

TEORIA E PRÁTICA DA EVOLUÇÃO

Disciplina que busca reconstituir as histórias das espécies está, ela própria, em mutação, de acordo com biólogo da UFRJ

Maria Guimarães e Fabrício Marques

O biólogo Carlos Guerra Schrago, do Departamento de Genética da Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ), faz extensas análises de dados no computador, usa estatística e sequências genéticas. Assentado na teoria evolutiva, seu trabalho ajuda a entender aspectos da realidade, como os caminhos da disseminação de uma doença (a epidemia de zika a partir de 2015) e a diversificação de mamíferos, especialmente roedores e primatas.

A variedade de objetos de estudo é reveladora de como a mesma teoria pode ser aplicada a todos os organismos, com uma diferença importante: com uma vida efêmera enquanto indivíduos, microrganismos são capazes de perpetuar-se por meio de uma rápida multiplicação. Aos olhos de um evolucionista, reconstituir a trilha de modificações genéticas resultante dessa replicação se transforma praticamente em um filme que relata sua história.

Graduado em biologia na UFRJ com especialização em bioinformática no Laboratório Nacional de Computação Científica (LNCC), em Petrópolis, Guerra concluiu seu doutorado na UFRJ em 2004 e, entre 2018 e 2019, fez estágio de pós-doutorado na Universidade Harvard, nos Estados Unidos. Na entrevista a seguir, concedida por videoconferência, ele fala de mudanças pelas quais a teoria evolutiva vem passando e de como reage quando estudantes contestam a disciplina. Para ele, os pesquisadores caem em uma armadilha quando reagem como se houvesse um embate entre religião e ciência.



ARQUIVO PESSOAL



Em companhia de Charles Darwin no Museu de História Natural de Londres, em 2018

Seu campo de estudo é a evolução viral. Como você vê a pandemia do novo coronavírus?

Ainda não analisei o material bruto do coronavírus, mas chamou a minha atenção que talvez tenha sido a primeira vez que a biologia evolutiva lidou com um problema prático novo, que é avaliar se uma sequência, seja um genoma de vírus ou de bactéria, foi manipulada em laboratório ou não. O trabalho que mostrou que o vírus Sars-CoV-2 não passou por manipulação, publicado em março na revista *Nature Medicine*, foi assinado por um grupo de virologistas moleculares que trabalham com evolução e teve uma repercussão considerável. É inclusive um problema geopolítico, porque saber se uma sequência teve ou não origem natural implica avaliar se foi objeto de bioterrorismo.

Esse tipo de trabalho também permite analisar a evolução molecular do vírus para traçar como ele está circulando e tentar fazer previsões...

Certamente para a vigilância epidemiológica de qualquer país é relevante saber o ritmo, a taxa de crescimento e de expansão das infecções e tentar traçar de onde esses vírus e sequências vieram. Mas o trabalho feito até agora carece de uma amostragem de sequências maior.

É difícil fazer inferências sobre a dinâmica espacial e temporal de uma epidemia quando a amostragem é incompleta. Em relação ao Sars-CoV-2 circulante no Brasil, mostrou-se que são sequências de vírus originadas da Europa e EUA, mas o esforço de obter amostras não foi homogêneo em todos os países.

Seu laboratório trabalha com zika. Qual o alvo dos estudos?

Nossos questionamentos são teóricos e relacionados à epidemia de zika, e o que se aplica à zika vale para qualquer epidemia. As metodologias de bioinformática ou de evolução molecular são as mesmas. Nosso interesse era saber como se comportam parâmetros relevantes para quem trabalha com saúde pública, como a idade da epidemia, de onde ela veio, sua taxa de crescimento. Há uma quantidade enorme de pressupostos teóricos que queríamos avaliar e isso requer simulações computacionais bastante realistas. Nosso trabalho tem sido desenhar simuladores de crescimento e de dinâmica da epidemia, tentando aproximá-los da realidade do vírus no espaço e no tempo. Isso para avaliar a robustez de métodos tradicionalmente usados, por exemplo, para a reconstrução da história evolutiva do vírus ou cálculos da dinâmica espacial. Concluímos que alguns desses métodos têm problemas. Obtivemos valores mais precisos quando usamos as mudanças silenciosas no genoma, ou seja, mudanças no nível do DNA que não são passadas para o que é aparente, o fenótipo. As mudanças não silenciosas, aquelas que acarretam mudança de fato em alguma proteína que afeta um fenótipo, estão submetidas a regimes de seleção e são mais suscetíveis.

O trabalho envolve estatística e bioinformática. É possível explicar para um leigo como isso funciona?

Em publicações de divulgação científica ou mesmo em filmes de ficção científica, sempre aparecem sequências de DNA com aquelas letrinhas: A, C, T e G. São as bases nitrogenadas que se combinam para formar o DNA. Um dos desafios de quem trabalha com evolução molecular e genética é olhar essas letras, com diversas combinações e possibilidades, e tentar desvendar a história por trás delas. É como chegar na sua casa, olhar os cômodos e tentar descobrir o que aconteceu



Talvez a seleção natural não seja a única explicação, mas ainda é a melhor que temos para entender a complexidade dos seres vivos

enquanto você estava ausente. Às vezes, é simples. Se você tem um cachorro e encontra tudo rasgado na sala, conclui: foi o cachorro. Mas em muitos casos requer a aplicação de modelos avançados. É algo comum do pensamento humano fazer inferências históricas. Entretanto, em biologia evolutiva é preciso estar respaldado por algo mais quantitativo. Na busca por uma comunicação objetiva, recorremos a inferências estatísticas que permitem quantificar mudanças na natureza. Nessa história, tratamos de tudo, de tempo, de quem é parente de quem, de onde veio, como chegou até aqui. Essas perguntas podem ser aplicadas a vírus, plantas, animais.

Como tem sido a evolução dessa metodologia? Como ela contribui para avançar o conhecimento?

A disciplina evolução molecular e filogenética surgiu na década de 1960, embora os conceitos com que trabalhamos sejam mais antigos – de uma história evolutiva compartilhada, de como a diversidade genética responde a regimes de seleção. Mas eles careciam de métodos mais algorítmicos para serem estudados e só foi possível chegar a esse patamar com o crescimento da utilização de computadores nas ciências naturais. Isso também dependeu do conhecimento sobre as sequências de nucleotídeos – e a estrutura

do DNA só foi desvendada nos anos 1950. Até o aparecimento da disciplina, não se tinha ideia de como os genomas evoluíam. Com ela, o tema se tornou objeto de pesquisa e, utilizando dados moleculares, tornou-se possível reconstruir relações evolutivas entre várias espécies e ampliar o conhecimento sobre a árvore da vida, presente nos livros técnicos de ecologia, zoologia, botânica ou qualquer área da biologia. Temos hoje uma biologia bastante unificada pelo discurso evolutivo.

Quando se fala de evolução e seleção natural, as pessoas costumam pensar em animais ou plantas. Você estuda evolução molecular de vírus. O objeto de estudo faz diferença?

Faz diferença porque, no caso dos vírus, a taxa de evolução é muito acelerada e é possível enxergar o processo evolutivo com mais detalhes. Nos grandes mamíferos, é possível enxergar fotografias espalhadas por milhões de anos e fazer inferências sobre o que aconteceu entre uma imagem e outra. No caso dos vírus o espaçamento é menor, mas há algumas complexidades também. O pesquisador precisa estar atento e escolher ferramentas apropriadas para não fazer uma análise enviesada, pois há metodologias para enxergar quadros muito afastados no tempo e outras para quadros muito próximos.

Os vírus usam as células do hospedeiro para se multiplicar e deixam partes de seu material genético inseridos no genoma dos animais. Como os vírus se entrelaçam em nossa história evolutiva?

O que temos até agora são estudos de caso, alguns deles interessantíssimos, mostrando que o papel desses seres é muito mais complexo do que se imaginava. Não há como ponderar se ao longo da história dos mamíferos ou de qualquer outro grupo a contribuição dos vírus tenha sido mais positiva ou mais negativa. Tendemos a achar que é negativa, pois eles são parasitas celulares que utilizam a maquinaria da célula para se replicar e depois a célula morre. Mas nem sempre isso é verdade, e eles podem trazer novidades evolutivas. Isso era inimaginável até algum tempo atrás.

Quanto tempo?

Essas ideias começaram a aparecer por volta dos anos 1990. Depois do entendi-

mento da natureza química do material genético, em 1953, criou-se um conceito de indivíduo muito associado a um único genoma. Entendia-se que, nas células de uma pessoa, o genoma poderia ter pequenas modificações criadas durante o processo de divisão celular. Assim, o genoma de uma célula do fígado poderia ser um pouco diferente do genoma de uma célula do pulmão. Mas ninguém admitiria que outros genomas presentes no organismo, originados de seres tão diferentes quanto bactérias e vírus, poderiam alterar fenótipos e chegar ao ponto de influenciar o comportamento de uma pessoa, como ansiedade e depressão. Chegamos a uma pergunta: afinal de contas, o que é um indivíduo? É apenas o seu genoma ou é o seu genoma e toda essa comunidade de genomas que está presente nesses microrganismos, incluindo os vírus?

Qual será a resposta, na sua avaliação?

O desenvolvimento das técnicas de sequenciamento permite uma análise muito mais detalhada do problema e acho que vamos nos surpreender nos próximos anos. É um desafio considerável inclusive para a bioinformática. A complexidade da informação é gigantesca, porque a variação não é apenas entre pessoas, mas também de uma mesma pessoa ao longo de sua vida. É impossível dar sentido a isso sem o auxílio de computadores. Minha impressão é de que, nos próximos anos, os cursos de biologia terão obrigatoriamente conteúdos de programação de computador para seus estudantes.

Como essa contribuição da microbiologia influencia o conhecimento sobre a teoria da evolução?

O impacto está em andamento. A complexidade do genoma e de sua interação com os genomas de todos esses microrganismos não foi assimilada. Existe uma parcela de pesquisadores que considera a seleção natural a única explicação para a organização surpreendente que vemos nos seres vivos, enquanto outros acham que fenômenos além da seleção natural podem contribuir e defendem que a biologia evolutiva deveria ser reformulada para incorporar essas novidades, abandonando a concepção clássica que vem dos anos 1920. Talvez a seleção natural não seja a única explicação, mas ainda é a

melhor que temos para entender a complexidade impressionante dos seres vivos.

Ainda se discute se os vírus são ou não vivos?

A pandemia do coronavírus mostrou que uma molécula de RNA consegue parar o mundo. Dentro das células, essas moléculas levam a uma rede hierárquica de reações em cadeia. Acaba sendo irrelevante perguntar se o vírus é vivo ou não. Esse debate quase virou uma disputa futebolística.

Estamos em um momento no qual se tornou frequente negar a evolução. Como você vive isso na docência?

É um problema real. Com frequência alunos fazem questionamentos de conteúdo religioso, mas raramente é um questionamento filosófico. O que chega em sala de aula é essa interpretação literal, simplista, em que o estudante argumenta: “Ah, não é isso que o capítulo tal do livro tal, do *Gênesis*, diz”. Acho que isso é bom tema de análise para os sociólogos. Devemos nos perguntar por que isso está aparecendo agora, pois é algo que eu não via 10 anos atrás. É preciso contextualizar o problema. Não se trata de uma disputa entre ciência e religião.

Por que não?

Muitos pesquisadores caem na armadilha e transformam algo que é local e específico em um problema filosófico que não

tem solução. Na verdade, estamos lidando com algo muito menos sofisticado. O estudante nunca vem com um discurso teológico avançado. Tenho a impressão de que alguns estudantes entram na aula de evolução achando que é uma disciplina para ensinar ateísmo. Então, é natural que atuem de maneira hostil, porque cresceram em um ambiente familiar religioso e seu entendimento de moral está associado a princípios religiosos.

Como lidar com isso?

Combatendo a percepção de que o discurso científico é pregação ateísta. O professor precisa contextualizar quais são os limites e os agentes do discurso científico. Para o estudante tem que estar claro que o discurso científico é limitado pelo naturalismo metodológico a agentes que devem ter relação mecânica de causa e efeito. Qualquer tipo de agente não natural é incompatível com o universo que caracteriza o discurso científico. Uma vez eu tive de explicar: “Isto aqui é aula de biologia evolutiva, não de apologética ateísta. Eu não sou apologista de matérias do divino, sou biólogo”. Com isso, o aluno fica mais tranquilo e entende que, a partir daqui, fazer qualquer tipo de pulo metafísico é complicado. E isso inclui a aceitação ou rejeição de interpretações metafísicas do naturalismo. Quando alguém diz que hipóteses pseudocientíficas como a do “design inteligente” deveriam entrar nos livros de biologia evolutiva, deve-se indagar o seguinte: o que se propõe está envolto em naturalismo metodológico? Os agentes que estão atuando têm relação mecânica de causa e efeito? Não têm. Então, ótimo, pode-se fazer o que quiser com isso, mas no livro de evolução não entra. Criar essa proteção para o discurso científico evita o problema, mas também tem uma consequência que desagradará a alguns cientistas.

Qual?

A consequência de apresentar o discurso da ciência como apenas um dos discursos possíveis do intelecto humano. Para o cientista, é muito complicado dissociar a relação de igualdade entre ciência e conhecimento. Quando se afirma que existem outras formas de conhecimento fora da proteção do naturalismo metodológico, o cientista tem dificuldade em compreender. Para ele, o mundo só é cognoscível pelo naturalismo metodológico. ■



O discurso científico é limitado pelo naturalismo metodológico a agentes que devem ter relação mecânica de causa e efeito