

Ambiguidades que limitam uma definição de raça

O conceito de raça não se sustenta se for definido como grupos geneticamente distintos.

Os pesquisadores podem usar informações genéticas para reunir pessoas em grupos com relevância terapêutica.

Nas ruas de qualquer cidade grande podemos ver uma amostra da variedade aparente da humanidade: tons de pele que vão do leite claro ao marrom escuro; texturas de cabelo variadas, desde as finas e lisas até as grossas e crespas. As pessoas usam freqüentemente características físicas como essas - juntamente com a área de origem geográfica e a cultura compartilhada - para agruparem a si mesmas e a outras em "raças". Mas qual é, do ponto de vista biológico, a validade do conceito de raça? As características físicas transmitem alguma informação confiável sobre a constituição genética da pessoa, para além da indicação de que a ela possui os genes associados a olhos azuis ou cabelos enrolados?

A questão é difícil, em parte porque a definição implícita a respeito do que torna a pessoa membro de uma raça particular difere conforme a região do mundo. Alguém classificado como "negro" nos Estados Unidos, por exemplo, pode ser considerado "branco" no Brasil e "de cor" (uma categoria distinta do "negro" e do "branco") na África do Sul.

Mas as definições ordinárias de raça algumas vezes funcionam bem para dividir grupos de acordo com as inclinações geneticamente determinadas para certas doenças. A anemia falciforme, por exemplo, afeta geralmente descendentes de africanos ou mediterrâneos, e a fibrose cística é mais comum entre as pessoas de ascendência européia. Além disso, embora os resultados sejam controversos, alguns estudos sugerem que os afro-americanos tendem a reagir de forma mais deficiente a certas drogas destinadas ao tratamento de doença cardíaca.

Durante os últimos anos, cientistas reuniram dados relativos à constituição genética de populações em todo o mundo num esforço para investigar o elo entre a ancestralidade e os padrões de doença. Esses dados estão agora fornecendo respostas para várias questões polêmicas. Poderíamos usar a informação genética para distinguir grupos humanos com herança comum e para classificar indivíduos em determinados grupos? Esses grupos corresponderiam às descrições usadas para especificar a raça? E, em termos mais práticos, a divisão das pessoas conforme as definições raciais costumeiras, ou as similaridades genéticas informariam algo útil sobre como os membros desses grupos vivenciam uma doença ou reagem a um tratamento?

Em geral, responderíamos sim à primeira questão, não para a segunda, e diríamos um sim enfático para a terceira. Nossas respostas fundamentam-se em várias generalizações sobre raça e genética. Alguns grupos diferem geneticamente de outros, mas o modo pelo qual são divididos depende de que genes são examinados. Tomando como critério os genes relativos à cor da pele, uma pessoa pode ser classificada em um grupo, mas essa mesma pessoa pode ser classificada em um grupo diferente se o critério for outra característica. Muitos estudos demonstraram que cerca de 90% da variação genética humana ocorrem no interior de uma população que vive em determinado continente, enquanto que 10% da variação distinguem populações continentais.

Em outras palavras, em média o âmbito de variação genética no interior de uma população humana particular é muito maior que entre duas populações. Isso significa que os indivíduos de populações diferentes são, em média, apenas um pouco mais diferentes entre si que indivíduos da mesma população.

As populações humanas são muito similares, mas podem, freqüentemente, ser distinguidas.

Classificando os Humanos

Para identificar os elos entre as definições sociais de raça e a herança genética os cientistas devem, em primeiro lugar, encontrar um modo seguro de dividir os grupos segundo a ancestralidade. Nos últimos 100 mil anos, os humanos anatomicamente modernos migraram da África para outras partes do mundo e aumentaram dramaticamente em número. Essa expansão deixou uma marca distinta em nosso DNA comum. Para determinar o grau de parentesco entre grupos, os geneticistas apóiam-se em pequenas variações, ou polimorfismos, no DNA especificamente na sequência de pares de base, os constituintes do DNA. A maioria desses polimorfismos não ocorre no interior dos genes, as seqüências de DNA que codificam a informação para a elaboração das proteínas (as moléculas que constituem grande parte de nossos corpos e que realizam as reações químicas da vida).

Assim, essas variações comuns são neutras, já que não afetam diretamente um traço particular. Alguns polimorfismos, porém, ocorrem nos genes, podendo contribuir para a variação individual dos traços e para as doenças genéticas.

Ao seqüenciarem o genoma humano (o conjunto total do DNA nuclear), os cientistas identificaram milhões de polimorfismos. A distribuição desses polimorfismos nas populações reflete suas histórias e os efeitos da seleção natural. Para permitir a distinção entre grupos o polimorfismo genético ideal seria um que estivesse presente em todos os membros de um grupo e ausente nos membros de todos os outros. Mas os principais grupos humanos separaram-se muito recentemente e misturaram-se em demasia para permitir a existência dessas diferenças.

Os polimorfismos que ocorrem em diferentes freqüências ao redor do mundo podem, entretanto, ser usados para uma classificação aproximada das pessoas em grupos. Um tipo útil de polimorfismo é o Alus, pequenas peças de DNA que possuem seqüência similares entre si. O Alus replica ocasionalmente, e a cópia resultante insere-se aleatoriamente em uma nova posição no cromossomo original ou em outro cromossomo, em geral em uma localização que não exerce efeitos sobre o funcionamento dos genes próximos. Cada inserção é um evento único. Uma vez inserida, uma seqüência de Alus pode permanecer no lugar ao longo de eras, passando da pessoa para os seus descendentes. Portanto, se duas pessoas têm a mesma seqüência Alus no mesmo ponto em seu genoma, elas descendem de um ancestral comum que lhes transmitiu aquele segmento específico de DNA.

Um de nós (Bamshad), trabalhando com Lynn B. Jorde, Stephen Wooding e W. Scott Watkins, cientistas da University of Utah, e com Mark A. Batzer, da Louisiana State University, examinou 100 diferentes polimorfismos Alu em 565 pessoas nascidas na África subsaariana, na Ásia e na Europa.

Primeiro, determinamos a presença ou a ausência dos 100 Alus em cada uma das 565 pessoas. Em seguida, afastamos dos dados os critérios identificadores (como lugar de origem e grupo étnico) e distribuímos as pessoas em grupos usando apenas sua informação genética. Nossa análise resultou em quatro grupos diferentes. Quando reintroduzimos os critérios para examinar se a atribuição de cada grupo individual se correlacionava com os critérios comuns, previamente definidos, de raça e etnia, percebemos que dois dos grupos consistiam só de indivíduos da África subsaariana, sendo que um deles era composto quase inteiramente de pigmeus Mbutti. Os outros dois grupos eram compostos, respectivamente, apenas por indivíduos da Europa e do leste da Ásia. Descobrimos que precisávamos de 60 polimorfismos Alus para determinar, com 90% de exatidão, o continente original dos indivíduos. Para obter aproximadamente 100% de exatidão, porém, precisaríamos usar por volta de 100 Alus.

Outros estudos forneceram resultados comparáveis. Noah A. Rosenberg e Jonathan K. Pritchard, geneticistas que trabalham no laboratório de Marcus W. Feldman, da Stanford University, analisaram cerca de 375 polimorfismos chamados de repetições pequenas em tandem (short tandem repeats) em mais de mil pessoas de 52 grupos étnicos diferentes da África, Ásia, Europa e Américas. Examinando as freqüências variadas desses polimorfismos, puderam distinguir cinco grupos diferentes de pessoas cujos ancestrais estiveram isolados por oceanos, desertos ou montanhas: africanos subsaarianos; europeus e asiáticos a oeste do Himalaia; asiáticos do leste; habitantes da Nova Guiné e da Melanésia e americanos nativos. Os pesquisadores identificaram, no interior de cada região, subgrupos que em geral correspondiam à etnia que cada um dos membros declarara.

Esses resultados indicam que as análises genéticas podem distinguir grupos de pessoas de acordo com suas origens geográficas. Mas é preciso tomar cuidado. Os grupos de determinação mais fácil foram os que estavam amplamente separados entre si geograficamente. Essas amostras maximizam a variação genética entre os grupos.

Quando Bamshad e colegas usaram os seus 100 polimorfismos Alu para tentar classificar uma amostra de indivíduos do sul da Índia em um grupo separado, os indianos revelaram ter mais em comum com os europeus ou os asiáticos. Em outras palavras, como a Índia esteve sujeita a muitas influências genéticas da Europa e da Ásia, as pessoas desse subcontinente não se agrupam em um único conjunto.

Concluímos assim que pode ser necessário examinar centenas, talvez milhares de polimorfismos para distinguirmos grupos cujos ancestrais misturaram-se, historicamente, com várias populações.



Pessoas de diferentes populações são, em média, apenas ligeiramente mais distintas umas das outras que pessoas do mesmo grupo

A Raça Humana

Já que as pessoas podem ser em geral classificadas em grupos mediante o uso de dados genéticos, cabe perguntar: as noções comuns de raça correspondem às diferenças genéticas subjacentes entre as populações? Em alguns casos sim, mas freqüentemente não. Por exemplo, costuma-se usar a cor da pele ou as características faciais traços influenciados pela seleção natural para dividir as pessoas em raças. Mas grupos com características físicas similares podem ser totalmente diferentes geneticamente. Indivíduos da África subsaariana e aborígenes australianos podem ter a pigmentação da pele similar (resultado da adaptação ao sol intenso), mas geneticamente são inteiramente distintos.

Em oposição, dois grupos que são geneticamente similares podem ter sido expostos a diferentes forças seletivas. Neste caso, a seleção natural pode exagerar algumas das diferenças entre os grupos, fazendo com que eles pareçam, superficialmente, mais distintos do que na realidade são. Traços como a cor da pele foram fortemente afetados pela seleção natural e não refletem necessariamente os processos que moldaram, na população, a distribuição de polimorfismos neutros como o Alus ou as pequenas repetições em tandem. Assim, traços ou polimorfismos afetados pela seleção natural podem ser índices deficientes para determinar a identificação com um grupo e podem implicar parentesco genético quando, de fato, essa relação quase não existe.

Outro exemplo de como é difícil caracterizar as pessoas diz respeito às populações dos Estados Unidos. A maioria das pessoas que se descrevem como afro-americanas têm ancestrais relativamente recentes no oeste da África, e os africanos do oeste apresentam, geralmente, freqüências de polimorfismos que podem ser distinguidas das freqüências dos europeus, asiáticos e americanos nativos. A fração de variações de genes que os afro-americanos compartilham com os africanos do oeste, entretanto, está longe de ser uniforme, pois, durante séculos, os afro-americanos misturaram-se com grupos provenientes de outras partes da África e de regiões que estão além desse continente.

Nos últimos anos, Mark D. Shriver, da Pennsylvania State University, e Rick A. Kittles, da Howard University, definiram um conjunto de polimorfismos para estimar a fração dos genes de uma pessoa que se origina em cada região continental. Descobriram que a contribuição do oeste da África para os genes dos indivíduos afro-americanos foi, em média, de 80%, embora varie entre 20% e 100%. A mistura de grupos é também aparente em muitas pessoas que acreditam ter só ancestrais europeus. Segundo as análises de Shriver, cerca de 30% dos americanos que se consideram "brancos" têm menos de 90% de ancestralidade européia. Assim, a ancestralidade declarada pelas pessoas não é necessariamente um bom índice da composição genética de grande número de americanos. As noções comuns de raça nem sempre refletem a composição genética da pessoa.



Análises genéticas permitem distinguir grupos de pessoas segundo a origem geográfica. Mas é preciso cautela com este critérios

A compreensão da relação entre a raça e a variação genética tem importantes aplicações práticas. Vários dos polimorfismos que diferem em freqüência entre grupos exercem efeitos específicos sobre a saúde. As mutações responsáveis pela anemia falciforme e por alguns casos de fibrose cística, por exemplo, resultam de alterações genéticas cujas freqüências parecem ter aumentado porque eram uma proteção contra doenças predominantes, respectivamente, na África e Europa. As pessoas que herdaram uma cópia do polimorfismo da anemia falciforme mostram alguma resistência à malária; as que herdaram o traço da fibrose cística podem ser menos propensas à desidratação resultante do cólera. Os sintomas só surgem naqueles que herdaram duas cópias das mutações.

A variação genética também desempenha um papel na suscetibilidade individual a um dos piores flagelos de nossa época: a Aids. Algumas pessoas têm uma pequena falha nas cópias de um gene que codifica um receptor particular na superfície da célula, chamado de receptor chemokine 5 (CCR5). Esses indivíduos não produzem receptores CCR5 na superfície de suas células. A maioria dos tipos de HIV-1, o vírus que causa a Aids, liga-se ao receptor CCR5 para entrar nas células e, portanto, as pessoas que carecem dos receptores CCR5 são resistentes à infecção pelo HIV-1. Este polimorfismo no gene receptor CCR5 é encontrado quase exclusivamente em grupos a nordeste da Europa.

Vários polimorfismos no CCR5 não impedem a infecção, mas influenciam o ritmo com que a infecção pelo HIV-1 leva à Aids e à morte. Alguns desses polimorfismos exercem efeitos similares em diferentes populações, enquanto outros apenas alteram a velocidade da progressão da doença em grupos determinados.

Um polimorfismo, por exemplo, está associado à lenta progressão da doença em europeus-americanos, mas com a progressão acelerada em afro-americanos. Nesses exemplos e em outros similares um polimorfismo exerce um efeito relativamente grande sobre uma doença. Se o mapeamento genético fosse barato e eficiente, todas as pessoas poderiam ser mapeadas em relação a todas essas variações de genes vinculadas a essas doenças. Mas o mapeamento genético ainda é caro e suscita questões relativas à privacidade e ao consentimento: algumas pessoas podem não querer saber sobre os fatores genéticos capazes de aumentar o risco de desenvolver uma doença particular.

Até que essas questões tenham sido decididas, a ancestralidade declarada pelas pessoas continuará sendo um recurso de diagnóstico potencialmente útil para os médicos.

A ancestralidade pode ser relevante também para algumas doenças comuns em determinadas populações. A maioria das doenças comuns, como hipertensão e diabetes, são os resultados acumulados de polimorfismos em vários genes, cada um dos quais exerce uma pequena influência própria. A pesquisa recente sugere que polimorfismos que exercem um efeito particular sobre um grupo podem ter influências diferentes em outro. Esse tipo de complexidade torna ainda muito mais difícil usar os polimorfismos detectados como orientação.

Raça e Medicina

A importância de pertencer a um grupo para o tratamento de doenças foi, em anos recentes, tema de controvérsia. Em janeiro passado, o Food and Drug Administration (FDA) dos Estados Unidos divulgou orientações defendendo a coleta de dados raciais e étnicos em todos os testes clínicos. Alguns pesquisadores contestaram, afirmando que as diferenças entre os grupos são tão pequenas, e que os abusos históricos associados com a classificação das pessoas conforme a raça foram tão extremos que o fato de se pertencer a um grupo deve desempenhar, no máximo, um papel diminuído nos estudos médicos e genéticos. Eles sustentam que o FDA deve abandonar sua recomendação e, em vez disso, estimular os pesquisadores a realizar testes clínicos destinados a coletar dados genômicos sobre cada pessoa. Outros sugerem que somente mediante o uso da noção de se integrar um grupo, incluindo as definições comuns de raça baseadas na cor da pele, será possível compreendermos como as diferenças genéticas e ambientais entre os grupos contribuem para as doenças.

Uma série de artigos na edição de março passado do New England Journal of Medicine debateu os dois lados das implicações médicas da noção de raça. Os autores de um artigo Richard S. Cooper, da Loyola Stritch School of Medicine, Jay S. Kaufman, da University of North Carolina at Chapel Hill e Ryk Ward, da University of Oxford argumentam que raça não é um critério adequado para ser aplicado pelos médicos na escolha de uma droga particular para um determinado paciente. Eles apontaram duas descobertas de diferenças raciais que são consideradas questionáveis: a de que uma combinação de certas drogas dilatadoras dos vasos sanguíneos seria mais eficaz no tratamento da insuficiência cardíaca de pessoas com ancestrais africanos e a de que inibidores específicos de enzimas (enzima de conversão angiotensina, ou inibidores ACE) são pouco eficazes para o tratamento dessas pessoas. No segundo artigo, um grupo liderado por Neil Risch, da Stanford University, respondeu que grupos raciais ou étnicos podem diferir entre si geneticamente e que essas diferenças podem ter relevância médica. Eles citam um estudo mostrando que a taxa de complicações da diabetes de tipo 2 varia de acordo com a raça, mesmo levando-se em conta disparidades de educação e de renda.

A intensidade desses argumentos reflete influências científicas e sociais. Muitos estudos biomédicos não definiram rigorosamente o critério de se pertencer a um grupo, confiando, em vez disso, em relações inferidas baseadas em categorias raciais. A disputa sobre a importância da integração a um grupo ilustra também como a percepção da raça é fortemente moldada por diferentes perspectivas sociais e políticas. Nos casos em que integrar um grupo geográfica ou culturalmente definido está correlacionado com traços genéticos vinculados à saúde, o conhecimento de algo sobre o grupo do indivíduo pode ser importante para um médico. À medida que os grupos humanos vivem em meios diferentes e têm experiências distintas que afetam a saúde, o fato de ser parte de um grupo pode refletir também fatores não genéticos que são relevantes para os médicos.

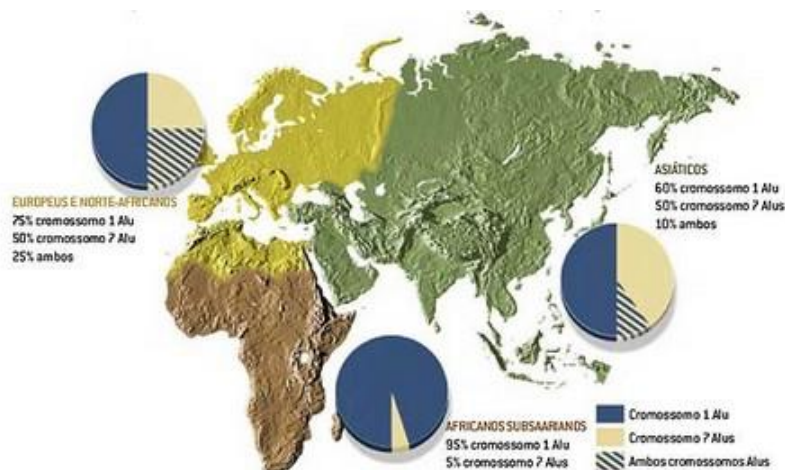
A despeito das implicações médicas da genética da raça, as descobertas das pesquisas são por si só estimulantes. Durante centenas de anos, as pessoas quiseram saber de onde vieram os vários grupos humanos e como eles estão relacionados entre si. Elas especularam sobre as razões que explicam as diferenças de aparência física entre os grupos humanos e perguntaram-se se as diferenças biológicas entre os grupos são mais que superficiais. Os novos dados genéticos e os novos métodos de análise estão permitindo que abordemos essas questões. O resultado será uma compreensão muito mais profunda de nossa natureza biológica e de nossa inter-relação humana.

A diversidade e Genética Humana

Os pesquisadores freqüentemente usam pequenas peças de DNA chamadas de polimorfismos Alu para determinar se diferentes populações estão relacionadas entre si. Os Alus não têm

nenhuma função conhecida, mas eles se replicam e se inserem aleatoriamente no genoma de uma pessoa. Como os Alus inseridos não são extirpados, os padrões Alus podem ser usados como um critério para estimar a proximidade genética entre duas pessoas - e, na média, entre duas populações. Por exemplo, um polimorfismo Alu no cromossomo 1 ocorre aproximadamente em 95% dos africanos subsaarianos que formaram a amostra, em 75% dos europeus e africanos do norte e em 60% dos asiáticos, enquanto que um polimorfismo Alu diferente no cromossomo 7 está presente em aproximadamente 5% dos subsaarianos, 50% dos europeus e africanos do norte e 50% dos asiáticos.

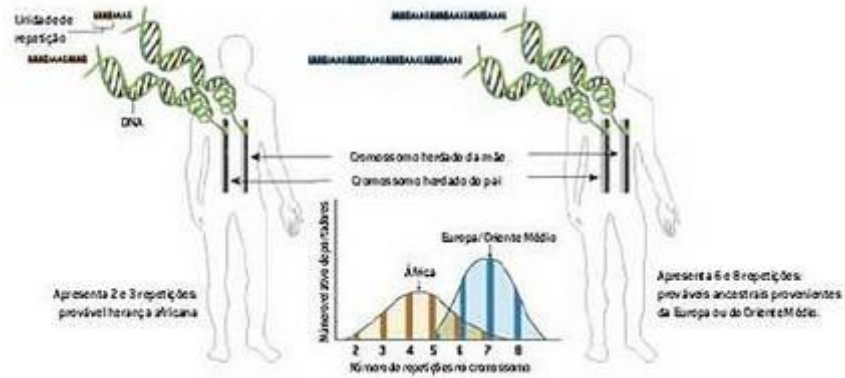
Algumas pessoas apresentam os dois polimorfismos. Um único polimorfismo não pode, por si só, distinguir entre todos os membros de um grupo humano e todos os membros de outro grupo, mas a análise de centenas desses polimorfismos permite que os cientistas agrupem os indivíduos de diferentes localidades de acordo com o seu perfil genético - M.J.B e S.E.O.



Rastrear as origens humanas

A contagem do número de unidades de DNA nos cromossomos, chamadas de repetições pequenas em tandem (short tandem repeats), permite que os

cientistas agrupem os indivíduos de acordo com a sua provável ancestralidade. Uma dessas repetições, a AAAG, ocorre entre duas e sete vezes nas pessoas com herança africana, mas entre cinco e oito vezes nas pessoas cujos ancestrais vieram da Europa ou do Oriente Médio. (Toda pessoa herda um conjunto de repetições da mãe e um do pai.) Assim, alguém que apresenta dois e três repetições tem, provavelmente, herança africana, enquanto alguém que apresenta seis e oito repetições tem provavelmente ancestrais provenientes da Europa ou do Oriente Médio. No entanto, pessoas que apresentam entre cinco e sete repetições ocorrem em ambas as populações, o que torna mais difícil classificar essas pessoas usando apenas esta repetição. - M.J.B. e S.E.O.



Para conhecer mais

Mapping Human History: Genes, Race, and Our Common Origins. Steve Olson. Houghton Mifflin, 2002.

Human Population Genetic Structure and Inference of Group Membership. Michael J. Bamshad et al. em American Journal of Human Genetics, Vol. 72, no 3, págs. 578-589; março de 2003.

The importance of Race and Ethnic Background in Biomedical Research and Clinical Practice. Esteban Gonzalez Burchard et al. em New England Journal of Medicine, Vol. 348, no 12, págs. 1170-1175; 20 de março de 2003.

Race and Genomics. Richard S. Cooper, Jay S. Kaufman e Ryk Ward em New England Journal of Medicine, Vol. 348, no 12, págs. 1166-1170; 20 de março de 2003.

http://www2.uol.com.br/sciam/reportagens/ambiguidades_que_limitam_uma_definicao_de_raca.html

Evolução do homem

De acordo com diversas pesquisas científicas, o aparecimento dos primeiros ancestrais do homem surgiu a cerca de 3,5 – 4 milhões de anos atrás. Os primeiros hominídeos pertenciam ao gênero Australopithecus e se diferenciavam dos demais primatas por conta de sua postura ereta, locomoção bípede e uma arcada mais próxima da atual espécie humana. Apesar de ser considerado o primeiro ancestral humano, não existe um estudo conclusivo sobre a escala evolutiva.

Segundo alguns estudos, os sucessores do Australopithecus foram os Homo habilis (2,4 milhões de anos) e o Homo erectus, o qual haveria surgido há aproximadamente 1,8 milhões de anos atrás. O seu maxilar apresentaria uma consistência maior e seus dentes seriam mais largos. Além disso, tinha uma caixa craniana de maior porte e uma postura mais ereta. Segundo consta, este teria habitado regiões diversas da África e da Ásia como o Java, China, Etiópia e Tanzânia.

A partir do processo evolutivo sofrido por esse último espécime, haveria surgido o chamado Homo sapiens, uma espécie da qual descenderia o Homo neanderthalensis. Este integrante do processo evolutivo humano teria vivido entre 230 e 30 mil anos atrás. De acordo com os estudos a seu respeito, o neanderthalensis produzia armas e utensílios com maior sofisticação e realizavam rituais funerários simples. Durante algum tempo, teria vivido juntamente como o Homo sapiens moderno.

Este último corresponde a nossa espécie e teria surgido no planeta há cerca de 150 mil anos atrás. De acordo com os estudos sobre esse último estágio da escala evolutiva, o Homo sapiens moderno teve a incrível capacidade de se espalhar em outras regiões do mundo em um relativo curto espaço de tempo. Aproveitando das conquistas consolidadas por seus ancestrais, teve a capacidade de desenvolver a linguagem, dominar o fogo e construir instrumentos diversos.

Com a interrupção desse processo, dava-se início a outros processos que empreenderiam a formação de manifestações e organizações sociais mais completas. Depois disso, ocorreriam as transformações que encerrariam o extenso Período Paleolítico, que termina em 8000 a.C.. Logo em seguida, ocorreria o desenvolvimento do Período Neolítico (8000 a.C. – 5000 a.C.) e a Idade dos Metais, que vai de 5000 a.C. até o surgimento da escrita, que encerra a Pré-história.

<http://mundoeducacao.bol.uol.com.br/historiageral/a-evolucao-homem.htm>

As cores dos homens sapiens

- *Homo sapiens europaeus* : Branco, sério, forte
- *Homo sapiens asiaticus* : Amarelo, melancólico, avaro
- *Homo sapiens afer* : Negro, impassível, preguiçoso
- *Homo sapiens americanus* : Vermelho, mal-humorado, violento

http://www.cienciahoje.org.br/noticia/v/ler/id/4345/n/o_dna_do_racismo/Post_page/30