genética, epigenética, comportamental e simbólica. Ao frisar estes novos tipos de hereditariedade ela pretende criticar a visão “centrada nos genes” como a apresentada por Dawkins. Ela chega até a propor um retomada do Lamarckismo! Esta questão interna da biologia será tratada apenas tangencialmente aqui.

No entanto, como já vimos na seção anterior e veremos rapidamente nesta seção, a oposição entre o Lamarckismo e o Darwinismo não é tão grave quanto a que se apresenta na “visão recebida” da biologia. A própria Jablonka afirma que a teoria de Darwin “não está ligada a nenhum mecanismo particular de hereditariedade ou de causa da variação” (Jablonka & Lamb, 2005, p.16. Minha tradução). Além disso, vários são os significados do termo “lamarckismo”. Pode se falar do uso e desuso, da herança de caracteres adquiridos, do progressismo e do instrucionismo. Em um sentido que acabamos de comentar, mas que voltaremos a ver aqui, não é absurdo ser darwinista e lamarckista!

Há que se ressaltar também que um estudo mais detalhado da visão “centrada nos genes”, principalmente de Dawkins e Dennett, é, na verdade, uma visão “centrada nos replicadores”. De modo que, se algo é um replicador, seja ele genético, epigenético, comportamental ou simbólico, faz parte desta visão mais ampla. A grande inovação de Jablonka, então, não é questionar a importância do replicador, e sim qual é este replicador. Ela nos dá bons motivos para pensar na célula como replicadora, pois o DNA só pode se replicar através de estruturas celulares que também são herdadas dos pais. “O processo de desenvolvimento como um todo reconstrói-se a si mesmo geração após geração através de numerosos caminhos causais independentes” (Sterelny & Griffiths, 1999, p.95. Minha tradução)

Deste modo, veremos que muitas críticas propostas por Jablonka não são direcionadas a ninguém em específico, mas sim a uma visão confusa e de senso

comum, principalmente provinda da mídia, de qual seria o papel dos genes na evolução e no comando do comportamento. Sua argumentação contra esta visão dos genes como a única forma de hereditariedade se mostra correta. Uma brilhante defesa do darwinismo universal e algo que a memética muito lhe agradece!

Podemos ver isso claramente quando Jablonka diz que será crucial para os argumentos que se seguirão algo que só poderia ser chamado de darwinismo universal, embora ela não o nomeie assim:

Embora não estejamos defendendo isso, queremos deixar claro que é possível ser um excelente Darwinista sem acreditar na lei de Mendel, nos genes mutantes, nos códigos de DNA, ou em quaisquer dos demais dispositivos da biologia evolutiva moderna. É por isso que a teoria de Darwin pode ser, e é, tão amplamente aplicada, seja em aspectos da economia, da cultura, e daí por diante, bem como a evoluções biológicas (Jablonka & Lamb, 2005, p.12. Minha tradução).

Tal afirmação é o centro da teoria de Dawkins. Cabe, então, perguntar quais são as diferenças. Elas de fato existem, e muitas vezes são irreconciliáveis, mas elas, como veremos, não dizem respeito a abordagem mais ampla do darwinismo universal e que é justamente o que nos interessa aqui. Na verdade, são questões mais específicas de duas visões diferentes sobre a biologia. Dawkins não perde uma oportunidade de deixar claro que são os genes é que podem ser chamados de replicadores, mas Jablonka nos lembra que a informação genética só existe no meio celular, deste modo, “a habilidade de replicar-se não é uma propriedade do DNA, mas do sistema celular” (Jablonka & Lamb, 2005, 49. Minha tradução). Uma análise mais específica nos mostra que há sim uma clara discordância, mas de uma perspectiva geral, que nos interessa aqui, esta é só mais uma prova de que a evolução pode se dar seja lá com que replicador for.

Jablonka de fato nos traz evidências de processos que normalmente não seriam esperados dentro da “visão recebida” da evolução, pois mostram que “a geração de mutações e outros tipos de variação genética não é um processo totalmente desregulado” (Jablonka & Lamb, 2005, p.78. Minha tradução). Vários exemplos de mutações genéticas que não parecem obedecer a regra de que estas se dá completamente ao acaso são apresentadas.

Em primeiro lugar temos o que foi chamado de *Induced global mutation*. Sabe-se que populações diferentes da mesma espécie podem ter taxas de recombinação diferentes. Mas algumas espécies parecem ser capazes de aumentar a sua taxa de recombinação quando estão sob estresse, o que aumenta a chance do

surgimento de uma variação fenotípica útil. Experimentos de Barbara McClintock mostraram que eles fazem isso alterando o sistema que repara o DNA (cf. Jablonka & Lamb, 2005, p.88). Mas neste caso qualquer tipo de mutação pode surgir em qualquer lugar do genoma. É um caso de “tente de tudo, na esperança de que alguma coisa vai funcionar” (Jablonka & Lamb, 2005, p.93. Minha tradução). No entanto, este processo pode muito bem não ser uma adaptação, mas somente um mal funcionamento nas células justamente por estarem em um período de estresse.

Um outro processo é a *local hypermutation*, onde as mudanças são produzidas justamente no lugar onde são úteis. Por exemplo, a bactéria *Haemophilus influenzae*, que causa meningite, tem áreas dos seus genes que mudam muito frequentemente, conhecidas no jargão como *mutational hot spot*. A parte do genoma sujeita a muitas mudanças é a área que codifica as estruturas da superfície de tal bactéria. Como a superfície está sempre mudando ela, a linhagem, é claro, e não uma bactéria individual, se torna capaz de se proteger de defesas imunológicas e mudanças no ambiente (cf. Jablonka & Lamb, 2005, p.95). Um outro exemplo são genes que codificam o veneno de algumas lesmas e cobras. Com estas constantes mudanças elas evitam que presas e predadores criem imunidade ao seu veneno. No entanto estas mudanças estão sempre acontecendo, ou seja, não estão diretamente ligadas a fatores ambientais. São uma adaptação ao meio ambiente, mas mudanças neste meio não ocasionam mudanças no genoma.

Um processo mais intrigante é o chamado *Induced local mutations*. Neste caso há um aumento de 5 ou até 10 vezes na taxa de mutação de um local específico no genoma, sem afetar todo o genoma como no caso da *Induced global mutation*. Um exemplo é a *E. coli*. Muitas bactérias já têm normalmente um sistema para suportar a longa falta de suprimentos. Alguns genes normalmente ativos são desativados nestas situações e vice-versa. É um sistema de defesa que surgiu através da evolução por seleção natural darwinista. Dentre os genes que estavam desativados, e que se ativaram com a escassez, estão alguns que produzem certos aminoácidos importantes mas que as bactérias não conseguem mais encontrar no ambiente. No caso deste gene não funcionar direito, sua taxa de mutação, e só a sua, se torna elevada (cf. Jablonka & Lamb, 2005, p.98). Assim temos um aumento da taxa de mutação justamente onde ela é mais importante.

O último caso é o que ela chamou de *Induced regional mutations*. Não se sabe muito sobre este tipo e nem se este pode ser realmente diferenciado dos

precedentes, mas foi encontrado em organismos multicelulares. Neste caso, quando, por exemplo, a planta de mostarda *Brassica nigra* leva um choque térmico, ela perde algumas das muitas cópias de DNA que codificam o RNA dos ribossomos. Sabe-se que esta mudança é passada por gerações, mas não se sabe sequer se isto é uma adaptação.

Estes são os únicos processos “novos” sobre mutações genéticas que Jablonka comenta. Surge aqui o problema se estas mudanças podem ser consideradas Lamarckistas, e a resposta parece ser claramente que não. O problema fundamental aqui é exatamente o que devemos chamar de lamarckista. Dawkins, justamente quem ela deveria estar atacando, e que chegou a falar que “comeria seu chapéu” se o lamarckismo fosse provado verdade, nos diz:

Chamamos de Lamarckismo a teoria de que a linhagem de genes não é isolada, e que os aperfeiçoamentos ambientais impressos nela podem moldá-la diretamente (Dawkins, 1999, p.167. Minha tradução).

Os exemplos mostrados por Jablonka parecem de fato indicar que o genoma não está de todo insulado do seu meio ambiente, mas a verdadeira questão que torna um processo lamarckista é se estes melhoramentos genéticos foram dirigidos por este ambiente. Ou seja, não basta que o ambiente influencie a probabilidade de mutação, ele deve, de algum modo desconhecido, *instruir* esta mutação. Um gene deveria mudar diretamente para a maneira específica e necessária para um determinado ambiente para falarmos de lamarckismo. A própria Jablonka mostra que este não é o caso quando ao invés de dizer que tais mutações são dirigidas ela prefere dizer que são induzidas por fatores ambientais (cf. Jablonka & Lamb, 2005, p.7). Para que possamos chamar algo de lamarckista a relação entre os genes e as proteínas deve funcionar na direção inversa, ou seja, o surgimento de uma determinada proteína adaptativa deve dirigir os genes de modo que um novo gene para aquela proteína passe a fazer parte do genoma. Isto sim quebraria o que foi chamado de Dogma Central da Biologia. Todos estes processos apresentados por ela são perfeitamente naturais e não indicam uma mutação dirigida específica de modo que se faça o caminho inverso.

Jablonka concorda que tal inversão não acontece, mas permanece trazendo à tona o termo “lamarckismo” somente porque mudou seu significado para: pessoas que acreditam que mudanças adaptativas podem ser geradas por “palpites

inteligentes em resposta às condições de vida” (Jablonka & Lamb, 2005, p.361. Minha tradução). Mas é claro que aí todo o problema está em quão inteligentes estes palpites são! Palpites muito inteligentes são mudanças direcionadas e, deste modo, plenamente lamarckistas no sentido que usamos aqui. Já palpites muito pouco inteligentes são palpites aleatórios e fazem parte da “ortodoxia darwinista”. Entre estes dois extremos encontramos Jablonka.

Mas além da questão do lamarckismo, há também o problema da refutação do “centrismo do gene” que Jablonka começa a apresentar ao falar das formas de herança celulares, mas não genéticas, ou seja, da interessante herança epigenética. Sabe-se que muitas das diferenças fenotípicas não são genéticas. As células do nosso corpo, por exemplo, têm em sua maioria os mesmos cromossomos, mas mesmo assim contamos com diferentes grupos celulares especializados. São as mudanças epigenéticas que dão conta desta capacidade. A mula e o jumento, por exemplo, são geneticamente idênticos, mas fenotipicamente muito diferentes (cf. Jablonka & Lamb, 2005, p.139). O que vem sendo descoberto recentemente é que existe também uma herança epigenética que pode servir para evolução e seleção natural. Aqui também são quatro os tipos de herança epigenética que Jablonka distingue.

Existe o chamado *Self-sustaining feedback loops* que existe em todas as formas de vida já estudadas e é bem simples: se uma certa proteína ativa um determinado gene, o produto deste gene pode funcionar como regulador deste mesmo gene, ou seja, pode continuar garantindo que tal gene permaneça ativo. Na divisão celular, se as células filhas mantiverem um alto nível de proteína provindo da célula mãe, elas também terão, por este motivo, o seu mesmo gene ativado. “As células filhas podem herdar padrões de atividade dos genes presentes na célula mãe” (Jablonka & Lamb, 2005, p.119. Minha tradução). É um processo que se sustenta e é passado de geração em geração porque quando a célula se divide as células filhas recebem não só o DNA, mas outras estruturas e proteínas que faziam parte da célula mãe. É um processo simples, com só duas variações: ativo ou não, mas que já mostra algo que uma célula recebe da outra e que não depende só dos genes. Deste modo, por exemplo, uma célula do fígado que se reproduza origina duas outras células do fígado, pois mantém ativa as regiões do genoma que codificam as estruturas necessárias.

Um outro caso mais interessante é a *Architetural memories*. Neste caso uma versão alternativa de uma estrutura celular é herdada porque estruturas guiam o processo de construção de estruturas semelhantes nas células filhas (cf. Jablonka & Lamb, 2005, p.121). Um dos casos mais conhecidos é dos cílios do *Paramecium*. Cílios são apêndices parecidos com cabelos que, no caso do *Paramecium*, envolvem a célula e funcionam, dentre outras coisas, para a locomoção. Tais cílios têm um padrão de movimento que pode variar entre diferentes *Paramecium*, e tal padrão de comportamento é herdado. Se uma mudança neste padrão for induzida, ela será herdada pelos seus descendentes.

Há também a *memória cromossômica*, sendo que seu principal exemplo é a chamada metilação. O DNA é enrolado em cromossomos e, como era de se esperar, o modo como ele é compactado, o quão denso e acessível cada parte dele é, influencia em quais genes serão ativados. Mais interessante ainda, a metilação pode influenciar a probabilidade de um gene sofrer mutação (cf. Jablonka & Lamb, 2005, p.247). Entender o funcionamento deste processo é uma das grandes chaves para entender o desenvolvimento embrionário e celular. No caso da metilação, pequenos grupos de metil (CH<sub>3</sub>) ficam diretamente ligados às bases de nucleotídeos. Normalmente, quanto mais metilada for um gene, menor a probabilidade dele ser transcrito em uma proteína. De alguma maneira ainda não muito bem conhecida, a metilação parece impedir a transcrição. Mas o mais interessante é que “os padrões de metilação podem ser reproduzidos (ao menos nos vertebrados e nas plantas) porque eles pegam carona na replicação semiconservativa do DNA” (Jablonka & Lamb, 2005, p.129. Minha tradução). E assim como a replicação genética pode sofrer mutações, a cópia da metilação também pode variar, mas como no caso do DNA, há também um sistema para corrigir tais erros.

O último processo apresentado por Jablonka foi chamado de *RNA Interference*. Um processo ainda bastante desconhecido onde tais RNAs silenciam determinados genes e são capazes até de mudar a metilação de certos genes, tornando-os ainda mais difíceis de serem transcritos. Mas talvez a sua principal característica é que ele não é só passado para as células filhas, ele pode migrar dentro do corpo, sendo capaz até de passar por diferentes tipos de células. Capacidades como estas levantaram a hipótese de que eles poderiam trabalhar como um sistema imune celular (cf. Jablonka & Lamb, 2005, p.135). Mas o mais

importante para o que está sendo tratado aqui é que ele é uma forma de herança celular não genética, ou seja, uma herança epigenética.

Dawkins aceita a existência de informação epigenética, mas diz que, a rigor, as estruturas celulares são codificadas também no DNA. Ou seja, o DNA estaria na origem destas estruturas. Jablonka chega a concordar abertamente com isso (cf. Jablonka & Lamb, 2005, p.110), mas ressalta que sistemas adicionais de herança, mesmo que tenham como base fundamental o sistema genético, permitem que um tipo diferente de informação, não-genético, seja transmitido.

É importante notar que as variações epigenéticas também causam efeitos fenotípicos que podem ser ou não adaptativos, ou seja, pode existir um processo evolutivo de seleção de variações sem nunca ter ocorrido nenhuma mudança genética. Além disso, as variações epigenéticas surgem em uma taxa maior do que as genéticas, podendo várias mudanças ocorrer ao mesmo tempo. E, talvez mais relevante, por estarem em contato direto com o ambiente e às vezes dependerem diretamente de fatores ambientais, como a presença ou não de uma determinada substância, tais mudanças “provavelmente ocorrem preferencialmente em genes induzidos a se tornarem ativos por condições novas” (Jablonka & Lamb, 2005, p.144. Minha tradução), aumentando, assim, a chance de uma variação benéfica. O que, por sua vez aumenta a velocidade da evolução não só aumentando a taxa de mutação como também diminuindo a probabilidade de mutações deletérias.

## 2.6

### Mendel contra Darwin?

Uma outra questão importante, não só para a história da biologia, mas para uma melhor compreensão do darwinismo, é a conturbada relação entre a seleção natural e as teorias da hereditariedade que durou praticamente desde o lançamento da *Origem das Espécies* até aproximadamente 1920, 1930. Ao lançar seu grande livro, Darwin sabia que uma das faltas mais graves que cometera era a falta de uma hipótese adequada da hereditariedade. Ele chegou até a comentar que “as leis que regulam a hereditariedade são geralmente desconhecidas” (Darwin, 2004, p.29). Logo antes deste comentário fez uma espécie de análise probabilística da

hereditariedade dizendo que, dado os fatos, a probabilidade nos força a aceitar a existência da hereditariedade mesmo que ainda não conheçamos as suas leis, ou seja, utiliza o argumento já apresentado da herdabilidade que diz que se os filhos se parecem mais com os pais do que com a média da população, então algo é herdável.

Curiosamente por volta desta mesma época Mendel publica o seu famoso artigo sobre as ervilhas que, alguns anos mais tarde, fundaria o que hoje chamamos de genética. Não sabemos ao certo se Darwin chegou a conhecer o trabalho de Mendel, mas Mendel conhecia o trabalho de Darwin, tendo lido a *Origem*, e aceitado a teoria da evolução por seleção natural (cf. Freire-Maia, 1995, p.33). Sabe-se que o trabalho de Mendel, apresentado em 1865, não teve muito destaque. É comum ouvir que ele só foi citado doze vezes até o ano de 1900! Sabe-se também que Mendel mandou seu trabalho para várias pessoas, mas aparentemente não incluiu Darwin na sua lista. Sem uma boa teoria da hereditariedade Darwin recorreu ao que ele mesmo chamava de “teoria provisória da pangênese”, em suas próprias palavras:

Segundo esta hipótese, toda unidade ou célula do corpo emite gêmulas ou átomos subdesenvolvidos que se transmitem à prole de ambos os sexos e se multiplicam por autodivisão. Esses átomos podem permanecer subdesenvolvidos durante os primeiros anos de vida ou durante sucessivas gerações e o seu desenvolvimento em unidades ou células, semelhantes àquelas das quais derivam, depende da sua afinidade e união com outras unidades ou células anteriormente desenvolvidas na devida ordem do crescimento (Darwin, 2002, p.271)

As gêmulas, então, seriam criadas em todas as células do corpo e, através do sangue se dirigiriam para as células sexuais e se fixariam ali. Na fecundação haveria uma espécie de mistura entre as gêmulas dos progenitores e, no desenvolvimento do indivíduo elas se manifestariam nas células semelhantes às células das quais se originaram. Esta explicação de Darwin para a hereditariedade é tipicamente uma explicação para a herança de caracteres adquiridos. As gêmulas poderiam mudar na medida em que suas células somáticas mudassem. Como acabamos de ver, esta separação entre a hipótese de Darwin e de Lamarck não pode ser feita com muito rigor e a teoria da pangênese mostra isso com clareza. No entanto, o que nos interessa aqui é que a teoria da pangênese é uma teoria da mistura, uma teoria que é, inclusive, bastante aceitável na falta de um conhecimento das leis mendelianas da hereditariedade.

A razão para que as teorias da mistura sejam aceitáveis é que “de fato, os fenótipos de mães e pais reais frequentemente se misturam na prole” (Ridley, 2006, p.62). No entanto, o que Mendel descobriu é que a mistura dos fenótipos não implica na mistura dos genes. Os genes podem agir como unidades discretas, mas ter o seu efeito de maneira contínua. Existem, é claro, genes discretos para efeitos discretos, como genes para a presença ou ausência de uma estrutura qualquer. No entanto, quando muitos genes influenciam um único traço fenotípico, conhecido pelo nome de poligenia, o caráter influenciado vai variar de maneira contínua. Isto fica ainda mais evidente se tal caráter tiver ainda um forte fator ambiental, como por exemplo, a nutrição do indivíduo ou a exposição ao sol. O exemplo mais comum de um caráter que é influenciado geneticamente e tem uma variação contínua é a altura e também a cor da pele (cf. Maynard-Smith, 1993, p.67).

No entanto, por mais razoável que seja acreditar em uma teoria da mistura dada as evidências fenotípicas, tal teoria é extremamente nociva ao Darwinismo. Já na época de Darwin, o engenheiro escocês Fleeming Jenkin apresentou uma crítica importante contra a teoria da hereditariedade por mistura que praticamente mostrava que a evolução por seleção natural não poderia ocorrer deste modo. O motivo é simples: se a hereditariedade se dá deste modo, qualquer caractere tende a se diluir em uma população. Jenkin realmente mostrou que se a hereditariedade se desse por mistura, então o darwinismo poderia ser considerado como refutado.

Para deixar este argumento mais claro, podemos imaginar uma população feita de frascos de tinta preta. Surge, então, uma variação que consiste em um indivíduo de tinta branca. No primeiro cruzamento entre este indivíduo branco e algum outro preto a prole teria um tom de cinza. Mas já no primeiro cruzamento deste novo indivíduo cinza com outro preto, o cinza se tornaria escuro e assim por diante até que a população toda chegasse em um cinza tão escuro que seria quase indistinguível do preto. Ou seja, a mistura tende para a homogeneidade da população (cf. Dawkins, 2005, p.125). A seleção natural não teria como selecionar um traço que se misturasse com outro qualquer. Em oposição a isso, a teoria mendeliana seria como se existissem cápsulas de tinta preta e branca: as cápsulas se misturariam, mas cada uma delas permaneceria da mesma cor. Só neste segundo caso a seleção natural poderia escolher qual cápsula estaria melhor adaptada.

Embora esta seja uma crítica importante à teoria de Darwin, a própria observação da natureza deveria mostrar que esta homogeneização não acontece de fato. Os fenótipos se misturam, mas não a ponto de criar esta uniformidade da qual falava Jenkin. Tal uniformidade deveria acabar com todo o tipo de variação, e a variação dentro e fora das espécies é justamente uma das constatações fundamentais de Darwin! A teoria “provisória” da pangênese acabou se mostrando bastante durável, pois um outro fato muito curioso da história das idéias evolucionistas é que mesmo com a redescoberta de Mendel ainda tivemos que esperar cerca de 20 anos até que a genética mendeliana fosse unida à evolução darwinista.

O trabalho de Mendel foi redescoberto, aproximadamente no mesmo ano, a saber, 1900, por um pequeno grupo de biólogos, dentre os quais se destacava Hugo de Vries. Seria de se esperar, para quem se acostumou com a “visão recebida” do darwinismo, que tal redescoberta viesse com um fôlego de ar fresco, mas este não foi o caso. A interpretação comum do darwinismo feita na época é que ele estava comprometido com traços que variavam continuamente. Tal fato provavelmente se devia ao exposto gradualismo de Darwin. Mas a genética mendeliana mostrava uma típica variação discreta dos caracteres. Para os primeiros mendelianos como de Vries e William Bateson, este fato mostrava que a evolução operava através de saltos, o que significava que o lento gradualismo de Darwin estava errado. Os primeiros mendelianos se declaravam anti-darwinistas e diziam ter refutado o darwinismo (cf. Sterelny & Griffiths, 1999, p.31)! Nas palavras de Futuyma:

No começo do século vinte, a teoria da mudança evolutiva de Darwin estava em seu ocaso; ela era rejeitada não somente pelos geneticistas mendelianos, mas também por muitos paleontólogos que esposavam teorias ‘ortogenéticas’, ou direcionais (...) (Futuyma, 2002, p.10).

No início do séc. XX, por causa do saltacionismo de De Vries e outros, a teoria da evolução era frequentemente declarada morta. Tal discussão só foi resolvida entre as décadas de 20 e 30 por J.B.S. Haldane, S. Wright e R.A. Fisher. Foi Fisher que, unindo as duas teorias, mostrou como a evolução pode ser compreendida através de pequenas mudanças genéticas. Já tivemos a oportunidade aqui de mostrar a idéia fundamental de Fisher através da analogia com um microscópio que se está querendo corrigir o foco (capítulo 2). Não muito

tempo depois, na década de 40, uma nova síntese ocorreu. Esta uniu a síntese chamada por Mayr de fisheriana, que uniu Mendel e Darwin, mas utilizando ainda exemplos simples e restritos e sem ser capaz de lidar com a macroevolução e com a origem da biodiversidade, com uma teoria mais geral da evolução em grande escala proposta, principalmente, por T. Dobzhansky, J. Huxley e pelo próprio Mayr, entre outros (cf. Mayr, 2005, p.140).

Esta segunda síntese foi chamada de Síntese Moderna, nome dado pelo próprio Julian Huxley. Hoje é comum chamá-la também de neodarwinismo ou síntese evolutiva. Embora Mayr faça questão de separar esta síntese da síntese anterior, a visão recebida costuma tratar as duas como sendo uma síntese só que uniu a microevolução entendida sobre a ótica de genética com a macroevolução capaz de explicar a biodiversidade e a especiação. Esta grande união de micro com macro formando um conjunto só é a principal responsável pelo que chamamos aqui de “visão recebida” do darwinismo.

## 2.7

**“Uma vez tendo galgado a escada mendeliana, é preciso jogá-la fora”?** (Dennett, 1998, p.61)

A união da genética mendeliana com a evolução por seleção natural foi uma grande conquista para o darwinismo, mas mais recentemente as perspectivas trazidas por Mendel têm sido consideradas como muito simplistas ou até mesmo erradas. Os problemas na genética mendeliana começaram logo no seu conceito mais fundamental, a saber, o conceito de gene, e é principalmente dele que trataremos aqui. Como vimos, a união final entre a genética e a macroevolução se deu na década de 40. Não muito tempo depois, em 1953, Watson e Crick desvendaram a estrutura molecular do DNA e logo o DNA passou a ser identificado com o gene mendeliano. Antes que esta identificação fosse feita, os quatro nucleotídeos, adenina (A), citosina (C), timina (T) e guanina (G), eram considerados não como o próprio gene e sim como uma sequência repetitiva que servia somente de esqueleto para os genes, estes seriam, no caso, constituídos por proteínas (cf. Maynard-Smith, 1993, p.70).

Uma vez que o DNA foi codificado e identificado com gene, a genética pôde se desenvolver plenamente. Descobriu-se que os nucleotídeos se unem em trincas, chamadas de códon, sendo que cada trinca codifica um aminoácido, com exceção de três trincas que funcionam como uma espécie de pontuação do DNA, marcando um sinal de parada (UAA, UAG, UGA<sup>14</sup>). Como esta codificação é realizada através do RNA e dos ribossomos não é importante aqui. O importante é que estes quatro nucleotídeos podem se unir em 64 trincas diferentes. Como existem 20 aminoácidos distintos que eles codificam, então o código genético permite com que trincas diferentes codifiquem o mesmo aminoácido. Normalmente é o terceiro nucleotídeo da trinca que pode ser mudado sem que se mude o aminoácido. A Valina, por exemplo, pode ser codificada por GUU, GUC, GUA ou GUG. Estes vários aminoácidos codificados pelas várias trincas de um gene se unem e formam uma proteína com uma estrutura tridimensional específica. É esta particular característica estereoespecífica que é importante para determinar a função de uma dada proteína.

No entanto, a relação entre os aminoácidos e o DNA não é tão simples como parece. Como já foi dito, cerca de 95% do material genético humano, por exemplo, não codifica nenhuma proteína e este DNA não codificador muitas vezes está “embaralhado” no meio do próprio DNA codificador. A parte não codificadora que é descartada na leitura do DNA é chamada de *intron*, já as partes que são separadas para serem lidas e traduzidas em RNA são chamadas de *exons*. Os *introns* são muitas vezes longas seqüências de DNA repetitivo e “sem sentido”. Só este pequeno detalhe já seria suficiente para mostrar que a relação entre um pedaço do cromossomo e uma proteína que é decodificada por ele é muito mais complexa do que parece ser a primeira vista. Mas esta relação ainda se torna mais complicada.

Se quisermos identificar um gene com uma parte física de um cromossomo, como uma seqüência de nucleotídeos entre o sinal de início e um sinal de parada que codifica uma proteína, teremos que identificar o gene com o que é chamado de *cistron*. Esta identificação é muito comum, mas não é tão imediata e óbvia quanto parece, pois “genes são muito complexos e extremamente difíceis de serem definidos” (Futuyma, 2002, p.50). Dawkins segue a definição de Williams

---

<sup>14</sup> A letra U se refere ao Uracil, pois quando o DNA é transcrito para o RNA, o nucleotídeo Timina é trocado pelo Uracil.

para quem o gene é melhor compreendido como um pacote de informação, nas palavras de Williams:

O DNA é o meio, e não a mensagem. Um gene não é uma molécula de DNA; é a informação passível de ser transcrita, codificada pela molécula ... o gene é um pacote de informação, não um objeto (Williams, 1992, 11. in: Sterelny & Griffiths, 1999, p.100. Minha tradução).

Esta definição de gene como um pacote de informação e não como um pedaço específico de DNA, um *cistron*, visa deixar o conceito de gene mais adequado ao estudo da evolução. Tratar o gene como um *cistron* pode ser muito útil quando estamos falando da relação entre um indivíduo específico e o seu genótipo. Neste caso podemos considerar um certo *cistron* fisicamente reconhecido nele como um gene específico. Mas ao tratar da evolução esta relação fica mais confusa. Falamos de um gene que se espalha por uma população através de inúmeras gerações por um período de milhares ou até milhões de anos. Considerar que neste caso um gene pode ser identificado com um *cistron* seria errado. Aqui não é uma cadeia física de DNA que interessa e sim as suas múltiplas cópias que se espalham pela população. Nas palavras de Dawkins:

A vida de uma molécula física qualquer de DNA é bastante curta – talvez uma questão de meses, certamente não mais que a duração de uma vida. Mas, teoricamente, uma molécula de DNA poderia viver sob a forma de *cópias* de si mesmas por cem milhões de anos. (Dawkins, 2001, p.57)

Podemos deixar a separação entre gene e *cistron* mais clara com um simples experimento de pensamento: se algum indivíduo qualquer conseguisse traduzir seus genes para um outro tipo de portador que não fosse o DNA, ele ainda poderia ser considerado como tendo os mesmos genes, pois carregaria a mesma informação. O *cistron* pode ser quem carrega a informação, mas o gene não é o *cistron* físico e sim a informação que ele carrega (cf. Dawkins, 1996, p.29)<sup>15</sup>. “O que importa é a informação do gene, não sua continuidade física” (Ridley, 2006, p.335). Como já foi dito, em outras áreas da biologia não há grandes problemas em identificar o gene com o *cistron*. Este tipo de problema conceitual é comum na biologia: vários conceitos são usados de maneiras diferentes dependendo da área da biologia como, por exemplo, o conceito de espécie.

<sup>15</sup> Deve-se ressaltar que Maynard-Smith está correto ao dizer que o conceito de informação usado na biologia não está claramente definido (1993, p.79)

Mas mesmo se o gene fosse identificado com um pedaço físico de um cromossomo ainda teríamos muitos problemas, pois a relação entre uma sequência de DNA e o seu efeito fenotípico não é um-para-um e sim muitos-para-muitos. A relação “um gene uma proteína” está errada de duas formas: algumas proteínas são codificadas por mais de um gene. Um caso típico é a hemoglobina que é montada por quatro genes. Neste caso, temos uma relação muitos-um. Mas há também o caso mais contraintuitivo de um gene só capaz de montar proteínas diferentes. Isto é possível através do processo de junção (*splicing*) alternativa. Neste caso, o mesmo gene, agora considerado como um pedaço físico do cromossomo, pode ser lido de mais de uma maneira criando, assim, a relação um-muitos. O que acontece é algo que pode ser chamado de “mistura de *exons*”. “Muitas vezes um transcrito de RNA é emendado de formas variadas, produzindo diferentes mensageiros, e em última análise, proteínas diferentes” (Futuyma, 2002, p.51). Um caso conhecido é o do gene *slo*, que é muito importante para a montagem dos pêlos do nosso sistema sensorio acústico. Pêlos com graus de sensibilidade diferentes são codificados pelo mesmo gene lido de várias maneiras diferentes (cf. Ridley, 2006, p.48). Um caso ainda mais intrigante nos é relatado por Dawkins quando ele nos fala de um vírus de RNA:

Há um ‘quadro’ que se move ao longo da sequência do RNA, lendo três letras de cada vez. É óbvio que, sob condições normais, se o quadro começa a ser lido no lugar errado (como na chamada mutação *frameshift*), a leitura fica totalmente sem sentido: os grupos de três que são lidos se mostram em desacordo com aqueles que são significativos. Mas esses vírus brilhantes efetivamente exploram a leitura com deslocamento de quadro. Eles obtêm duas mensagens pelo preço de uma, embutindo uma mensagem inteiramente diferente na mesma série de letras quando esta é lida com deslocamento de quadro. Em princípio poderiam ser obtidas até três mensagens pelo custo de uma, embora eu não conheça nenhum exemplo disso (Dawkins, 2005, p.180)

Vemos então o exemplo mais claro de relação um-gene-muitas-leituras. Estes vírus seriam capazes de algo tão espantoso quanto escrever duas frases distintas não só utilizando as mesmas letras, mas as utilizando também na mesma sequência espacial mudando só o ponto onde a frase começa a ser lida. Todas estas considerações, somadas a outras que não serão tratadas aqui, nos levam a questionar se seria possível reduzir a antiga genética mendeliana que trata principalmente de diferenças fenotípicas explicadas através de experimentos de procriação, à genética molecular, capaz de compreender em detalhes a estrutura

molecular do DNA e o seu funcionamento. A questão está em aberto e suas respostas variam desde que será possível realizar esta redução no futuro até a resposta de que genes, no sentido mendeliano, não existem e por isso devem ser abandonados (cf. Sterelny & Griffiths, 1999, p.36). Alguns biólogos consideraram que precisaríamos de mais uma síntese entre a teoria da evolução e as novas descobertas da biologia molecular, mas outros foram mais longe, considerando que a biologia molecular, com tudo de novo que aprendemos sobre o funcionamento dos genes, teriam refutado o darwinismo, pois este se baseava em uma genética mendeliana (cf. Mayr, 2006, p.149). Mas cabe lembrar que o surgimento da genética mendeliana também foi considerado como refutador do darwinismo (seção 2.6).

Os detalhes desta discussão são muito específicos e não nos interessam aqui. O importante é ter em mente que ao contrário do que nos é indicado pela “visão recebida” da biologia, o próprio conceito de gene e, principalmente, de gene como sendo identificado com um pedaço de DNA que codifica uma proteína é, para dizer o mínimo, inútil para uma boa parte da biologia. A própria genética, que leva o seu nome, pode, no futuro, descartá-lo, embora isso seja improvável. Mas a clássica relação “um gene para uma proteína” esta sim já foi descartada por uma relação muito mais complexa “muitos para muitos”.

## **2.8 Evo-Devo**

Há ainda um último complicador que não diz respeito exatamente à relação entre um gene e uma proteína e sim sobre a relação entre os genes e seus traços fenotípicos. Acontece que os avanços da chamada biologia evolutiva do desenvolvimento, ou evo-devo, nos mostraram que diferenças fenotípicas podem não ter sua origem em diferenças nos genes e sim em diferenças no momento e no local do desenvolvimento embriológico onde os genes foram ativados. Historicamente a evo-devo foi muito desacreditada por causa da chamada lei da recapitulação de Haeckel: que a ontogenia recapitulava a filogenia. O erro desta teoria estava em achar que a embriologia seria uma recapitulação dos estágios

adultos dos ancestrais do indivíduo em questão (cf. Maynard-Smith, 1993, p.311).

Até Darwin parece ter caído neste erro, como vemos na seguinte passagem:

Agassiz e muitos outros eminentes juízes insistem no fato de que os animais antigos se parecem, até certo ponto, com os embriões dos animais atuais de mesma classe; insistem também sobre o paralelismo existente entre a sucessão geológica das formas extintas e o desenvolvimento embrionário das formas atuais. Esta forma de analisar está muito bem de acordo com a minha teoria (Darwin, 2004, p.375).

No entanto esta lei está errada, não há recapitulação das formas adultas ancestrais, o que acontece é que as formas embrionárias atuais conservaram traços das formas embrionárias de seus ancestrais, e não traços dos ancestrais adultos. O que a nova versão da evo-devo descobriu é que o processo embrionário não depende só dos genes existentes mas também da “ativação e desativação de determinados genes em diferentes momentos e posições ao longo da embriogênese” (Carroll, 2006, p.19). Como estes “interruptores” não são considerados como genes, então podemos dizer que o processo embrionário, e conseqüentemente o fenótipo que resultará dele, depende muito menos dos genes do que normalmente se considera (cf. Carroll, 2006, p.108), como vimos no caso da evolução epigenética (seção 2.5).

Em pouquíssimas palavras, a evo-devo nos mostra como estruturas muito diferentes podem ser literalmente criadas com os mesmos genes. A idéia que se encontra por detrás desta teoria é que muitas das mudanças evolutivas podem ser compreendidas em termos de modularidade, repetições e variações quantitativas das mesmas estruturas. Compare, por exemplo, um cão e uma cobra. São duas espécies muito diferentes, mas se pensarmos em termos da evo-devo, elas se mostram muito mais parecidas do que intuitivamente imaginamos. Se fizermos algumas mudanças quantitativas as semelhanças entre estas espécies começam a aparecer. Imaginemos o seguinte: diminuamos mentalmente o tamanho do cachorro ao mesmo tempo em que alongamos o seu corpo. Multipliquemos, então, o número de vértebras do cachorro. Agora tiremos as patas e os pêlos, no lugar dos pêlos coloquemos as escamas que são basicamente construídas com a mesma substância das unhas do cachorro. O animal que assim criamos mentalmente certamente não é uma cobra, mas agora já está muito semelhante a uma e fizemos tudo isso com variações quantitativas das estruturas do cachorro. Prosseguindo com este experimento poderíamos torná-los ainda mais parecidos. Usando as

mesmas estruturas básicas de um cão chegamos a um ser que se assemelha a uma cobra. Esta é a idéia de modularidade, repetição e variação quantitativa que se encontra na evo-devo. Vendo os animais pelo ponto de vista da evo-devo, começamos a perceber que muitas espécies distintas podem ser compreendidas como modificações diferentes da mesma coisa.

Podemos começar a pensar em determinados grupos – insetos, aranhas e lacraias, ou aves, mamíferos e répteis, assim como seus parentes fósseis há muito extintos – não tanto como singularidades, mas como variações de um tema comum (Carroll, 2006, p.150).

Isto acontece porque muitas vezes estruturas completamente diferentes são construídas literalmente com os mesmos genes. A única coisa que os diferencia é o momento em que estes genes entrarão em ação no processo embrionário e a localização onde este efeito surgirá.

Animais completamente diferentes não somente eram construídos com os mesmos tipos de ferramentas, mas eram construídos com os mesmos genes! (Carroll, 2006, p.67).

Curiosamente Darwin estava mais certo do que ele mesmo imaginava quando repetia que “a natureza é pródiga em variedades, mas avara em inovações” (Darwin, 2004, p.201). Para deixar esta idéia ainda mais clara podemos utilizar a metáfora criada por Dawkins que nos fala da diferença entre macromutações “Boeing 747” e “Stretched dc8” (Dawkins, 2001, p.344). Macromutações do tipo “Boeing 747” são macromutações que se dão ao acaso. Aqui ele faz menção à crítica de Fred Hoyle que afirmava que a criação de estruturas complexas, como o olho, através da evolução por seleção natural é tão improvável quanto um furacão passar por um ferro-velho e montar um Boeing 747 por acaso. Ou seja, é tão improvável que pode ser considerado impossível.

Contra esta visão errônea da evolução, Dawkins propõe outra mais cabível e mais adequada: é a da macromutação “Stretched dc8” que, como o nome nos indica, é só um avião dc8 comum que foi alongado. A diferença entre estes dois tipos de mutações é que a do dc8 é muito mais razoável. O Stretched dc8 segue basicamente a mesma estrutura do dc8, só que alongada. Seria necessária só uma mutação que diga “alongue tudo”, ao contrário da imensa quantidade de mutações necessárias para criar um Boeing 747 do nada. O tipo de mutação “Stretched dc8”

é o que explica o já comentado efeito catraca (seção 2.1): a evolução não tem que construir o Stretched dc8 do nada, ela o constrói a partir do dc8. Ao fazer um novo avião a “catraca” evita que o que já tinha sido feito seja perdido, ela retém os passos que já tomou. Acreditar que a evolução se dá por mutações tipo “Boeing 747” é justamente o erro que se origina por não compreender o papel “catraca” da evolução. A evolução não se dá ao acaso como sugerido por Hoyle, ela não tem que desenvolver tudo do zero, apenas “melhora” o já existente.

Neste caso específico, Dawkins está falando sobre macromutações, mas isso não é relevante aqui, o ponto é que as mudanças evolutivas não são invenções novas que deram certo do tipo “Boeing 747” e sim a reutilização da mesma invenção antiga com alguma mudança na regra de sua construção do tipo “Stretched dc8”. É este tipo de fenômeno que a evo-devo nos mostra com clareza e, ao fazer isso, nos mostra que o papel dos genes na construção dos fenótipos pode ter sido superdimensionado. Deste modo, a definição comum do que é um gene e de qual é o seu papel tem sido abalada pelas novas descobertas tanto da evo-devo quanto da genética molecular. Os genes mendelianos “construtores de fenótipos” passam a ser considerados mais como uma simplificação abstrata de nível superior do que propriamente uma estrutura física da célula.

## **2.9 Diversidade e Variação**

Como já foi dito, uma visão comum da natureza é a de que há pouca variação entre as espécies (seção 2.1). Aceita-se que grande parte desta variação está entre uma espécie e outra. É claro que existe uma grande variação e uma grande diversidade de espécies. Já foram catalogadas cerca de 1,75 milhões de espécies vivas e cerca de 0,25 milhões de espécies extintas. Estima-se que o número total de espécies esteja entre 10 e 100 milhões (cf. Ridley, 2006, p.497). Estes números impressionantes mostram a diversidade e pluralidade da natureza, havendo ainda muito mais diversidade dentro das próprias espécies.

A constatação da variação intraespecífica é uma das grandes diferenças entre Darwin e seus contemporâneos, razão pela qual foi considerada aqui como a sexta

grande teoria de Darwin. Mayr não a classificou assim, no entanto nos diz que “a natureza e a extensão da variabilidade era a diferença crucial entre Darwin, que pensava em termos de população, e seus oponentes essencialistas” (Mayr, 2006, p.98). Por isso Darwin é considerado como um dos pais do pensamento populacional, que será melhor explicado na seção 10.4.

Em pouquíssimas palavras, o pensamento populacional é fim do essencialismo na biologia. O que existe não são essências e sim indivíduos. As essências que deveriam definir uma espécie são só uma abstração probabilística da frequência genética. A visão antiga que tínhamos era de espécies qualitativamente diferentes entre si. Na visão antiga as diferenças encontradas dentro das espécies eram irrelevantes. Na nova visão trazida pelo pensamento populacional elas são de extrema importância, pois são elas que nos permitem quantificar a evolução. Na visão antiga a diferença entre as espécies era a única diferença que importava, pois era a única diferença essencial. Na visão nova a diferença entre as espécies é também uma diferença quantitativa, pois o que define as espécies são as frequências gênicas de uma população. Nas palavras de Mayr:

É essa variação entre os indivíduos peculiarmente diferentes que tem realidade, ao passo que o valor estatístico mediano calculado dessa variação é uma abstração (Mayr, 2005, p.104.)

Isto quer dizer que a seleção natural não precisa ficar esperando que novas mutações surjam, pois em qualquer momento ela já conta com um estoque de variações dentro da espécie onde ela pode atuar (cf. Ruse, 1995, p.37). É claro que existem casos de espécies com pouca variação genética, como acontece principalmente em pequenas populações que estão sofrendo uma forte pressão da seleção natural. Na verdade, desde Darwin já se sabia que existia muita variação intraespecífica, mas a quantidade de variação acabou se mostrando maior do que o esperado, como vemos na seguinte passagem:

A revelação da existência de toda essa variação foi um certo choque nos anos 20 e 30, quando a uniformidade genética era tida como certa. Ela resultou numa onda de novas opiniões entre muitos geneticistas, liderados por Theodosius Dobzhansky: uma população é um conjunto imensamente diverso de genótipos e não existe algo como o genótipo do tipo selvagem ou normal; ao invés disso, a norma é a diversidade. As palavras ‘normal’ e ‘anormal’ começaram a perder seu significado (Futuyma, 2002, p.100 - 101).

A surpresa da quantidade de variação se deu porque a seleção natural não é um processo que causa variação, muito pelo contrário, ela normalmente freia a variação impedindo que mutações deletérias permaneçam. A seleção natural normalmente contribui para fixar um gene dentro de uma população, isto quer dizer que ela normalmente privilegia um gene em oposição aos seus alelos, outros genes que competem pelo mesmo *locus*, mesma posição nos cromossomos. Em outras palavras, ela normalmente diminui a variação.

Os motivos para que muita variação ainda permaneça existindo são numerosos. O mais óbvio é que nem todo o genoma está sujeito à evolução. Como já foi dito, cerca de 95% do genoma humano não codifica proteínas. Dos genes que codificam proteínas, como o código genético permite que diferentes trincas de nucleotídeos codifiquem o mesmo aminoácido, então algumas mudanças são sinônimas, isto é, não mudam a forma da proteína. São as mutações que normalmente ocorrem na terceira posição do códon. Todas estas mutações que não implicam em mudanças nas proteínas são consideradas como mutações neutras ou silenciosas e dificilmente a seleção natural é capaz de eliminá-la.

Existem ainda outras razões para a manutenção da variação (cf. Maynard-Smith, 1993, p.171). Em uma mesma espécie podemos ter tipos ligeiramente diferentes adaptados a ambientes também ligeiramente diferentes. Devemos lembrar dos cães, por exemplo, que embora sejam muito diferentes entre si, são todos da mesma espécie. Há ainda a chamada vantagem do heterozigoto, quando o indivíduo mais adequado é justamente aquele que tem dois alelos diferentes em seu genoma, ao contrário do homozigoto que tem duas cópias do mesmo alelo. O caso clássico da vantagem do heterozigoto é o da anemia falciforme: em partes da África há uma quantidade incomum desta doença genética. Este fato acontece porque os portadores heterozigotos do gene que causa esta doença não desenvolvem a doença e ainda por cima são mais resistentes à malária. É justamente o fato deles serem heterozigotos, ou seja, terem um alelo “sadio” e outro portador da doença, que causa esta maior resistência à malária. Por isso, em ambientes onde há muitos casos de malária, o heterozigoto é selecionado, mesmo que isto aumente a probabilidade de cruzamento entre dois heterozigotos que podem ter como filho um homozigoto, este sim desenvolverá a anemia falciforme.

Há também a chamada seleção dependente da frequência (cf. Ridley, 2006, p.156). Esta acontece quando o valor adaptativo de um gene depende da

frequência em que ele é encontrado: quanto mais raro, maior seu valor adaptativo. O exemplo clássico é o da relação entre os sexos (cf. Dawkins, 1996, p.99). Em uma população onde há mais machos do que fêmeas, é melhor ter filhos que sejam fêmeas, pois nesta população alguns machos não conseguirão procriar, serão “becos sem saída” para os genes. Já em uma população onde há mais fêmeas do que machos, a melhor “estratégia” é ter filhos machos, pois um mesmo macho pode ter vários filhos com várias fêmeas. Esta espécie de “gangorra” da seleção natural é justamente o que garante que a relação entre machos e fêmeas na maioria das espécies seja meio a meio. A heterozigiosidade causada pela vantagem do heterozigoto ou pela seleção dependente da frequência podem também causar variabilidade genética. Esta variabilidade é constatada nas espécies existentes, nas palavras de Ridley:

duas moléculas de DNA humanas, selecionadas aleatoriamente (incluindo duas dentro de qualquer corpo humano), diferem em cerca de 1.000 sítios. O DNA humano pode ser menos diverso do que o de muitas outras espécies (...). O DNA de *Drosophila* possui uma diversidade nucleotídica quase 10 vezes maior do que o do DNA humano (Ridley, 2006, p.191)

No caso da *Drosophila melanogaster* é estimado que exista pelo menos uma mutação por mosca, por geração, afetando sua viabilidade (cf. Futuyma, 2002, p. 78). Estas explicações de porque há variação dentro das espécies são interessantes, mas não são importantes para o presente trabalho. O que se deve levar em consideração é que há muita variação e também muitos tipos de variação. São vários os tipos de mutação: temos desde as trocas sinônimas que já vimos, até a multiplicação de genomas inteiros como no caso já mencionado da poliploidia. Entre estes dois extremos temos diferentes trocas simples de um só nucleotídeo. Temos também a troca de fase, onde a leitura das trincas de nucleotídeos são lidas na seqüência errada, como no caso do vírus que é capaz de passar “duas mensagens pelo preço de uma”. Há o deslizamento, “quando a fita de DNA que está sendo copiada desliza em relação à nova fita que está sendo criada” (Ridley, 2006, p.52-53), o que pode causar ou a perda ou a repetição de um grupo de nucleotídeos. Pode haver uma leitura invertida do cromossomo, repetições de cromossomos inteiros, etc. Há também a transposição, conhecida como “genes saltadores” ou *transposons* onde um gene é capaz de copiar a si mesmo em outra parte do genoma (cf. Waizbort, 2000, p.172). A mutação que faz as ervilhas de

Mendel serem mais altas ou mais baixa é um simples substituição de G por A em um gene que produz uma enzima, isto faz com que uma variedade produza 95% a menos de hormônio do crescimento. Já a diferença entre as ervilhas lisas e as rugosas se dá por causa da inserção de uma seqüência de 800 pares de base em um gene de uma enzima, que acaba reduzindo a síntese de amido e gerando sementes rugosas.

Toda estas variações criadas podem ainda ser misturadas através do processo de recombinação (*crossing-over*). Muitos seres são diplóides, ou seja, tem metade de seus cromossomos dos pais e metade da mãe. Na formação do gameta, espermatozóides e óvulos no nosso caso, só um de cada cromossomo é passado para o filho por cada parente. Na fecundação eles se unem e formam um novo ser diplóide. Se não houvesse a recombinação, o filho receberia cromossomos idênticos aos do pai e aos da mãe que, por sua vez, seriam idênticos ao de seus avôs e/ou avós, e assim por diante. Mas isso não acontece desta maneira, os cromossomos que estão tanto no pai quanto na mãe, e que foram recebidos dos pais deles, seus avós, se misturam durante o processo de recombinação, durante a formação dos gametas. Assim, na criação do gameta, os cromossomos que vieram do avô e da avó se unem em pares de cromossomos semelhantes, se misturam e voltam a se dividir, ficando um de cada cromossomo, agora misturado, em cada gameta.

A recombinação é algo semelhante a um embaralhar de cartas antes que sejam divididas. Imagine que os cromossomos do avô em questão sejam só cartas pretas e da avó sejam só cartas vermelhas. O filho deles terá metade do seu cromossomo preto e a outra metade vermelho. Mas quando ele for produzir seus espermatozóides, as cartas pretas e vermelhas se embaralham e depois voltam a se dividir. Deste modo, seus espermatozóides terão uma gama de diferentes combinações de cartas vermelhas e pretas. O mesmo acontecerá na formação do óvulo da mãe.

Deste modo, a recombinação não cria diversidade genética, mas amplia a possibilidade de variação fenotípica usando os mesmos genes. Possibilita inúmeras combinações de genes nos variados gametas e a reprodução sexual ainda permite que gametas diferentes se encontrem. Isto cria uma grande possibilidade de diversidade fenotípica. No entanto, a recombinação não respeita a fronteira dos

genes, ele pode separar um gene no meio e juntar com outro. Nas palavras de Futuyma:

Novas seqüências de pares de base, surgindo por recombinação intragênica, poderiam codificar aminoácidos diferentes daqueles codificados pelas seqüências dos progenitores (Futuyma, 2002, p.71).

Deste modo podemos ter uma mistura de dois alelos diferentes que acabam por criar um terceiro alelo. Seria como se duas das cartas já citadas fossem cortadas ao meio e depois combinadas. É um verdadeiro processo de variação criando variação sem a necessidade do surgimento de uma nova mutação.

No entanto, mesmo se esta recombinação não existisse, a diversidade genética ainda seria muito grande. Podemos ver isso pela taxa de mutação. “Uma estimativa clássica memorável da taxa de mutação por gene por genoma [nos humanos] é de uma em um milhão ( $10^{-6}$ )” (Ridley, 2006, p.56). Como todo o genoma é copiado cada vez que uma célula se reproduz e como as células têm que se reproduzir várias vezes até que o óvulo e, principalmente, o espermatozóide sejam produzidos, então a quantidade de mutações que ocorre cada vez que um ser humano se reproduz é de aproximadamente 200 mutações (cf. Ridley, 2006, p.207). Estes dados dizem respeito às novas mutações surgidas a cada reprodução. O surgimento de novas mutações é um acréscimo na variabilidade genética de uma população. Mas se não houvesse estruturas nas células capazes de corrigir as mutações que ocorrem, teríamos uma taxa de mutação que poderia ser de até 1 para cada 100 (cf. Jablonka & Lamb, 2005, p.86). Ou seja, altíssima! É a capacidade da célula de reparar seu próprio DNA que diminui drasticamente a taxa de mutação.

Mantendo a taxa de mutação existente nos seres humanos, Cavalli-Sforza, um dos maiores geneticistas vivos, nos diz que se tomarmos o DNA de um espermatozóide (ou óvulo) e o compararmos ao DNA de outro espermatozóide escolhido a esmo, verificaremos que, em média, haverá um par diferente de nucleotídeos a cada mil pares. Portanto, existem pelo menos 3 milhões de diferenças entre o DNA de um espermatozóide (ou óvulo) e o DNA de outro. Todas elas originaram-se em algum momento por mutação, erros espontâneos cometidos na cópia do DNA, que em geral envolve a substituição de um nucleotídeo por um outro dos quatro (cf. Cavalli-Sforza, 2003, p.97).

Alguns vírus podem ter taxas de mutações ainda mais altas. O vírus da AIDS tem cerca de  $10^4$  nucleotídeos e tem uma taxa de mutação de cerca de  $10^{-4}$ . Como cerca de  $10^{12}$  vírus novos são gerados diariamente em cada indivíduo médio com AIDS, então:

podemos estar certos de que cada posição ao longo da extensão de  $10^4$  nucleotídeos do vírus sofrerá mutação a cada dia em um paciente com AIDS. Na realidade, cada mutação nucleotídica individual possível ocorrerá muitas vezes, juntamente com a maioria das combinações possíveis de mutação em dois nucleotídeos (Ridley, 2006, p.118)

Teremos, então, uma população de vírus todos diferentes entre si em relação a pelo menos um nucleotídeo. Todos estes dados nos mostram a ubiquidade da variação no mundo natural. A seleção natural tem sempre muito espaço para atuar e, como acabamos de ver, a sua atuação ainda retém muita variação. No entanto, alguns fatos parecem estar em discordância. O primeiro deles é que o processo de duplicação do DNA é quase perfeito com um número mínimo de erros. O segundo é que a seleção natural precisa de uma baixa taxa de mutação para poder atuar.

Dawkins nos dá o exemplo do gene da Histona H4, um gene de 306 nucleotídeos que é possuído em uma sequência quase idêntica em seres tão diferentes quanto vacas e ervilhas. O ancestral comum entre elas viveu há cerca de 1,5 bilhão de anos e deve ter possuído este gene, mesmo assim, em todo este tempo, os genes da vaca e da ervilha se modificaram em só 2 dos seus 306 caracteres. O número de cópias perfeitas que foram feitas é inimaginável. Dawkins diz que é como se uma datilógrafa conseguisse copiar a bíblia 250.000 vezes errando apenas uma letra em todo este processo (cf. Dawkins, 2001, p.187)! É claro que esta imagem é um tanto simplista, e Dawkins admite isso, pois os organismos possuem inúmeros instrumentos de revisão e correção de erro que são os principais responsáveis pela alta fidelidade da replicação. Sem eles teríamos cerca de 5.000 letras de DNA degeneradas por dia em cada célula humana (cf. Dawkins, 2001, p.190).

Além disso, há o papel da seleção natural. Esta pode estar impedindo quase qualquer mudança no gene da Histona H4, selecionando negativamente as novas mutações. Tudo isso garante que certos genes sofrerão muito pouca mudança. Há ainda o problema de que a taxa de mutação tem que ser relativamente baixa para que a seleção ocorra, nas palavras de Sterelny & Griffiths:

Outra exigência da seleção acumulativa é uma taxa de mutação relativamente baixa. Se a taxa de mutação for muito alta relativamente à força da seleção, então o mecanismo que gera a variação soterrará os efeitos da seleção (Sterelny & Griffiths, 1999, p.36. Minha tradução).

Muitas mutações ocorrendo ao mesmo tempo tornam a seleção inútil. A seleção precisa de tempo para atuar, este tempo é contado em gerações. Quanto mais baixa for a força da seleção, maior o tempo de que ela precisa até fixar um gene, ou seja, até fazer com que um gene mutante passe a ser possuído por toda a população. Se a taxa de mutação for muita alta, ela atrapalhará o processo de seleção, pois ocorrerão mutações não só no gene em questão como também nos outros genes já fixados na população com os quais este novo gene deve trabalhar junto. Para a seleção fixar um gene, este deve ser “visível” para ela, isto quer dizer que seus efeitos têm que apresentar uma certa consistência na melhora reprodutiva dos indivíduos que o possuem. Isto só é possível se este gene puder se destacar em relação a seus alelos, mas ele só conseguirá fazer isso se ambos estiverem em um mesmo fundo, trabalhando com os mesmo genes. Se cada alelo de um mesmo gene trabalhar com um conjunto de genes diferentes, não há como a seleção descobrir qual é o melhor dos referidos alelos.

Como veremos ainda neste capítulo, uma parte importante do ambiente de um gene são os outros genes com os quais ele tem que trabalhar (seção 2.12.5). É em relação a estes outros genes que as novas mutações são selecionadas. Se uma espécie tiver uma taxa de mutação muito alta, estas interações entre genes não serão consistentes o suficiente para que tal mutação seja selecionada. Se tal taxa alta de mutação disser respeito só a este gene e não a todo o genoma, então ela tenderá a desfazer justamente o que a seleção está tentando fixar. Mas também se a taxa de mutação for muito baixa, a seleção não terá com o que trabalhar. No entanto, uma pressão seletiva baixa não encontrará problemas com uma baixa taxa de mutação. Do mesmo modo uma forte pressão seletiva, pode trabalhar com taxas mais altas de mutação, pois tenderá a eliminar todo o excesso de mutação que atrapalharia a seleção.

Vemos, então, que existe um equilíbrio entre a seleção, que normalmente elimina a variabilidade, e a mutação que a cria. Mas dentro deste equilíbrio não é só possível, como é necessário para a seleção natural que exista muita variação e diversidade. Considerar o mundo natural como tendo só variação entre as

espécies, mas pouca variação dentro das espécies é um dos erros mais comuns e que mais atrapalham a compreensão de como a seleção natural de fato age. A seleção natural não é uma longa espera de seres uniformes para que uma mutação benéfica ocorra. Se fosse assim, os críticos que dizem que a seleção se dá ao acaso estariam corretos, pois a chance de uma mutação ser benéfica é muito pequena. Ao contrário disso, muita variação já existe quando a seleção passa atuar por causa de alguma mudança no ambiente. Não é a seleção que fica esperando a mutação, é a variação que fica esperando a seleção!

## 2.10

### **Cladismo: criando histórias**

Desde os primórdios da biologia, uma das preocupações básicas tem sido a classificação das espécies. A classificação mais conhecida, e ainda usada até hoje, é a de Lineu que em seu *Systema Naturae* (1735) classificou as espécies em uma ordem hierárquica crescente, usando o famoso método binômico com o nome do gênero primeiro, e em maiúsculo, e o nome da espécie depois, em minúsculo, ambos em Latim. Lineu também fez questão que a sua classificação não fosse antropocêntrica e sim uma classificação que buscasse a ordem natural do mundo. Mas em sua época Lineu não tinha nem os objetos físicos e nem as técnicas matemáticas para fazer uma classificação mais rigorosa.

As técnicas de classificação se desenvolveram muito desde Lineu e hoje encontramos várias escolas distintas de classificação. Uma das mais conhecidas é a chamada taxonomia evolutiva, que classifica os animais levando em consideração a sua história evolutiva. Há também os taxonomistas que ignoram a evolução em seus estudos classificatórios e utilizam os padrões de semelhança fenotípica entre as espécies, junto com poderosas ferramentas matemáticas, para fazer suas classificações. A distinção e a discussão, às vezes exagerada, entre as diferentes escolas de classificação não serão tratadas aqui (cf. Dawkins, 2001, p.403 em diante). O importante é que pode haver várias formas de classificar as espécies, mas só há uma história evolutiva verdadeira. Hoje em dia só uma escola

classificatória se preocupa em montar a real história evolutiva, é o chamado cladismo.

Em primeiro lugar é preciso deixar claro que há uma distinção entre ser uma boa teoria classificatória e ser uma boa teoria para montar a história evolutiva. Uma classificação pode ter vários propósitos e nem em todos os propósitos a história real precisa ser considerada. Em uma família humana, por exemplo, só há uma história de descendência verdadeira, mas há várias formas de classificá-la: podemos separar quem gostamos de quem não gostamos, quem mora em cada estado, separar por idade, por sexo, por renda etc. O mesmo se dá na biologia. É inegável que as ferramentas cladísticas, que serão brevemente apresentadas aqui, são as mais capazes de descobrir a história evolutiva, mas isso não quer dizer que ela seja a melhor teoria classificatória. No entanto, é preciso deixar claro que, se buscamos, como Lineu buscava, uma classificação independente do ser humano, então a cladística tem uma vantagem, pois não se importa exclusivamente com semelhanças observáveis.

Há, é claro, fervorosos defensores da cladística. Podemos ver a sua origem até mesmo em Darwin quando ele disse que “toda classificação real é, pois, genealógica” (Darwin, 2004, p.442). Uma classificação genealógica é, de fato, algo que distingue a classificação encontrada na biologia de outros tipos de classificação. Afinal de contas, só indivíduos capazes de se reproduzir podem ter linhagens genealógicas e só eles podem ser classificados deste modo.

O procedimento básico do cladismo é procurar por grupos taxonômicos monofiléticos, em oposição a grupos parafiléticos e polifiléticos. Grupos monofiléticos são grupos que contêm todos os descendentes de um ancestral comum e só estes descendentes. Grupos parafiléticos contêm alguns, mas não todos os descendentes de um ancestral comum. Já os grupos polifiléticos podem ser divididos internamente em outros grupos que contêm ancestrais mais próximos com grupos externos ao grupo polifilético do que dentro do próprio grupo. Para deixar mais claro, imagine uma família que consiste em um avô (A), como dois filhos (B e C) e quatro netos, sendo dois de cada filho (b e b'; c e c'). Considere que só os netos estão vivos. O grupo b e b' ou o grupo c e c' são ambos monofiléticos, pois ambos contêm os descendentes e só os descendentes de B ou C. São o que chamaríamos de espécies irmãs. Já o grupo b, b' e c é parafilético, pois contêm só os descendentes de A, mas não contêm todos. Já o grupo b e c, e

também b' e c, c' e b, c' e b', são todos polifiléticos, pois os indivíduos dos seus grupos são mais próximos de indivíduos externos do que entre si.

Grupos monofiléticos são os únicos que indicam uma descendência próxima e os únicos que o cladismo aceita. Os problemas começam quando temos que descobrir qual grupo é monofilético. Para isso os cladistas procuram as chamadas homologias derivadas. As homologias e as homoplasias são caracteres compartilhados pelas espécies. Os caracteres podem ser macroscópicos, como a presença de algum órgão, ou molecular, como uma seqüência cromossômica. A homoplasia é semelhante ao que era chamado de analogia (seção 2.3.4), ou seja, algo compartilhado por duas espécies, mas que não estava presente em seu ancestral comum. Neste caso as duas espécies desenvolveram tal caractere semelhante independentemente por evolução convergente e, por isso, ele não serve para nos dar a genealogia. Um bom exemplo que nos é dado por Dawkins é o da ecolocalização nos morcegos e em alguns pássaros:

Observamos todos os milhares de espécies de aves e constatamos que a vasta maioria delas não usa a ecolocalização. Só dois gêneros isolados o fazem, e nada tem em comum um com o outro, exceto o fato de ambos viverem em cavernas. Embora acreditemos que todas as aves e morcegos devem ter tido um ancestral comum, se reconstituirmos suas linhagens até um passado suficientemente remoto, esse ancestral comum também foi o de todos os mamíferos (incluindo nós mesmos) e de todas as aves. A grande maioria dos mamíferos e a grande maioria das aves não usam a ecolocalização, e é muito provável que seu ancestral comum também não a tenha usado (tampouco ele voava – essa é outra tecnologia que evoluiu independentemente várias vezes). Portanto, a tecnologia da ecolocalização foi desenvolvida de modo independente por morcegos e aves. (Dawkins, 2001, p.146-147)

Podemos perceber que este raciocínio é probabilístico. Seria possível que todos os mamíferos e todas as aves tivessem ecolocalização, mas tivessem perdido, sendo que só estas aves e morcegos tivessem retido. No entanto, isto seria bastante improvável e com certeza muito menos provável do que acreditar que estes dois grupos conseguiram desenvolver a ecolocalização separadamente. Fazer a escolha mais provável, que é sempre a escolha que depende do menor número de mudanças evolutivas, é algo comum e faz parte das técnicas cladísticas, onde é conhecida como “princípio de parcimônia”. Nas palavras de Dawkins:

Não é provável, especialmente se grande parte da evolução molecular é neutra, que a mesma seqüência, palavra por palavra, letra por letra, viesse a aparecer em dois animais não aparentados. (Dawkins, 2001, p.399)

Uma vez rejeitadas as homoplasias, ficamos com as homologias. Estes são caracteres compartilhados e que estavam presentes no ancestral comum. Mas as homologias também podem ser divididas em “ancestrais” e “derivadas”. Para fazer esta diferenciação temos que ter um determinado grupo de espécies em estudo. Se a homologia estava presente no ancestral de todos deste grupo, então ela é uma homologia ancestral. Como está presente no ancestral de todo o grupo, então não nos serve para dividir este grupo em várias espécies irmãs. Já se a homologia surgiu depois deste ancestral comum entre as espécies estudadas, então ela é uma homologia derivada e pode ser usada para dizer que este subgrupo de espécies, que tem esta homologia derivada, estão mais próximos entre si do que estão das outras espécies do grupo. Gould nos dá um ótimo exemplo encontrado em um panfleto de museu:

Tubarões, salamandras, lagartos, cangurus e cavalos possuem, todos, uma espinha dorsal composta de vértebras, e pertencem a um grande grupo chamado vertebrados. Dos animais mencionados, apenas as salamandras, lagartos, cangurus e cavalos possuem quatro membros. De modo que são mais aparentados e pertencem a um grupo chamado tetrápodes, que significa ‘quatro pés’. Entre os tetrápodes, os lagartos, os cangurus e os cavalos desenvolvem-se em ovos impermeáveis, postos pela mãe ou mantidos dentro da mãe até o nascimento do embrião. A membrana impermeável dentro do ovo é chamada âmnio, de modo que os lagartos, cangurus e cavalos pertencem a um grupo chamado amniotas. Somente os cangurus e os cavalos produzem leite para suas crias e têm três ossos nos ouvidos para conduzir vibrações sonoras. De modo que eles são mais aparentados, e pertencem a um subgrupo dos amniotas chamado mamíferos (Gould, 1997, p.314)

Podemos ver claramente como este folheto vai identificando as homologias derivadas e separando os grupos através delas. Neste caso específico a classificação cladística chegou ao mesmo resultado do que a classificação de Lineu. Isto é muito comum, já que as diferenças fenotípicas com que ele trabalhou normalmente são homologias derivadas. No entanto, o caso dos peixes e o dos répteis apresenta divergências: alguns répteis, no caso os crocodilos, têm parentes mais próximos com as aves do que com outros répteis; alguns peixes, no caso os peixes pulmonados, têm parentes mais próximos com alguns mamíferos do que com outros peixes. Por isso, para os cladistas, o grupo “peixes” e o grupo

“répteis” simplesmente não existem. Para não ficar só corrigindo a hierarquia de Lineu, eles propõem uma nova forma de classificação chamada de filocódigo.

Há vários problemas que podem ser apresentados contra a classificação cladística, dentre eles um dos mais importantes é que eles ignoram a transformação filética, quando uma espécie se transforma em outra sem que haja uma bifurcação, e também ignoram a blastação, onde uma espécie dá origem a uma outra espécie, mas a espécie “pai” continua existindo (cf. Wilson, 1999, p.57). Para os cladistas nada disso acontece, eles só levam em consideração as bifurcações onde uma espécie dá origem a duas novas espécies irmãs. A transformação filética não existe e a blastação é tratada como uma bifurcação comum. No entanto, mesmo os críticos dizem que o cladismo é nossa melhor teoria para conhecer a genealogia das espécies, mas criticam seu purismo. Nas palavras de Gould:

O cladograma da truta, do ceratodonte e do elefante é indubitavelmente verdadeiro, como uma expressão da ordem de ramificação no tempo. Mas será que a classificação deve basear-se somente na informação cladística? O celacantino parece peixe, tem gosto de peixe, age como peixe e, portanto – num sentido legítimo e além de uma obstinadamente tacanha tradição - , é um peixe (Gould, 1992, p.362).

No entanto, as disputas pela classificação não nos interessam aqui, desde que fique claro que o cladismo é inquestionavelmente a nossa melhor forma de descobrir a verdadeira genealogia das espécies. Na teoria, o cladismo é muito simples e elegante, procura descobrir quais espécies são irmãs, descobrindo quais grupos são monofiléticos através da identificação de homologias derivadas ou, sem o jargão, descobrir quais espécies são irmãs descobrindo quais caracteres são compartilhados por elas e só por elas. Mas colocar esta identificação na prática pode ser bastante complicado. Ainda nas palavras de Gould:

Infelizmente a elegância conceitual não assegura uma fácil aplicação. A dificuldade, nesse caso, está em determinar o que precisamente é ou não é um caráter derivado compartilhado (Gould, 1992, p.357).

É claro que os cladistas contam com inúmeras técnicas, mas nenhuma delas é reputada como infalível e quase todas dependem de análises probabilísticas como o já citado princípio da parcimônia. Já as técnicas que não dependem deste

princípio podem entrar em franca oposição com ele, criando árvores filogenéticas diferentes (cf. Futuyma, 2002, p.318).

A separação entre homologias e homoplasias pode ser feita porque no caso das homoplasias o caractere em questão normalmente se diferencia em algumas estruturas, mostrando que eles tiveram uma origem ancestral diferente. Um exemplo é o das asas das aves e dos morcegos: ambos são asas e servem para voar, mas a estrutura bem diferente entre as duas indica que elas tiveram uma origem ancestral diferente. Mas homologias geralmente têm estruturas muito parecidas entre si, mesmo quando há uma certa variação.

Já a separação entre homologias derivadas e ancestrais algumas vezes pode ser fácil de se fazer, como no caso em que há um bom estudo fóssil justamente do ancestral comum entre as espécies em questão. Neste caso, se o fóssil tinha o caractere, então a homologia é ancestral, se não tinha é derivada. Quando não temos o estudo fóssil, podemos utilizar a técnica da “comparação com o grupo externo”. Escolhe-se uma outra espécie que já se sabe ser estreitamente relacionada ao grupo que se está estudando, mas que não pertence filogeneticamente ao grupo. O caractere naquele grupo provavelmente será o caractere ancestral, pois, se seguirmos o princípio da parcimônia, esta é a hipótese que depende de um menor número de trocas evolutivas. Mas, “como todas as técnicas de inferência filogenética, a comparação com o grupo externo é falível” (Ridley, 2006, p.458).

Para piorar, a maioria das técnicas filogenéticas nos dão o que é chamado de “árvore sem raiz”, ou seja, nos dão a relação entre diversas espécies dizendo quais são mais próximas entre si, mas não nos dizem quais, dentro de uma linha de tempo, são mais antigas e quais são as mais recentes (cf. Ridley, 2006, p.463). É como se no caso da família A, B, C, b, b', c, c', já citada, soubéssemos quais parentes estão mais próximos de quais parentes, mas sem sabermos que A é o avô e, por isso, o ancestral comum de todo o resto, a raiz desta árvore. Existem, é claro, técnicas para descobrir onde fica a raiz. Uma técnica muito utilizada é justamente o princípio de parcimônia: a raiz ficará localizada no ponto onde a árvore proveniente dela será a árvore com o menor número de trocas evolutivas em relação as outras árvores possíveis. Mas além desta suposição ser probabilística e ser perfeitamente possível que uma árvore com mais trocas seja a verdadeira, ainda há o fato de que quando se estuda um grupo grande de espécies

o número de árvores possíveis pode ser muito grande para ser humanamente computável.

Há ainda um problema que talvez seja insolúvel, pois é dado como fato que diferentes espécies, e até mesmo diferentes reinos, são capazes de trocar genes entre si. Neste caso de transferência horizontal a classificação ramificada em forma de árvore não faz sentido, pois ramos separados poderiam voltar a se cruzar. Esta questão será melhor trabalhada na próxima seção. No momento o que é preciso deixar claro é que a nossa melhor teoria para definir uma genealogia tem problemas, mesmo quando utiliza evidências moleculares. A história da taxonomia nos mostra uma grande quantidade de erros ao construir árvores filogenéticas e a biologia molecular, embora seja um instrumento poderoso que vai diminuir muito os enganos, ainda é capaz de falhar (cf. Ridley, 2006, p.475). Mas mesmo quando não falha, em alguns casos simplesmente não há evidência fóssil suficiente para se trabalhar com a genealogia de seres a muito extintos e, em outros casos, os problemas são matematicamente muito extensos. Felizmente na maioria dos casos as árvores filogenéticas podem ser construídas sem muita contestação, mesmo dependendo de inferências probabilísticas. Mas esta técnica, como qualquer outra técnica em ciência, é falível.

## **2.11 Juntos Somos Um**

Por costume, ao pensar nos seres vivos, normalmente pensamos em seres pluricelulares. Nossas imagens costumam dizer respeito a organismos muito bem definidos onde se pode fazer uma separação clara entre o que é ele e o que não é. Isto acontece mesmo quando consideramos diferentes organismos que cooperam entre si, como peixes que limpam outros peixes, anêmonas onde vivem peixes-palhaço, fungos que são criados por formigas etc. Mas não é raro que as relações na natureza possam ser muito mais íntimas, tão íntimas que outrora diferentes indivíduos deixem de ser considerados como indivíduos separados.

No caso de seres que co-evoluem, encontramos duas espécies que causam uma pressão seletiva uma na outra de modo que elas evoluam juntas. Neste caso,

se for feito uma análise genealógica destas duas espécies encontraremos duas filogenias espelhadas, ou seja, duas filogenias mantendo a mesma ordem de ramificação. A simples co-adaptação entre duas espécies, o simples fato de que uma está adaptada a outra e vice-versa, não pode ser considerado evidência suficiente de co-evolução, pois é possível que, por acaso, duas espécies tenham convergido de forma que eventualmente se adaptem uma a outra (cf. Ridley, 2006, p.635). Também é preciso separar co-evolução de evolução sequencial. Esta se dá quando uma espécie se adapta a outra, mas não vice-versa, ou seja, quando uma espécie depende da outra e por isso se adapta a ela, mas esta outra não depende dela e por isso evolui por outros motivos.

Talvez o caso mais comum de co-evolução seja o caso parasita-hospedeiro. Neste caso já foram descobertas co-filogenias (cf. Ridley, 2006, p.649). O hospedeiro está sempre evoluindo para se livrar do parasita e o parasita para permanecer no hospedeiro. Há também o caso, que pode ser considerado semelhante, entre predador e presa. Mas há o caso menos intuitivo de que os diferentes genes de um mesmo indivíduo podem ser considerados como diferentes unidades que estão co-evoluindo. Nas palavras de Dawkins: “Cada gene é selecionado por sua capacidade de cooperar eficazmente com a população de outros genes que ele tende a encontrar nos corpos” (Dawkins, 1998, p.251). O ambiente de um gene não é só o meio exterior, mas são também os outros genes com os quais ele deve cooperar para continuar existindo. Como um organismo deve funcionar como um todo, uma mudança em um gene pode gerar uma pressão evolutiva nos outros e vice-versa.

Esta imagem de que “somos colônias gigantescas de genes simbiotes” (Dawkins, 2001, p.204) pode ser estranha, pois normalmente tratamos os organismos como uma unidade e os genes são partes desta unidade. Mas na história evolutiva, como foi apresentado no início deste capítulo, é provável que os primeiros organismos tenham sido justamente indivíduos diferentes que passaram a cooperar. Temos ainda hoje um ser vivo conhecido como *volvox*, que é aproximadamente o tipo de colônia de umas poucas centenas de células eucarióticas que se imagina que teriam dado origem aos primeiros seres pluricelulares (cf. Dawkins, 1998, p.311). Bonner nos dá vários outros exemplos deste tipo onde um organismo aparentemente pluricelular na verdade deve ser

melhor entendido como uma colônia de organismos unicelulares trabalhando em conjunto para um fim comum (Bonner, 1980, p.72).

Esponjas também podem ser consideradas como uma colônia, mas mantém a impressionante habilidade de se recompor quando são desfeitas. Margulis nos conta de um procedimento onde duas esponjas diferentes, uma amarela e uma laranja, são espremidas em uma gaze, desfeitas e tem os pedaços misturados. Algumas horas depois elas se reorganizam perfeitamente (cf. Margulis, 2002, p.166).

É compreensível que não se trate genes como indivíduos, embora não necessariamente correto, como veremos na seção sobre os níveis de seleção (seção 2.12). No entanto, até entre indivíduos bem delimitados há cooperações estreitas. Um caso bastante comum é a união entre um fungo com uma alga que é tão íntima que passou a ser conhecida como líquen, ou seja, é conhecida como um indivíduo só. Mas há também verdadeiras uniões entre diferentes indivíduos. “No *Paramecium* duas células podem conjugar-se. As duas células permutam cópias de seus DNAs e então se separam” (Ridley 2006, p.343). Neste caso ocorre uma espécie de sexo não-reprodutivo onde há trocas de DNA entre dois *Paramecium*. Mas uma troca de DNA entre indivíduos da mesma espécie parece algo comum, já que não é muito diferente do sexo propriamente dito.

Algo aparentemente mais incomum também ocorre. Vimos na seção anterior que o cladismo constrói a árvore evolutiva das espécies através de um processo que visa descobrir os ramos (*clado*) destas árvores. Um pressuposto de toda esta técnica é que os ramos, uma vez separados, não se unem mais. Isto também é um pressuposto comum do próprio conceito biológico de espécies, pois este define espécies através do intercruzamento, ou seja, ele nos diz que espécies diferentes estão separadas por uma barreira de intercruzamento que não permite que elas se unam de novo. Mas embora estes pressupostos estejam na maioria das vezes corretos, eles não estão sempre corretos. “Os ramos da árvore da vida nem sempre divergem; às vezes se juntam e produzem estranhos frutos novos” (Margulis, 2002, p.144).

Se tratarmos genes como indivíduos, então já sabemos que é possível que eles “pulem” entre espécies e às vezes até distâncias maiores. Mas mesmo se não os tratarmos assim, ainda somos deixados com a idéia de que genes de indivíduos

de espécies diferentes podem, de certa maneira, se misturar. Isto acontece através da chamada “transferência horizontal, ou lateral, de genes”, também conhecida como reticulação (cf. Wilson, 1999, p.309). Neste caso temos a transferência de genes, principalmente entre bactérias, mas não da mesma espécie, que poderia ser considerado semelhante ao caso do *Paramecium*, e sim entre bactérias de espécies diferentes. Maynard-Smith chega a dizer que “as transferências de genes foram cruciais na evolução da resistência a drogas” (1993, p.5. Minha tradução). A transferência horizontal de genes entre bactérias poderia tornar até mesmo a classificação destas espécies algo bastante arbitrário (cf. Mayr, 2005, p.207). Temos, então, uma comprovação de que a evolução pode não ser sempre weismannista como já havíamos falado na seção sobre o lamarckismo (seção 2.4).

Mais intrigante ainda do que a transferência de genes entre bactérias é a transferência horizontal entre níveis hierárquicos ainda mais distantes. Nas palavras de Ridley:

Os genomas também evoluem por transferência gênica horizontal. Esta (também chamada de transferência gênica lateral) ocorre quando um gene do genoma de uma espécie é copiado no genoma de outra espécie. É um evento raro, mas os projetos de seqüenciamento demonstraram que ele ocorre com uma frequência inusitada ao longo do tempo evolutivo. Provavelmente é mais freqüente em bactérias. Até se conhecem genes que se transferiram entre arqueas e bactérias. É provável que, algumas vezes, genes se transfiram de bactérias para eucariotos pluricelulares, mas atualmente é difícil garantir que algum gene, aparentemente bacteriano, encontrado no genoma de uma planta ou animal seja um exemplo de transferência gênica horizontal (Ridley, 2006, p.585)

Vemos, então, que a transferência gênica não se dá só entre bactérias, mas pode se dar até entre reinos diferentes como entre arqueas e bactérias e, talvez, até entre bactérias e eucariotos como nós! Dawkins vai ainda mais longe e diz que “parece quase certo” que os genes responsáveis pela construção de um tipo de hemoglobina nas raízes de plantas da família das ervilhas pode ter sido trazido de animais com algum vírus atuando como intermediário (Dawkins, 2001, p.259). Teríamos, então, um gene de um animal, passando para uma planta através de um vírus! Nas palavras de Waizbord:

Vírus e plasmídeos de bactérias também podem se incorporar ao material genético de células somáticas eucariotas (animais, vegetais, fungos, protozoários) e até mesmo em células sexuais. Incorporando seus genes de microrganismos no genoma de espécies ‘superiores’, saqueando o patrimônio genético desses seres e levando-os para além do limite do núcleo e da própria célula, essas minúsculas estruturas estão misturando genes de espécies as mais distintas (Waizbord, 2000, p.172) .

Recentemente várias pesquisas surgiram mostrando que a transmissão lateral de genes de bactérias para eucariotos é mais comum do que se pensava, principalmente no que diz respeito ao gênero *Wolbachia* que vive em grande parte dos artrópodes existentes e até mesmo em vermes. Em muitos casos há evidências da transmissão dos genes deste gênero de bactérias para o genoma do hospedeiro, mas no caso da mosca-de-fruta *Drosophila ananassae* praticamente todo o genoma da *Wolbachia* foi transmitido para o da mosca<sup>16</sup>. Tal tipo de transmissão entre reinos diferentes pode parecer surpreendente quando acontece naturalmente, mas é cotidiano nos laboratórios de engenharia genética de todo o mundo.

Para as análises cladísticas, principalmente as que usam evidências moleculares, isso beira o desespero, pois neste caso a semelhança entre os genótipos não será devida à convergência: há de fato o mesmo gene em dois genótipos que deveriam ser muito distantes. “É possível até que Archea, Bacteria e Eukarya nem tenham uma filogenia normal, em forma de árvore” (Ridley, 2006, p.479)

No entanto, há uma relação ainda mais estreita do que a da transferência gênica horizontal, são casos extremos de simbiose. “Entende-se por simbiose a união em uma unidade funcional única de dois ou mais organismos evoluídos separadamente” (Maynard-Smith, 1993, p.119. Minha tradução). Casos mais simples, mas ainda assim surpreendentes, são encontrados como o de uma espécie de platelminto que não tem boca porque algas fotossintéticas fornecem toda a energia que necessita (cf. Behe, 1997, p.191-192). Mas o caso mais conhecido de uma verdadeira simbiogênese, que é a fusão de dois organismos distintos, é o das mitocôndrias.

As mitocôndrias são organelas presentes em todos os eucariotos, inclusive nós. São o que no ensino secundarista de biologia era chamado de a “fabrica de energia das células”. Mas as mitocôndrias, que no caso do ser humano só são passadas de mãe para os filhos, tem o seu próprio material genético. Uma bióloga, chamada Lynn Margulis, afirma que elas eram antigas bactérias que se uniram por simbiose a outra bactéria para formar o que hoje conhecemos como eucariotos. Em suas próprias palavras: “No interior das células de todos nós existem, neste

---

<sup>16</sup> Cf. <http://www.wolbachia.sols.uq.edu.au/> Neste endereço é possível encontrar vários artigos e livros sobre a *Wolbachia*

momento, antigas bactérias que usam oxigênio para gerar energia. Trata-se das mitocôndrias” (Margulis, 2002, p.103). Recentemente esta idéia foi reforçada com estudos moleculares que mostraram que os genes das mitocôndrias são mais semelhantes aos genes de bactérias de vida livre do que aos genes dos núcleos das células onde elas vivem (cf. Ridley, 2006, p.555). Exatamente o mesmo se dá com os cloroplastos, que estão presentes nas plantas. Mas no caso do homem, a relação pode ser ainda mais estreita:

alguns genes mitocondriais foram transferidos para o núcleo. O DNA nuclear dos seres humanos atuais contém genes que descendem dos dois incorporadores eucarióticos originais. É difícil estudar o processo de transferência de genes da mitocôndria para o núcleo em animais, porque o genoma mitocondrial é relativamente constante. Em plantas, entretanto, os genes parecem ser transferidos mais frequentemente (Ridley, 2006, p.584)

Temos, então, um desafio, para dizer o mínimo, a idéia de que duas linhagens, quando separadas, nunca voltam a se unir. Por mais improvável que isto seja, não é impossível e em escala evolutiva podem ser encontrados alguns exemplos. Isto sem levar em consideração que estes exemplos só foram possíveis porque, no caso das mitocôndrias e dos cloroplastos, existiam bactérias livres para nos indicar a possibilidade da simbiogênese. Se elas não existissem as mitocôndrias e os cloroplastos nunca teriam sido identificados como antigas bactérias. Isto levanta a hipótese de que uniões ainda mais íntimas do que estas poderiam ter acontecido, mas nunca serão descobertas. “De fato, pode ser que nunca saibamos quantos de nossos genes, sejam eles ‘úteis’ ou ‘lixo’, tiveram sua origem em plasmídeos inseridos” (Dawkins, 1999, p.226. Minha tradução).

Normalmente não pensamos nas nossas mitocôndrias como organismos externos invasores. Seria errado pensar assim, elas fazem parte da própria formação das células eucarióticas. Há a possibilidade de que outros seres que hoje se unem por uma relação simbiótica passem a ser considerados, no futuro distante, através de um processo de co-evolução, como um indivíduo só. Isto poderia se dar não só com organismos unicelulares, mas também com os pluricelulares. Um caso muito conhecido é o das vespas que servem como polinizadoras dos figos:

Cada uma de centenas de espécies de figo é polinizada somente por uma espécie de vespa hospedeira-específica. É provável que a divergência em uma população local do figo ou da vespa, por deriva genética ou seleção, induza uma variação coevolucionária na outra. (Futuyma, 2002, p.524)

Tais vespas são tão especializadas e tais figos tão dependentes delas que é possível que, em um futuro, as vespas sejam consideradas só como “a forma como o figo se reproduz”. Futuros biólogos podem só descobrir que esta reprodução se dá através de descendentes de uma vespa da mesma maneira que descobriram que as mitocôndrias são antigas bactérias, ou seja, quando compararem o genoma delas com o genoma de descendentes de outras vespas, que não se uniram por simbiose ao figo, e perceberem que elas são mais próximas das vespas do que do próprio figo. Mas se nesta época não existirem mais descendentes livres de vespas pode ser que eles nunca descubram. Deste modo temos que um indivíduo pode sim ser formado pela simbiose de dois outros indivíduos e este tipo de união é mais do que uma simples possibilidade teórica, é um fato da biologia.

## **2.12 Quem Seleciona o Quê?**

Uma discussão ainda muito presente na filosofia da biologia é a discussão sobre os níveis de seleção. Várias são as propostas que muitas vezes são defendidas de forma ardorosa. Temos a clássica seleção dos indivíduos, que é a que normalmente é ensinada nas escolas e que é talvez a maneira mais intuitiva de se pensar na seleção. Temos também a seleção de espécies, que também é intuitiva quando se fala que algo é “para o bem da espécie”, mas que foi muito criticada. Há a seleção de grupo, onde a união do grupo pode ser um traço característico. Dificilmente separável desta há a seleção de parentesco, onde o grupo é formado por parentes. E há, é claro, a controvertida seleção de genes. Embora exista muita discussão sobre qual o nível da seleção, deve-se deixar claro que praticamente ninguém defende que a seleção só atue em um único nível destes. A discussão não é sobre “qual é o único nível onde a seleção pode atuar” e sim sobre “qual é o nível mais importante e que nos apresenta as melhores interpretações do trabalho da seleção natural”.

Apresentamos aqui um breve esboço de toda esta discussão. Um aprofundamento maior seria impossível, pois este tema ocupa prateleiras inteiras, mas seria, sobretudo, desnecessário. Mas antes de qualquer coisa é preciso deixar

claro qual é a importância deste debate. Ridley acredita que definir qual é o nível da seleção importa muito, pois assim podemos eliminar as explicações que estão no nível errado (cf. Ridley, 2006, p.338). Não há dúvidas que uma resposta para esta pergunta apresenta este papel didático. A prova disso está no fim quase total da seleção de espécies que continha explicações erradas ao defender que certas características eram para o bem da espécie.

No entanto temos que ter cuidado em não levar a metáfora muito longe e achar que existe realmente uma seleção como existe na seleção artificial. Não é a seleção natural que tem que ser entendida como um tipo de seleção artificial, com uma espécie de agente selecionador e algo selecionado. Ao contrário, é a seleção artificial que tem que ser compreendida como um tipo de seleção natural, onde os desejos e intenções do ser humano são tratados como parte do ambiente ao qual os organismos devem estar adaptados (seção 2.3.1). Não podemos esquecer que ‘ser selecionado’ quer dizer simplesmente ‘deixar mais descendentes do que a média da sua população’. “A seleção não é causada pela sobrevivência e reprodução diferenciais; ela é sobrevivência e reprodução diferenciais e nada mais” (Futuyma, 2002, p.159). Neste sentido, o melhor seria adotar, como Darwin adotou, a expressão de Herbert Spencer de “sobrevivência dos mais aptos”. Nas palavras de Darwin:

Dei a este preceito, em virtude do qual uma variação, por mínima que seja, se conserva e se perpetua, se for útil, a denominação de *seleção natural*, para indicar as relações desta seleção com que o homem pode operar. Contudo, a expressão que o sr. Herbert Spencer emprega, ‘a persistência do mais apto’, é mais exata e algumas vezes mais cômoda (Darwin, 2004, p.76)

Vemos que o termo “seleção natural” foi mais uma escolha didática necessária para mostrar que o que a natureza faz não é nada estranho, pois é muito similar ao que os homens fazem há séculos. “Seleção Natural” era uma expressão válida quando se queria provar a existência deste processo, mas trazia consigo uma imagem enganosa de que havia de fato um agente e um objeto da seleção. Muito mais exato é imaginar que os mais aptos sobrevivem, ou deixam mais prole, e os menos aptos perecem, ou deixam pouca prole em comparação com os mais aptos.

Neste caso ainda vale a pergunta “o que é ‘mais apto’: os genes, os indivíduos, a espécies etc.?” Mas a questão se torna mais branda já que fica

evidente que, quando um nível sobrevive, ele leva naturalmente outros níveis juntos. A pergunta não é mais sobre qual objeto um certo agente seleciona e sim sobre *qual objeto podemos dizer que sua aptidão faz diferença no sucesso reprodutivo*. É claro que isso não implica em afirmar que não há conflito entre níveis. Eles existem e é este problema que apresentaremos aqui.

### 2.12.1 Seleção de Espécies

Uma imagem comum da evolução é que ela se dá em benefício das espécies. Em certo sentido isto está correto, já que a evolução é um evento que ocorre com populações e não com indivíduos. No entanto, isto não quer dizer que são as próprias espécies que são selecionadas. Existem alguns problemas com este tipo de seleção. O primeiro deles diz respeito à própria existência de “espécies”. Este problema não será tratado aqui. Partindo do princípio de que as espécies têm pelo menos algum tipo de existência, encontramos o problema de que de um modo ou de outro elas são constituídas por indivíduos e indivíduos normalmente competem entre si.

A chamada “luta pela sobrevivência” raramente implica em uma luta real, ela normalmente implica em uma disputa por recursos como comida, água, local para dormir, parceiros sexuais, sol, etc. Neste sentido, esta “luta” é muito mais rigorosa entre os indivíduos da mesma espécie do que entre indivíduos de espécies diferentes. Cada grama que uma zebra come, por exemplo, é uma grama que as outras zebras não vão mais poder comer. Cada raio de sol que uma planta pega é um raio que sua vizinha não pegará. Até as verdadeiras lutas entre predador e presa podem ser melhor compreendidas como uma disputa dentro da mesma espécie: zebras, por exemplo, não têm que correr mais rápido do que os leões, elas só precisam correr mais rápido do que outras zebras. A disputa de quem corre mais rápido se dá dentro da própria espécie de presas e não entre predador e presa. É neste sentido que Dawkins diz que as árvores são elevadores de plantas. Se elas pudessem cooperar entre si ficariam perto do solo e não gastariam uma imensa quantidade de energia com seus majestosos troncos. No solo poderiam pegar a mesma quantidade de luz do sol que pegam no alto sem este gasto extra de

energia. Mas isso não acontece, pois uma planta qualquer poderia furar o “acordo” e crescer mais do que as outras, se fizesse isso pegaria mais sol e tiraria o sol das outras, seus descendentes, então, seriam mais numerosos e herdariam esta característica. Logo teríamos uma floresta de árvores altas descendentes daquela primeira.

Este argumento contra a seleção de espécies é conhecido como argumento do traidor. Um grupo formado por altruístas pode ser subvertido por um egoísta que vai se beneficiar do altruísmo dos outros, mas sem ter que pagar os custos. Gould nos apresenta outros indícios de que não são as espécies as beneficiadas pela seleção (cf. Gould, 2003, p.399): há os órgãos para o combate sexual, muitos deles são inúteis para qualquer outra coisa que não seja na busca de parceiros. Na verdade, muitos deles, como a cauda do pavão, chegam a atrapalhar a sobrevivência do seu portador. Um órgão deste tipo em nada ajuda a espécie, embora os beneficiem na competição com outros pavões pela escolha das fêmeas, ou seja, beneficia o indivíduo. O mesmo pode-se dizer das lutas entre machos pelas fêmeas. Há ainda outra questão: se estamos tratando de seleção em níveis superiores, o que há de tão especial nas espécies? Porque leões, zebras, golfinhos etc. não se unem em prol de toda a classe *Mammalia*?

No entanto, embora largamente desacreditada, a seleção de espécies não foi abandonada. Ela ainda é considerada possível em certas situações peculiares. Existem algumas características que podem ser melhor compreendidas como características de espécies e não de indivíduos, alguns exemplos são: distribuição geográfica, heterogeneidade do acervo genético, tamanho populacional, estrutura populacional e, talvez o mais controverso, reprodução sexual. Como foi dito no começo deste capítulo, não trataremos aqui da origem do sexo. Por hora a única questão que é importante é saber que no sexo cada indivíduo envolvido contribui com apenas 50% de seu material genético. Este é um custo muito alto se pensarmos que na reprodução assexuada podemos passar todo nosso material genético. Uma das explicações para que o sexo exista é que as espécies sexuadas, por permitirem uma adaptação ao ambiente mais rápida, são selecionadas em detrimento das espécies assexuadas, pois mutações surgidas em diferentes indivíduos podem se unir em um só.

Para que a seleção de espécies exista, a espécie tem que ter uma característica que não possa ser reduzida às características de seus indivíduos.

Tais características têm que ser relevantes para a sobrevivência e para a extinção de espécies. Mas tudo isso é inútil se tais características não forem herdáveis pelas suas espécies-filhas. O tamanho de uma população, por exemplo, pode ser relevante para a sobrevivência de uma espécie, mas provavelmente não é uma característica herdável (cf. Sterelny & Griffiths, 1999, p.205). Ainda há discussão sobre se este tipo de seleção de fato existe. No entanto, parece haver um consenso de que “a seleção de espécies pode ocorrer, mas ela não parece *fazer* grande coisa!” (Dawkins 2001, p.393). Ou seja, a discussão gira mais em torno de quão relevante ela é do que em torno de sua existência.

### 2.12.2 Seleção de Grupo

Como espécie é um nível taxonômico muito alto, parece ser mais plausível diminuir o nível para um mais observável. Assim surge a seleção de grupo. Muitos animais na natureza de fato vivem em comunidades. Estes grupos têm uma existência inquestionável e muitas vezes são dentro dos próprios grupos pequenos que surgem novas espécies. No caso de grupos, seria mais razoável pensar que alguns destes teriam estruturas capazes de protegê-los dos chamados traidores. Se um grupo puder fazer isso então ele terá uma vantagem em relação aos grupos egoístas e conseqüentemente, terá uma maior chance de sobreviver e de produzir novos grupos que podem herdar esta sua característica. Mas os grupos não têm necessariamente que ser altruístas. Um grupo onde exista uma estrutura social para troca de favores pode ser chamado de um grupo egoísta, pois um favor só é feito mediante uma recompensa, mas mesmo assim o fato destes indivíduos se ajudarem mutuamente pode aumentar o valor de aptidão do grupo como um todo. Em tais grupos podemos dizer que sua aptidão é maior que a soma da média da aptidão dos indivíduos do grupo. Nas palavras de Mayr:

Se a aptidão de um grupo for maior ou menor que a média aritmética dos valores de aptidão dos indivíduos que o compõem, devido à interação entre indivíduos ou à divisão do trabalho e outras ações sociais, então o grupo como um todo pode servir como objeto de seleção (Mayr, 2005, p.163)

Isto quer dizer que para a seleção de grupo ocorrer, características do grupo como um todo tem que contribuir diretamente para aptidão do indivíduo. Só neste

sentido é que podemos dizer que um dado indivíduo se beneficia, ou não, de estar naquele grupo. Sabemos que a seleção de grupo é possível e experimentos onde ela acontece já foram realizados em laboratório (cf. Ridley, 2006, p.331). Recentemente Elliot Sober e David Sloan Wilson tem defendido a seleção de grupo tratando até a seleção de parentesco, que veremos a seguir, como um caso especial da seleção de grupo. A importância deste tipo de seleção ainda está em discussão. A seleção de grupo sofre dos mesmos problemas que a seleção de espécie: a característica do grupo tem que ser herdável e tem que ser do próprio grupo e não do conjunto de indivíduos. E isto tudo só é possível, é claro, em indivíduos que formam grupos sociais, o que diminui a relevância deste tipo de seleção para a evolução como um todo.

### 2.12.3 Seleção de Parentesco

Na seleção de parentesco temos um tipo especial de grupo que é formado por parentes próximos. Há, como notou Mayr, uma certa dificuldade em discriminar a seleção de parentesco e a seleção de grupo (cf. Mayr, 2005, p.162), mas veremos que elas podem ser tratadas de maneiras diferentes. A seleção de parentesco nos diz que se um gene dá origem a um indivíduo que vai se comportar de maneira a ajudar seus parentes próximos, então este gene vai ajudar cópias de si mesmo nestes outros indivíduos. O gene não está de maneira altruísta ajudando suas cópias às custas de si mesmo, o que acontece é que um gene que ajuda outros genes como ele, se tornará, com o tempo, mais comum no acervo dos genes (*gene pool*) daquele grupo. Por exemplo, um gene para comer seus próprios filhos provavelmente logo se extinguirá. Um pai que tem este gene comeria seus descendentes e este seria o fim do gene. Entretanto um gene para alimentar os seus filhos provavelmente sobreviveria, um pai com este gene alimentaria seus filhos e aumentaria a possibilidade deles sobreviverem e se reproduzirem passando, deste modo, este mesmo gene adiante. Com o tempo, é possível que este gene se torne comum em toda a espécie, mesmo levando em conta que o ato de alimentar seus filhos faz com que o pai gaste energia, se coloque em risco e perca um tempo que ele poderia estar usando fazendo mais filhotes. Isto quer

dizer que este ato não beneficia ao pai enquanto tal e sim aos seus filhos, que carregam seus genes.

A seleção de parentesco segue o que ficou conhecido como regra de Hamilton (cf. Ridley, 2006, p.327). Esta diz que há um custo  $C$  por praticar o ato que beneficia o outro, há o benefício  $B$  e há a chance  $R$  de que o gene responsável por praticar o benefício esteja no beneficiado. Neste caso, se  $RB > C$ , então o gene para beneficiar seus parentes se espalhará, ou seja, se no resultado final o gene acabar beneficiando cópias de si mesmo, então ele se tornará comum. Como  $R$  é a chance deste mesmo gene estar em outros indivíduos, então a tendência é que se beneficie só parentes próximos, pois no caso de parentes distantes,  $R$  será muito pequeno. No caso da ave que beneficia seus filhotes, a chance deste gene estar em cada um de seus filhotes é de 0,5, então o benefício final tem que ser pelo menos o dobro do custo.

Por esta relação se dar entre parentes ela foi chamada de seleção de parentesco, mas a seleção de parentesco não é uma seleção de grupo e sim um caso de seleção de gene, que veremos em breve, pois são eles os principais beneficiados. Por este motivo Trivers fala que “a melhor maneira de compreender a importância do parentesco é tomar a visão do gene em relação às interações sociais” (Trivers, 1985, p.45). Para deixar claro que a seleção de parentesco é no fundo uma seleção de genes podemos pensar que se um indivíduo tiver um gene para beneficiar outros indivíduos e estes outros indivíduos não tiverem este mesmo gene, então este indivíduo terá todo o custo, diminuindo, assim, as suas chances de procriação que, obviamente, também diminuiriam as chances deste gene se propagar. Tal comportamento altruísta geneticamente determinado acabaria desaparecendo. Algo ainda mais grave se daria se este comportamento não fosse geneticamente determinado e sim um comportamento aprendido ou inventado. Neste caso, tal altruísta solitário simplesmente morreria junto com o seu altruísmo. A seleção de parentesco parece só funcionar quando o gene causador da ação altruísta pode ser encontrado no beneficiário de tal ação.

Tal consideração levanta problemas com a chamada seleção de grupo e com sua tentativa de ser uma seleção por conta própria. Tais grupos sociais têm que ter comportamentos que aumentem a aptidão de todos os indivíduos de seu grupo. Se estes comportamentos forem geneticamente determinados, então a seleção de grupo pode ser compreendida como uma seleção de genes: alguns genes se tornam

mais comuns por ajudarem genes iguais a si. Se tais comportamentos forem aprendidos, ou poderíamos dizer culturalmente determinados, então a seleção de grupo ficaria restrita a um seleto grupo de espécies existentes capazes de aprender e transmitir aprendizagem, composto em sua maioria por mamíferos. Mas mesmo nestes grupos capazes de aprender, a seleção de grupo ficaria restrita aos comportamentos sociais que de fato são aprendidos, pois em tais grupos pode haver também comportamentos sociais geneticamente determinados. Ou seja, a seleção de grupo teria sua importância muito reduzida. Sem contar que ainda assim a própria capacidade de apreender seria geneticamente determinada, o que poderia fazer tudo ser reconsiderado como mais um caso da seleção de genes<sup>17</sup>.

#### **2.12.4 Seleção de Indivíduo**

O nível mais comum e intuitivo de seleção é a seleção de indivíduos. São os indivíduos que se adaptam ao meio, são eles que se reproduzem, são eles que morrem. Ernst Mayr é um fervoroso defensor deste tipo de seleção como nos mostra o seguinte fragmento:

Desde Darwin até os dias de hoje, a maioria dos evolucionistas (...) tem considerado o organismo individual como principal objeto de seleção. Na realidade, o fenótipo é a parte do organismo que está 'visível' para a seleção (Mayr, 2005, p.159).

Ele está certo ao dizer que não está sozinho. Gould, por exemplo, concorda com ele, mas faz uma ressalva importante, a saber, é preciso antes de mais nada definir o que pode ser considerado um indivíduo no mundo natural. Este problema já foi visto aqui ao tratar de seres que se unem por simbiose (seção 2.11). Líquens são considerados indivíduos, mesmo sendo a união de um fungo e uma alga; o volvox, que é aquela união de algumas centenas de células, já tem um status mais questionável; algumas esponjas podem passar por estágios onde suas células vivem separadas por algum tempo e, como vimos, têm a capacidade de se recompor quando desfeitas; alguns rizocéfalos passam por cinco metamorfoses,

---

<sup>17</sup> Há ainda a possibilidade de considerar este tipo de seleção de grupo, onde o comportamento é aprendido, como uma seleção de memes co-evoluindo com genes (seção 4.9), mas tal caso não será tratado nesta seção.

sendo que em uma delas eles não são mais do que uma única célula; algumas plantas permanecem perfeitamente vivas, mesmo tendo perdido grande parte de seu corpo (cf. Sterelny & Griffiths, 1999, p.71).

A visão comum que temos dos indivíduos como um organismo integrado e coeso, com um fora e um dentro bem definido etc. não vale para a maioria destes casos. Para tentar dar conta desta questão, Gould propõe uma definição de indivíduo biologicamente aceitável:

um *indivíduo* deve ter um ponto de partida (ou de nascença) claro, um ponto de encerramento (ou de morte) claro e estabilidade suficiente no intervalo entre um e outro para ser reconhecido como uma entidade. Essas três primeiras propriedades bastam para definir um ‘indivíduo’ no sentido mais abstrato. Mas uma entidade precisa de duas outras propriedades para fazer parte do processo darwiniano de competição reprodutiva: um indivíduo darwiniano deve ser capaz de gerar filhos, e esses descendentes devem ser produzidos por um princípio de hereditariedade que os faça assemelhar-se aos pais, com a possibilidade de haver alguma diferença (Gould, 1997, p.412).

No entanto, esta definição de nada serve ao defensor da seleção de indivíduos, pois como vimos, e como veremos em seguida, tanto as espécies quanto os genes podem cumprir estas regras e, deste modo, serem considerados como indivíduos. O próprio Gould admite que “genes e espécies também são indivíduos darwinianos, e a seleção também pode atuar sobre essas entidades maiores e menores” (Gould, 1997, p.413). Ele acaba dizendo que não há uma definição inequívoca de indivíduo (cf. Gould, 1997, p.413).

Mas a seleção de indivíduo ainda nos parece válida, pois como afirma Mayr, são os fenótipos que são visíveis para a seleção. Talvez fosse mais correto chamá-la de seleção fenotípica. Eles podem fazer parte de espécies e podem ter sido criados pelos genes, mas são eles que de fato lutam, sobrevivem e se reproduzem. Esta visão pode ser a mais intuitiva, mas se olhada de perto perde aos poucos sua plausibilidade. Todos concordam que a seleção natural só pode agir naquilo que tem hereditariedade, os indivíduos têm hereditariedade, mas ela é derivada de seus genes. Um leão, por exemplo, que tenha um caractere muito útil, mas que não seja hereditário, pode até, em um primeiro momento, deixar um bom número de crias, ou seja, teria sido selecionado diretamente, mas suas crias não teriam este caractere. Não haveria um processo de evolução e sim uma seleção natural de um só passo. Seria uma seleção natural sem a já mencionada característica de “catraca”, ou seja, sem reter o caractere para possibilitar a acumulação de

mutações. O próximo passo começaria de novo do zero. Tal tipo de seleção não tem importância nenhuma para a biologia.

### 2.12.5 Seleção de Genes

Não existe seleção natural sem hereditariedade e o principal portador de hereditariedade é o gene. Organismos se reproduzem, mas não são copiados. O mesmo acontece com genomas em seres sexuados, eles são fragmentados. Só o que é de fato copiado pode se tornar mais comum ou mais raro em uma população. O gene, entendido de maneira informacional, ou seja, como sendo o mesmo gene em suas múltiplas cópias, pode ter sua frequência ajustada em relação aos outros genes e, neste sentido claro, pode ser selecionado contra ou a favor.

Existem casos claros de seleção genética. Eles acontecem quando o beneficiário da reprodução é o gene e não o indivíduo ou a espécie. O chamado *efeito carona* é um deles. Sabemos que no genoma humano temos cerca de 95% de DNA não codificador. Mesmo que se encontre uma função para alguma parte deste DNA, ainda teremos uma grande parte que é replicado sem que ocasione algum benefício para o indivíduo. Estes genes existem por benefício próprio e em nada auxiliam o indivíduo. Temos também a chamada distorção de segregação, quando acontece um verdadeiro conflito intragenômico, isto é, quando um dos dois alelos que temos em cada um de nossos genes é capaz de aumentar a sua chance de passar para os gametas (cf. Sterelny, 2001, p.37). Um gene também pode aumentar a chance do espermatozóide onde ele está fecundar um óvulo aumentando a velocidade deste espermatozóide, mas tal gene não traz necessariamente algum benefício para o indivíduo (mas poderia trazer em espécies onde vários indivíduos fecundam a mesma fêmea).

Casos como estes onde um gene se beneficia às custas do indivíduo são exemplos conhecidos e não controversos do selecionismo dos genes. Como Dennett nos mostra, a pergunta *Cui Bono?* “Quem se beneficia?” É a que dá a resposta de quem está sendo selecionado. Mas os casos onde aparentemente é o

indivíduo o selecionado levantam mais problemas. Mayr, um grande crítico da seleção de genes, nos diz:

Vários genes têm valores adaptativos diferentes conforme o genótipo em que se encontram. O selecionismo gênico também é invalidado pela pleiotropia de muitos genes e a interação de genes que controlam componentes poligênicos do fenótipo. (Mayr, 2004, p.158)

A pleiotropia e a poligenia já foram vistas aqui (seção 2.7). A pleiotropia é a capacidade de um gene afetar diversas características fenotípicas e a poligenia é o seu oposto, ou seja, a capacidade de uma só característica fenotípica ser afetada por vários genes. É a pleiotropia e a poligenia que nos mostram que a relação entre genoma e fenótipo é do tipo “muitos para muitos”. Para Mayr, então, a seleção de genes só seria possível se a relação entre genótipo e fenótipo fosse como uma planta baixa e não como uma receita, ou seja, fosse uma relação “um para um”. Só neste caso poderíamos dizer que a seleção natural pode “ver” os genes. Para Mayr as mudanças nas frequências dos genes em uma população não seriam a causa da seleção e sim o resultado dela. Uma crítica semelhante é feita por Sober ao diferenciar *seleção de* e *seleção para*. A seleção pode ser para indivíduos, mas pode também acarretar uma seleção de genes (cf. Sterelny & Griffiths, 1999, p.77). Mas poderíamos defender que a recíproca é que é verdadeira e dizer que a seleção é para genes e acarreta uma seleção de indivíduos portadores daqueles genes.

No entanto, esta é uma crítica por demais simplista. A defesa de que a relação entre genótipo e fenótipo é como uma receita foi feita justamente, como vimos, pelo principal defensor do selecionismo gênico: Richard Dawkins. Não podemos dizer que ele ignora esta relação! Os defensores da seleção de genes de maneira nenhuma ignoram os organismos e defendem que a seleção busca só os genes. Dawkins deixa isso claro em inúmeras passagens. Em suas próprias palavras:

Uma vez que tenhamos entendido o fato de que os genes trabalham juntos em equipes, é obviamente tentador chegar à conclusão de que hoje em dia a seleção darwiniana faz sua escolha entre equipes rivais de genes – concluir que a seleção passou para os níveis mais altos de organização. Tentador, mas do meu ponto de vista errado no nível profundo. É muito mais esclarecedor dizer que a seleção darwiniana ainda faz sua escolha entre genes rivais, mas que os genes favorecidos são aqueles que *prosperam na presença de outros genes* que estão sendo simultaneamente favorecidos na presença um do outro (Dawkins, 1996, p.134).

Podemos até discordar do que ele diz, mas não é possível dizer que ele ignora que genes trabalhem juntos de inúmeras formas. No próprio *Gene Egoísta* ele diz que escolher o gene como unidade de seleção é uma questão de rigor (cf. Dawkins, 2001, p.31). Dizer que a seleção é *a rigor* de genes quer dizer que nós podemos tratar a seleção *como se* fosse de indivíduos, mas *a rigor* é mais instrutivo e preciso reconhecer que é de genes. Isto nos mostra que ele não nega a naturalidade de se escolher o indivíduo como unidade de seleção, não nega o papel do organismo. “A idéia de que o gene é a unidade de seleção não nega a realidade ou a importância dos organismos” (Sterelny & Griffiths, 1999, p.61. Minha tradução). A questão é que agora estes genes funcionam como times e é a capacidade de cooperar dentro destes times para construir fenótipos bem adaptados que será selecionada. A falha em perceber isso está diretamente relacionada com a falha em perceber que o ambiente de um gene pode ser constituído também de outros genes. Neste sentido, um gene que trabalha em conjunto com outros genes está se adaptando ao seu ambiente.

Uma outra crítica comum, e errada, que se faz ao selecionismo genético é dizer que ele está comprometido com o determinismo genético. Alguém é um determinista genético se defende que os genes terão seu determinado efeito fenotípico independente do ambiente onde ele se desenvolva. Entretanto é largamente aceito que são raros os genes que terão sempre o mesmo efeito independente de qualquer influência ambiental. Esta é uma confusão comum, principalmente quando falamos em comportamentos, no entanto, dizer que algum comportamento é geneticamente determinado normalmente quer dizer que dado certo ambiente ele entrará em vigor. Não quer dizer que ele entrará em vigor seja de que modo for!

Um gene que determina uma certa característica normalmente a determina em um determinado ambiente, em muitos casos este ambiente é o desenvolvimento embrionário. Como este gene só costuma ser achado dentro de certas circunstâncias normais, então podemos dizer, para simplificar, que ele determina algo, mas de maneira nenhuma queremos dizer que ele terá o mesmo efeito independente do ambiente em que ele se encontre. Tal simplificação causa confusão quando não se faz uma leitura mais atenta e, principalmente, quando já se lê procurando algo para criticar. O determinismo genético no sentido de que o

produto final de um gene independe de seu ambiente simplesmente não existe (cf. Sterelny & Griffiths, 1999, p.13).

É claro que o selecionismo genético requer algum tipo de coerência nos efeitos de um gene. Se um mesmo gene tivesse efeitos muito diferentes em organismos semelhantes, não haveria como selecioná-lo. Os genes, normalmente, só são selecionados indiretamente através dos fenótipos que ajudam a criar. É preciso que seus efeitos sejam consistentes para que ele seja “visível” pela seleção. Esta condição não é muito difícil de obter, é, na verdade, a regra e não a exceção. O mesmo gene normalmente terá o mesmo efeito em um mesmo ambiente ou em um ambiente muito semelhante. Isto é o suficiente para seleção de genes atuar. “O selecionismo de genes pode defrontar-se com diversos problemas, mas o determinismo genético não é um deles” (Sterelny & Griffiths, 1999, p.59. Minha tradução).

No entanto, há uma crítica um pouco mais séria contra o selecionismo de genes. Como mostramos, uma das principais defesas desta visão é que são os genes os responsáveis pela hereditariedade. No entanto, isto não é plenamente verdade. O gene não é a única coisa que é passada adiante e sim toda uma célula fecundada, no caso dos seres sexuados. Isto quer dizer que há também a herança chamada epigenética (seção 2.5). Um indivíduo não herda só os genes, ele herda também outras estruturas celulares sem as quais os genes não funcionam.

Como os genes dependem de um ambiente celular para passar as suas informações e dependem tanto que, como já foi mostrado aqui, mudanças no ambiente celular podem causar mudanças na expressão do mesmo gene (pleiotropia), então há um sentido bem claro onde esta herança epigenética também transmite informação. Neste caso, os genes não seriam os replicadores, o replicador seria todo o sistema genético e epigenético unido. A diferença entre o replicador e seu portador, seu veículo, perderia em parte o sentido. Entretanto parece haver uma assimetria entre a informação genética e a informação epigenética. Esta parece atuar mais como uma espécie de “ruído” capaz de interferir na transmissão daquela (Sterelny & Griffiths, 1999, p.106). Sem contar que todas as estruturas epigenéticas tiveram que ser, em algum momento, criadas a partir de informações genéticas. Um óvulo antes de ser fecundado teve sua estrutura epigenética construída a partir de informações genéticas da mãe. O

mesmo vale para o óvulo que deu origem a mãe dele e assim por diante até o aparecimento da primeira estrutura epigenética.

Vemos então que há uma longa discussão sobre qual é a unidade da seleção. Mas há algo que todas estas diferentes visões da seleção natural concordam: não há seleção sem hereditariedade. Mesmo as espécies têm que ter características hereditárias para que possam ser selecionadas. A questão da unidade de seleção pode ser compreendida de certa forma como a questão de qual é o replicador, ou seja, qual ser é capaz de criar cópias de si mesmo e que sua aptidão influencia na sua replicabilidade. Por isso a questão mais abstrata que encontramos no início deste capítulo (seção 2.2), onde falamos em replicador sem deixar claro qual replicador é este, ainda permanece válida mesmo para alguém que discorde do selecionismo gênico.

## 2.13

### O Fim do Passeio

Um longo caminho dentro de múltiplas questões da biologia foi percorrido até aqui, algumas questões foram mais históricas, mas muitas questões tratadas estão entre as descobertas e avanços mais recentes de biologia evolucionista. Infelizmente, dado o tamanho de empreitada, não foi possível perder o caráter fragmentário do texto que se mostrou subdividido em partes nem sempre intimamente relacionadas. Tal descuido será compensado com uma efetiva utilização de todos os temas tratados aqui na explicação do que a memética é, do que ela não é, de quais são suas principais críticas e possíveis respostas. Os assuntos já tratados foram colocados aqui em seqüência por um simples motivo didático para facilitar a compreensão, já que alguns explicavam conceitos utilizados nos outros. No entanto, todos serão revisitados e novamente explicados quando suas informações forem necessárias para o desenvolvimento do texto. Mas antes de tratarmos da memética ainda é preciso mais um pouco de biologia para esclarecer algumas questões que deram origem a muitas confusões.