

Raça, evolução humana e as (in)certezas da genética

Race, human evolution and the (un)certainities of genetics

Josué Laguardia

Rua do Russel, 404 apt. 504 . Glória. Rio de Janeiro. Rio de Janeiro. Brasil. CEP: 22.210-010. E-mail: josue_laguardia@yahoo.com.br

Palavras-chave: raça, evolução humana, genética, diversidade.

Keywords: race, human evolution, genetics, diversity.

Resumo

Nas controvérsias atuais sobre raça e diversidade racial, a genômica é celebrada como produtora de inovações tecnológicas e detentora de autoridade científica. Ela também tem sido proposta como o ramo da ciência que poderia confirmar ou refutar a existência biológica das raças humanas. Tendo como alvo os pesquisadores da Saúde Pública não familiarizados com as discussões da genética sobre raças humanas, o presente artigo tem como propósito apresentar as hipóteses que, presentes na literatura genética, defendem ou refutam as afirmações acerca do caráter biológico da raça, apontando as limitações de seus pressupostos e a ambivalência das interpretações em torno dos achados que embasam tais afirmações. Circunscrevendo a discussão aos aspectos relativos à definição de espécie e subespécie e aos modelos evolucionários humanos, procura destacar as possibilidades de contestação das interpretações sobre os achados genéticos e oferecer aos pesquisadores argumentos que possibilitem a superação do racismo subjacente às teorias genéticas sobre a diversidade humana.

Summary

In the current controversies about race and racial diversity, the genomics, is being celebrated as producer of technological innovations and holder of scientific authority. It is being also proposed as the science branch that could confirm or refute the biological existence of human races. Targeting the researchers on Public Health who are not familiar with discussions about human races in genetics, this article reviews the scientific literature on the subject, pointing out, on the one hand, some of the hypothesis used to corroborate or rebut the biological notions of race, and on the other, the limitations of their assumptions and the ambivalence of their interpretations. It circumscribes the discussion to those aspects related to the definition of species and subspecies as well as the human evolutionary models. The objective is to highlight the possibilities of contestation of some interpretations about genetic findings on race, emphasizing the political and ideological aspects of science and providing the investigators with arguments that can help to overcome the racism that lies beneath genetic theories about human diversity.

A despeito de todo o entusiasmo desencadeado pelos avanços teóricos e tecnológicos da nova genética e dos achados das investigações sobre as populações humanas, ainda restam dúvidas acerca da adequação da informação sequencial para entendimento das nossas funções biológicas e, por conseguinte, das nossas origens. Como destaca Keller (2000), as novas descobertas da genômica romperam com a própria noção de auto-identidade do gen, não apenas a função do gen não estaria claramente mapeada na estrutura como também ela deveria ser distinguida de um *locus* específico e particular do cromossomo. Essa autora afirma que ao pensarmos o gen como uma unidade de função, este gen funcional não poderia mais ser tido como idêntico à unidade de transmissão, ou seja, com a entidade responsável pela memória intergeracional. Na verdade, o gen funcional poderia não ter mais qualquer fixidez, tendo uma existência frequentemente transitória e contingente que depende da dinâmica funcional de todo o organismo. A estabilidade não estaria na estrutura estática de uma entidade, mas como o produto de um processo dinâmico onde o gen seria parte e parcela de processos definidos e trazidos à existência pela ação de um sistema dinâmico autoregulante.

Na controvérsia sobre a raça, a genômica, detentora de inovações tecnológicas e de autoridade científica, tem sido proposta como o ramo da ciência que poderia confirmar ou refutar, sob testes objetivos, as alegações biológicas da noção de raças humanas (Disotell, 2000^a; Crow, 2002; Cooper et al., 2003). Harpending et al. (2000) assinalam que a disponibilidade de um grande número de marcadores genéticos nas últimas décadas propiciou esforços para reconstruir a história biológica e compreender a gênese das diferenças humanas. Os padrões derivados da diferenciação genética funcionariam como recortes analíticos para a compreensão das dinâmicas populacionais, permitindo inferir como os eventos demográficos passados e o impacto de fatores seletivos moldaram a variação no genoma humano (Tishkoff et al., 2003) e se essa diferenciação constituiria em evidências da existência de raças. Como aponta Vanouse (2000), esses estudos poderiam levar tanto a uma compreensão mais realista do ser humano, em que a refutação das bases biológicas da raça promoveria um fim do racismo, quanto a uma nova abordagem da eugenia que enfatizaria o valor da normalidade e seria passível de estigmatizar com base em valores raciais dominantes. Foster et al. (2002) destacam que, embora a maioria dos geneticistas rejeite a idéia de que diferenças biológicas implicam em distinções raciais, vários estudos em genética clínica e das populações continuam a associar achados biológicos com as identidades sociais dos participantes dessas pesquisas. Para esses autores, é crescente o número de estudos que usam características genéticas para reconstruir histórias populacionais, aplicando critérios biológicos para definir e redefinir atributos comuns entre participantes que foram recrutados com base em identidades lingüísticas, raciais, étnicas ou geográficas compartilhadas. Este procedimento assumiria, ainda que de forma sutil, que as diferenças étnicas e raciais poderiam capturar algumas diferenças biológicas relevantes.

As expectativas de que os achados do sequenciamento do genoma humano dariam fundamentação científica às classificações raciais não se confirmaram e os dados divulgados tornaram popular a idéia de que a espécie humana é geneticamente homogênea quando comparada à maioria das outras espécies (Do Races Differ? Not Really, DNA Shows – *The New York Times*, August/2000). Porém, ao levantar dúvidas quanto ao caráter biológico dessas classificações, os estudos sobre a diversidade gênica humana trouxeram, ao contrário do que era esperado, um interesse renovado nas diferenças biológicas entre populações raciais e étnicas, adicionando novos elementos à discussão referente à validade do conceito de raça humana como subespécie e a plausibilidade dos modelos evolucionários. O debate acerca de questões metodológicas e aspectos éticos do Projeto de Diversidade do Genoma Humano (PDGH) e das bases de dados genômicos já apontavam os desafios a serem enfrentados pelos pesquisadores na concepção dos estudos de diversidade gênica, especialmente na definição de uma população representativa para fins amostrais (Lock, 1994; Foster et al., 2002). Questões relativas à utilização de consentimento informado, à coleta das amostras, se de grupos lingüísticos e étnicos bem-definidos ou de populações autóctones distribuídas de forma relativamente homogênea ao longo de uma grade geográfica, o número adequado de amostras por população – 50, 25 ou 10 e a permanência dos identificadores sociais nos registros foram apontadas por pesquisadores e representantes das populações envolvidas.

Todavia, se os achados da genética têm levado os cientistas a comparar o seqüenciamento do genoma à descoberta, não da Pedra de Roseta, mas do disco de Phaestos, as lacunas e incertezas desse conhecimento não parecem ter abalado a confiança dos pesquisadores que, nas últimas décadas, têm buscado na diversidade gênica as evidências que comprovem a existência das raças humanas. Apesar das críticas a uma reificação de identidades raciais como constructos biológicos e das implicações éticas e legais derivadas do essencialismo genético, um número crescente de estudos tem gerado achados que, respaldados em critérios científicos, servem para formulação de discursos naturalizantes das diferenças entre os grupos étnico-raciais.

Stepan et al. (1993) destacam que uma das respostas ao racismo científico por parte daqueles pesquisadores sujeitos aos estereótipos de inferioridade racial é a recontextualização dos achados científicos, utilizando os instrumentos da ciência para questionar a explicação dos fatos ou gerando dados sobre os quais novas afirmações poderiam ser feitas - contradiscurso científico. Desse modo, o intelectual chama a tenção para os erros metodológicos, as limitações dos dados e a lógica falaciosa do discurso científico dominante sobre as diferenças humanas, indicando direções inovadoras para contextualização dos fatos. Tomando como público-alvo os pesquisadores que não estão afeitos ao conhecimento genômico, o presente artigo buscou apontar algumas das hipóteses genéticas empregadas na defesa ou refutação das afirmações acerca do caráter biológico da raça, as críticas e limitações de seus pressupostos e a ambivalência das interpretações em torno dos achados que embasam tais afirmações. Circunscrevendo a discussão aos aspectos relativos à definição de espécie e subespécie e aos modelos evolucionários humanos, procurou-se destacar as possibilidades de contestação de algumas interpretações sobre os achados genéticos, ressaltando o caráter político e ideológico da ciência e provendo os pesquisadores com argumentos que favoreçam a superação do racismo subjacente às teorias genéticas sobre a diversidade humana.

O conceito de espécie, no seu uso científico mais corrente, dá primazia ao critério de incompatibilidade reprodutiva como uma importante característica para sua definição, porém a mesma orientação não é observada na definição de subespécie (ou raça). Os critérios para definição de subespécie tomam em consideração os seguintes critérios: a) a proximidade das relações genéticas intragrúpis, b) a descontinuidade essencial entre conjuntos de indivíduos, c) a diferenciação morfológica entre populações co-específicas e a circunscrição geográfica e diferenciação genética ou d) compartilhamento de um local geográfico único associado a um conjunto de caracteres fenotípicos filogeneticamente concordantes e uma história natural singular relativa a outras subdivisões da espécie. Gould (1987) assinala que a especificação da subespécie deve satisfazer dois critérios: 1) ser reconhecível por suas características morfológicas, fisiológicas e comportamentais, ou seja geneticamente diferente de outras subespécies e 2) precisa ocupar uma subdivisão na esfera geográfica total da espécie. Para esse autor, diferentemente de outras categorias taxonômicas, as fronteiras da subespécie não podem ser fixas e determinadas porque “por definição, um membro de uma subespécie pode inter cruzar-se com membros de quaisquer das subespécies de sua espécie” (p.231). Caso isso não ocorra, ele deve constituir uma espécie à parte. Na sua maioria, estas definições consideram que vários caracteres morfológicos, comportamentais ou outros traços fenotípicos tenderiam a co-variarem dentro de presumidas subespécies indicando que, sob a ação da demografia, da adaptação local, da seleção sexual ou outros efeitos evolucionários compartilhados, membros de um grupo se diferenciariam de outros indivíduos pertencentes a grupos distintos.

Templeton (1999) sugere dois possíveis critérios de definição de raça: delimitar o limiar quantitativo mínimo no montante de diferenciação genética que é requerido para que se reconheça subespécies ou permitir que raças ou subespécies sejam definidas apenas por padrões geográficos encontrados para traços ou caracteres fenotípicos particulares.

No que se refere à diferenciação genética, as mudanças na frequência de alelos nas populações devem-se à seleção natural, resultante da variação populacional entre genótipos individuais nas suas probabilidades de sobrevivência e/ou reprodução, à mutação, à deriva genética e à migração (Cavalli-Sforza et al., 2003). Uma vez que eventos idênticos não ocorrem em todas as populações humanas ao mesmo tempo, populações diferentes divergem nas suas características genéticas. Estas divergências podem ser estimadas ao se examinar os padrões e quantidade de diversidade gênica encontrada dentro de populações e entre estas populações por

meio da estatística padrão F_{st} ou de outras medidas variantes - R_{st} ou G_{st} . A estatística F_{st} de Wright descreve a proporção de variância dentro de uma espécie devida à subdivisão populacional e é inversamente proporcional ao fluxo gênico. Os valores da estatística F_{st} variam de 0 (toda a diversidade gênica é compartilhada igualmente dentro de uma espécie e não há diferenças genéticas entre as populações) a 1 (toda a diversidade gênica dentro de uma espécie é encontrada como diferenças fixas entre populações e sem diversidade gênica dentro das populações). Portanto, um valor de F_{st} igual a 0,156 indicaria que a maioria da diversidade gênica existente se dá como diferenças entre indivíduos dentro das populações, sendo que apenas 15,6% poderiam ser usados para diferenciar geneticamente as principais raças humanas. Na interpretação de F_{st} , Balloux et al. (2002) assinalam que um valor no intervalo de 0 a 0,05 indica pouca diferenciação genética; entre 0,05 e 0,15, diferenciação moderada; entre 0,15 e 0,25, grande diferenciação e acima de 0,25 uma diferenciação muito grande. Para Templeton (1999), as estimativas de F_{st} para populações humanas, com valores que variam de 10% a 18% (Barbujani et al., 1997; Goldstein et al., 2002; Jorde et al., 2000), são consistentes com a presença de fluxo gênico entre as populações e uma menor diferenciação genética. Em decorrência disso, tais valores não teriam qualquer significância taxonômica na definição tradicional de subespécie, implicando mais em um equilíbrio entre o fluxo gênico e seleção/deriva local do que em linhagens humanas isoladas. Este equilíbrio pode ser quantificado a partir do tamanho efetivo da população local, da taxa de migração entre demes e da taxa de mutação (Balloux et al., 2002). A relativa disseminação no uso da estatística F_{st} deve-se, segundo Goldstein et al. (2002), à facilidade da sua estimativa, à relação simples e direta com a estimativa do equilíbrio genético e à sua relativa estabilidade e robustez. Porém, as estimativas da variação interpopulacional podem oscilar dependendo do tipo de marcador utilizado e da presença de heterozigosidade, bem como de fatores demográficos específicos, variação aleatória e seleção (Calafell, 2003). Balloux et al. (2002) alertam para a comparação de valores de F_{st} e R_{st} per se, pois valores de F_{st} idênticos podem ser obtidos de padrões de diferenças de alelos distintos e que valores baixos de F_{st} podem ser indicativos de diferenciação significativa, especialmente quando comparados com valores de R_{st} .

Conforme ressalta Templeton (1999), o uso da palavra raça na literatura evolucionária não-humana refere-se à subespécie, definida como uma população geograficamente circunscrita e geneticamente diferenciada. O problema com a definição de subespécie, quando aplicada à perspectiva genética da evolução humana, é que muitos dos traços humanos e seus genes polimórficos subjacentes mostram padrões de variação geográfica independentes que resultam, segundo a seleção das combinações de caracteres, em populações distintas.

Na maioria das espécies, as populações mostram níveis de estruturação genética devidos a uma variedade de agentes não mutuamente exclusivos: barreiras geográficas, processos históricos e padrões culturais, sistemas de acasalamento, dentre outros. Como assinalam Balloux et al. (2002), a estrutura genética de uma espécie reflete o número de alelos intercambiados entre populações e estes fluxos gênicos tornam homogêneas as frequências de alelos entre essas populações, determinando os efeitos relativos da seleção e da deriva genética e, conseqüentemente, a composição genética dos indivíduos. Um fluxo gênico alto evita a adaptação local, reduzindo a fixação de alelos que são favorecidos sob condições locais e impedindo o processo de especiação. Por outro lado, o fluxo gênico gera novos polimorfismos nas populações e aumenta o tamanho efetivo da população local e sua habilidade de resistir a mudanças aleatórias nas frequências gênicas, opondo-se à deriva genética e gerando novas combinações de genes nos quais a seleção natural pode atuar.

A questão fundamental para alguns defensores da hipótese biológica da existência de raças humanas não diz respeito ao fato se elas existem ou não, mas quais conceitos podem ser aplicados de forma mais útil às populações humanas. Para estes pesquisadores, embora as raças humanas não sejam isoladas reprodutivamente, exibem divisão filogenética reconhecível e são alopátricas devido ao surgimento de barreiras geográficas entre as populações. A evidência para essa distinção filogenética se dá pelas distribuições concordantes de múltiplos traços geneticamente independentes, constituindo, desse modo, um critério para definição de subespécie filogeográfica. Contudo, uma localização geográfica única não requer que uma subespécie seja uma ilha ou não compartilhe características ambientais com outras, mas que ela tenha uma associação geográfica, em oposição a um subconjunto de indivíduos compartilhando um traço, mas oriundos de

diferentes populações em distintas áreas geográficas. A fim de embasar seus pressupostos, esses pesquisadores alegam que a divisão de um grupo que se desenvolveu, mais ou menos independente, por um longo período de tempo e que acumulou diferenças genéticas (frequências gênicas divergentes, alelos privados, etc), de tal forma que eles exibem partição filogenética reconhecível contrasta com a divisão arbitrária de um grupo intercruzante e não estruturado geneticamente. Além disso, a exigência de distribuições concordantes de múltiplos traços geneticamente independentes supera a fragilidade das inferências sobre raças feitas com base em um único traço ou locus genético.

Um outro sentido biológico à raça tem sido aventado no uso do conceito de ecótipos, grupos geneticamente diferenciados adaptados a um determinado meio-ambiente e que não se constituem, necessariamente, em unidades filogenéticas distintas, mas ao invés disso, entidades ecológico-funcionais que se caracterizam por uma diferenciação genética em diversos graus (Pigliucci et al., 2002). As diferenças genéticas e fenotípicas entre populações locais não implicariam nem uma distinção filogenética, nem uma especiação incipiente. A questão fundamental residiria na existência de variação nos genes associados com diferenças adaptativas significativas entre populações, não importando se há ausência relativa de variação genética entre as populações. Uma visão ecotípica de raça consideraria, por exemplo, que as diferenças regionais existentes na frequência de atletas com um desempenho excepcional em uma determinada modalidade esportiva refletiriam diferenças na habilidade atlética (diferenças fisiológicas) devidas a adaptações locais em decorrência das pressões de um determinado meio-ambiente.

Os pesquisadores que se opõem à idéia biológica de raça consideram que uma população somente se converteria em uma raça distinta caso o isolamento populacional cessasse o fluxo gênico com populações vizinhas, as diferenças ambientais e demográficas associadas a uma seleção natural singular aumentassem a frequência das diferenças genéticas entre as populações e houvesse um tempo adequado para que tais diversidades se acumulassem nessas populações constituindo uma nova espécie. Ao se ater a um critério de definição de subespécie que requer uma linhagem evolutiva distinta dentro de uma espécie, determinada pela existência de barreiras à troca genética que, persistindo por longos períodos de tempo, acarretaria tanto uma continuidade histórica quanto uma diferenciação genética atual, deve-se levar em conta as hipóteses e respectivos modelos evolucionários que explicam o padrão de diversidade gênica encontrado nas populações humanas modernas.

A história demográfica humana está refletida nos padrões de variação que são observados nas populações modernas e os modelos evolucionários propostos - multirregional e de evolução africana recente - buscam apontar quais os possíveis mecanismos que teriam conformado os grupos populacionais. A hipótese do modelo multirregional é um desenvolvimento direto da teoria policêntrica de Weindereich (Hawks et al., 2003) e reconhece a existência de diferentes mecanismos responsáveis pelo estabelecimento dos padrões iniciais de variação global e pela manutenção desses padrões na evolução humana subsequente. A assertiva acerca da linhagem que levou ao homem atual não considera que tenha havido uma única espécie durante os últimos dois milhões de anos, mas que teria ocorrido uma segmentação em várias espécies sucessivas separadas por eventos pontuais de especiação e repetidos gargalos genéticos. Desde a radiação do *Homo erectus* da África para a Europa e Ásia, há cerca de 1,8 milhões de anos atrás, teria havido uma transição contínua entre populações regionais do *Homo erectus* para o *Homo sapiens*. Seus defensores, chamados pontualistas, afirmam que as raças humanas têm estado divergindo entre si ou ao menos estavam até as inflexões tecnológicas do Holoceno, questionando o aspecto não-fragmentário e inerentemente direcional da teoria sintética da espécie humana que estaria associada a um padrão gradual da evolução. Uma versão mais atual dessa teoria considera a hipótese de fluxo gênico que reconciliaria, desse modo, dois aspectos contraditórios desse modelo de evolução humana - uma história de compartilhamento da informação genética e cultural e evidências de continuidade para diferentes características anatômicas em diferentes regiões do mundo, cobrindo várias durações do pleistoceno. A hipótese de uma reposição africana, sob o modelo multirregional, seria uma maneira de limitar a divergência racial afirmando, desse modo, que as raças atuais compartilham uma origem comum recente de uma única população. O modelo do *Afro-europeu sapiens* é similar às versões mais antigas do modelo multirregional e assume que humanos arcaicos foram um desenvolvimento regional em cada área a partir de populações mais

antigas de *Homo erectus*. Neste modelo o fluxo gênico entre os continentes evitou uma especiação e os humanos modernos, que se desenvolveram no sudeste africano há 100.000 anos, migraram ao longo da África, Europa e Ásia e modernizaram, por meio desse fluxo, as populações arcaicas nesses continentes. A hibridação permitiu a continuidade local durante o processo e contribuiu para as diferenças regionais na humanidade moderna distinguindo numa mesma região, as populações modernas mais antigas como mais africanizadas do que as populações locais mais recentes.

O modelo da evolução africana recente (“Out of Africa”) sugere que todas as populações não-africanas descendem de um ancestral anatomicamente moderno do *Homo sapiens* que se desenvolveu na África aproximadamente 100 a 200.000 anos atrás e se espalhou e diversificou pelo resto do mundo, suplantando as populações *Homo* arcaicas sem qualquer mistura regional – a evolução dos humanos modernos foi um evento de especiação.

Há ainda o modelo da evolução recente da linguagem que afirma que as habilidades cognitivas e de linguagem modernas se desenvolveram lentamente durante a história do gênero *Homo* com a aquisição dessas aptidões contemporâneas após o aparecimento da morfologia do homem moderno. Os humanos com essas aptidões biológicas teriam avançado sobre as áreas habitadas por formas mais arcaicas do *Homo sapiens*, podendo ter ocorrido formas intermediárias ou híbridas, mas que foram superadas pelos genótipos com as habilidades modernas da fala e cognição devidas, muito provavelmente, a uma maior vantagem seletiva. A hibridização durante a colonização teria servido para perpetuar alguns alelos regionais, mas formas verdadeiramente híbridas seriam raras. A migração não teria sido um evento único, ocorrendo várias vezes e o fluxo gênico teria produzido um padrão de alta variabilidade inicial que diminuiu com o tempo.

Templeton (1999) chama a atenção para dois modelos evolutivos - candelabro e treliça, que aceitam a origem evolucionária do gênero *Homo* na África e a saída do *Homo erectus* da África para outras áreas há cerca de dois milhões de anos. O modelo candelabro sustenta que o *Homo erectus* se dispersou em outras porções do velho mundo, desenvolvendo histórias evolucionárias independentes. A ocorrência de algum fluxo gênico entre as populações separadas geograficamente teria evitado a especiação após a dispersão, mas a ação da seleção natural nas populações regionais seria a responsável pelas variantes regionais (raças) existentes na atualidade. A emergência do *Homo sapiens* não estaria restrita a uma área qualquer, mas teria sido um fenômeno que ocorreu ao longo de todo o espectro geográfico onde viveram os humanos. Uma versão mais recente do modelo candelabro afirma que um grupo de humanos anatomicamente modernos se separou da população africana e colonizou a Eurásia cerca de 100.000 anos atrás, levando a população do *Homo erectus* à completa extinção (Templeton, 1997).

O modelo treliça, por sua vez, assegura que o *Homo erectus* teve a habilidade de sair da África, como também para voltar, resultando em um intercâmbio genético recorrente entre populações humanas do Velho Mundo. Além disso, nesse modelo, a designação taxonômica de *Homo erectus* e *Homo sapiens* teria significância apenas morfológica e não implicaria em isolamento reprodutivo, conforme o conceito biológico de espécie. O modelo treliça se basearia em um equilíbrio instável entre fluxo gênico que garantiria que todos os humanos são uma linhagem evolucionária comum ao longo do tempo. Nesse modelo os traços anatomicamente modernos poderiam ter se desenvolvido em qualquer ponto do espectro do *Homo erectus* e disseminado, posteriormente, ao longo de toda a humanidade por meio da seleção e do fluxo gênico.

Os modelos candelabro e treliça concebem uma origem africana, mas diferem na interpretação das diferenças genéticas interpopulacionais. Sob o modelo candelabro, elas refletiriam o tempo de divergência de uma população ancestral comum, enquanto que no modelo treliça elas refletem o montante de intercâmbio. Para o modelo candelabro a divisão da população em raças é válida, enquanto que para o modelo treliça não há separação da humanidade em linhagens evolucionárias e daí as raças não são subespécies válidas.

As evidências mais fortes para o modelo multirregional, segundo seus defensores, consistiriam na continuidade cultural observada nos achados dos sítios arqueológicos. Entretanto, seus críticos apontam a inexistência, na Europa, de fósseis intermediários evidentes entre os humanos arcaicos e os modernos e ressaltam que os caracteres anatômicos que produziram uma similaridade entre os povos asiáticos atuais e o *Homo erectus* asiático são encontrados em outras

regiões. Embora se possa assumir que houve em alguma extensão um fluxo gênico entre os continentes, Nei et al. (1993) ressaltam a dificuldade em explicar as duas tendências opostas de evolução presentes nesse modelo – a evolução paralela do mesmo homem anatomicamente moderno em todas as regiões e a manutenção de caracteres regionais por um período de tempo evolucionário muito longo. Se houvesse ocorrido divergência nas subespécies do *Homo erectus* nos diferentes continentes, o isolamento geográfico e os meio-ambientes contrastantes deveriam ter produzido divergências evolucionárias mais extremas e não uma convergência como a observada nas populações mais recentes. Além disso, os dados das estimativas de F_{st} e os níveis de diversidade gênica em todo o mundo, juntamente com a ausência de tipos de cromossomo Y divergentes ao longo dos continentes, apontam as inconsistências no modelo multirregional. Em contraposição a esses argumentos, seus adeptos alegam que um fluxo gênico suficiente entre as regiões teria levado à ocorrência de morfoclines regionais sem produzir, contudo, uma especiação.

Os críticos das teorias de evolução africana recente ressaltam que esses modelos são construídos sobre datas imprecisas e fósseis fragmentários, uma vez que as datas moleculares são calibradas tomando como referência os registros dos fósseis de humanos anatomicamente modernos descobertos e que estas datas podem mudar à medida que se encontram na África novos sítios com fósseis modernos.

Quanto ao modelo de evolução recente da linguagem, seus críticos afirmam que provavelmente a dispersão das modernas aptidões não coincidiu com a dispersão das morfologias modernas. Eles apontam a importância dos registros arqueológicos, embora nem sempre esses registros reflitam de maneira evidente as atividades e habilidades humanas.

Para Disotell (2000^a), Goldstein et al. (2002) e Tishkoff et al. (2003), os dados atuais seriam mais compatíveis com o modelo da evolução africana recente, enquanto que para Templeton (1999) eles seriam concordantes com o modelo treliça. Contudo, esses autores apontam aspectos que permanecem pouco claros nos modelos evolucionários, tais como as questões relativas às características das populações do homem anatomicamente moderno (HAM) pré-dispersão, o processo de colonização que levou essas populações para fora e ao longo da África e os padrões e datações precisas do crescimento e declínio em várias partes do espectro HAM em diferentes pontos no tempo. A falta de consenso acerca do modelo mais adequado sugere que ao se deparar com argumentos de que um determinado padrão de variação é consistente com uma história demográfica específica, o pesquisador deve avaliar mais de um método para determinar se outras histórias demográficas igualmente críveis poderiam produzir o mesmo padrão.

Os achados recentes de que os africanos têm maior diversidade gênica que não-africanos para muitos *loci* nucleares, DNA mitocondrial e algumas regiões do cromossomo Y são interpretados como um apoio ao modelo multirregional, assumindo que um pequeno número de indivíduos deixou a África para colonizar a Eurásia com pouco ou nenhum fluxo gênico subsequente e um efeito de gargalo que reduziu os níveis de variação genética nos não-africanos (Templeton, 1997). Um estudo que comparou os mesmos polimorfismos dentro e entre populações nos *loci* dos cromossomos Y e autossômicos e do DNA mitocondrial no mesmo conjunto de indivíduos (Jorde et al., 2000) mostrou maiores níveis de diversidade nas populações africanas do que nas não-africanas e menor diferenciação entre populações dentro dos continentes do que entre continentes devido a um maior fluxo gênico entre populações que estão geograficamente mais próximas. Jorde et al. (2000) argumentam também que as análises dos cromossomos Y e dos cromossomos autossômicos seguem um mesmo padrão de variabilidade que apoiaria a idéia de uma rápida expansão da população no pleistoceno. Esses resultados são consistentes com outros estudos (Barbujani et al., 1997; Cavalli-Sforza et al., 2003). Dentro do pool de genes humanos, a maior parte da variação relatada em outras regiões corresponderia a um subconjunto da variação encontrada dentro da África, com a variação nas seqüências de DNA tendo sua origem geográfica naquele continente (Nei et al., 1993; Disotell, 2000^a; PÄÄBO, 2003; Cavalli-Sforza et al., 2003; Tishkoff et al., 2003). Esta interpretação de diversidade gênica poderia implicar que, ao menos, os africanos e não-africanos constituiriam linhagens evolucionárias distintas, ou seja, raças. Todavia, essa maior diversidade das populações africanas, quando comparadas a outras populações continentais, poderia também ser explicada pela sua antiguidade, por terem tido populações maiores durante um longo período nos últimos milhões de anos, sem constituírem, por essa razão, uma linhagem evolucionária distinta. Harpending et al. (2000)

apontam ainda para a possibilidade de ocorrência de gargalos em cascata, à medida que aumenta o espectro da espécie humana e há um distanciamento da África, como um possível mecanismo de geração de diversidade humana neutra.

A hipótese da origem única com uma explosão populacional global ao longo dos últimos séculos explicaria, de algum modo, porque os alelos parecem ter alguma especificidade geográfica. Estes são provavelmente mutações que apareceram recentemente e não tiveram tempo suficiente para se difundir ao longo da população global. Interpretações alternativas afirmam que, sob a teoria de neutralidade, a heterozigosidade para uma região do DNA seria decorrente de diferenças no tamanho efetivo da população que, por sua vez, explicariam as diferenças no nível de diversidade gênica. As análises de DNA mitocondrial (DNAm_t) e da parte não-recombinante do cromossomo Y nas populações humanas atuais que estimam uma origem africana do homem moderno entre 100.000 e 200.000 anos não contradizem os modelos evolucionários, pois ambos concebem no seu corpo teórico esta origem africana, divergindo quanto à separação entre africanos e não-africanos ou a presença de um fluxo gênico em qualquer período de tempo. Para Chakravarti (1999), a baixa diversidade gênica humana é o resultado de uma espécie jovem com uma pequena população fundante, exigindo que se disponha de um grande volume de dados para discriminar, com relativa confiança, a mais adequada dentre as diferentes histórias da origem humana. Tishkoff et al. (2003) ressaltam que a deriva genética e a seleção estão quase sempre atuando simultaneamente dentro das populações, o que poderia dificultar a distinção entre padrões de variação genética humana adaptativos e neutros, pois muitos padrões de polimorfismos podem ser consistentes com diferentes modelos de evolução molecular.

A extensão da diferenciação gênica, estimada pela distância genética, pode ser utilizada para elaboração de árvores evolucionárias de populações. Estas árvores reconstróem a história das diferenciações populacionais, caso estas diferenças possam ser assumidas como resultados combinados de fusões (reprodução) e fissões (meiose) do genoma que ocorreram aleatoriamente no tempo, com uma taxa constante de evolução neutra entre as fissões em cada população. Entretanto, distâncias genéticas diferentes de zero podem ser resultado da presença de migração ou seleção e de populações intercruzantes com fluxo gênico recorrente, ou seja, um tempo de divergência de linhagens de genes não implica em um tempo de separação.

Na avaliação de Templeton (1999), as árvores evolucionárias são consistentes tanto com o modelo candelabro, que assume uma separação entre africanos e não-africanos há cerca de 100.000 atrás, quanto com o modelo treliça, que assume um fluxo restrito de genes, recombinação contínua no tempo e no espaço ou isolamento pela distância com alto fluxo gênico entre populações geograficamente próximas. Pode-se postular um modelo candelabro que considere um conjunto complexo de recombinações entre os ramos que haviam se separado há muito tempo atrás, reconciliando os dados de distância genética com um modelo de recombinação que imita alguns dos efeitos do fluxo gênico recorrente. Ao invocar eventos de recombinação como necessários, supõe-se que as raças humanas constituiriam linhagens evolucionárias separadas de grupos mais distintos no passado (paradigma do isolado primitivo).

Nei et al. (1993) identificaram cinco grandes grupos populacionais - negróide (africanos), caucasoíde (europeus e populações relacionadas), mongolóide (asiáticos orientais e ilhéus do Pacífico), ameríndios (incluindo esquimós) e australóides (australianos e papuanos), caracterizados por relações evolucionárias hierárquicas. A maior divergência ou distância genética entre africanos e melanésios do que entre europeus e melanésios ou entre europeus e africanos, embora melanésios e africanos compartilhem de traços fenotípicos próximos (cabelo, cor da pele, morfologia crânio-facial) poderia ser explicada, segundo Nei et al. (1993), pelas hipóteses de evolução convergente e da ocorrência de dois eventos de dispersão da África para a Austrália e Nova Guiné. Inicialmente, um grupo moveu-se para o Noroeste Asiático através do Oriente Médio e ocupou o Sudeste Asiático. Posteriormente, um segundo grupo de humanos migrou da África para o subcontinente indiano e então para o Sudeste Asiático, onde a recombinação ocorreu com o grupo mongolóide. A população mista resultante teria absorvido a maioria dos genes do grupo asiático mais antigo, porém retendo os genes para cabelo encaracolado e pele escura dos africanos através da seleção natural pelas condições tropicais. Este grupo então teria se deslocado para as ilhas do Pacífico e Austrália, enquanto parte da população que permaneceu no Sudeste Asiático e Índia experimentou eventos de recombinação adicional, que envolveriam europeus e

asiáticos. Este segundo turno de recombinação teria varrido a maioria dos traços africanos de grande parte das populações da Índia e Sudeste Asiático. Esta hipótese seria sustentada, segundo esses autores, pelo fato de que nessas áreas existirem populações isoladas com traços africanos. De acordo com o modelo de treliça (Templeton, 1999), esses traços não seriam de modo algum traços africanos, mas traços adaptativos tropicais que foram favorecidos nas populações humanas vivendo em um meio-ambiente apropriado – populações que não são independentes, na perspectiva evolucionária, porque elas estiveram e estão em contato genético. Ademais, é esperado que populações mistas sejam intermediárias na distância genética entre as populações parentais originais e que o isolamento pela distância ajusta-se bem aos dados humanos, pois os humanos tendem a acasalar primariamente com outros nascidos próximos e, freqüentemente, fora do próprio grupo natal.

Para aqueles que apóiam a tese de raças biológicas distintas, a topologia da árvore humana, não importando quais classes de *loci* ou marcadores utilizados, apontaria linhagens evolutivas, identificadas como ramos de uma árvore ou um grupo de espécies com uma espécie ancestral comum - africanos subsaarianos. Cada um dos principais ramos humanos atenderia os critérios de definição de raça, pois apresentariam uma associação geográfica com um conjunto distinguível de traços fenotípicos, partição filogenética aparente e consistente em múltiplos *loci* e distâncias genéticas intergrupais significativas que seriam indicativas de histórias naturais únicas em uma escala temporal evolucionária. As críticas à inserção de algumas populações localizadas entre zonas nucleares destas raças maiores (Europa e Ásia Oriental) não comprometeriam, na visão dos seus defensores, o status de subespécies de populações nucleares bem definidas. Embora seja aceita a regra de que haja alguma variação clinal nos traços genéticos de subespécies, a variação humana mostraria zonas extensivas com gradientes clinais relativamente baixos, separadas por pequenas zonas de gradiente acentuado. Na verdade, essas zonas de intermediárias têm sido tradicionalmente consideradas como evidência de que grupos nucleares são subespécies e não espécies diferentes.

Livingstone (1993) sublinha que uma variação é concordante se a variação geográfica dos caracteres genéticos é correlacionada, de tal modo que a classificação baseada em uma característica refletiria a variabilidade em qualquer outra. Para esse autor, tal padrão de variação é quase inexistente em uma grande variedade de espécies das populações locais, embora seja usualmente encontrado entre espécies alopátricas relacionadas. Brown et al. (2001) assinalam que o sucesso da classificação racial depende do número de traços genéticos usados e do grau de concordância entre eles no ordenamento das raças segundo critérios morfológicos ou geográficos. Embora seja possível dividir a espécie humana em subespécies, tomando em consideração a variação de uma determinada característica genética, o aumento no número dessas características tornaria praticamente impossível determinar grupos que se adequassem às categoriais raciais atuais. Além do mais, para que haja concordância é preciso selecionar traços raciais que ocorram na mesma taxa e direção, o que não sucede e, conseqüentemente, tem-se um alto grau de não concordância. A variabilidade da freqüência de um gene pode ser mapeada do mesmo modo que a temperatura é descrita em um mapa meteorológico, entretanto sua descrição não implica, de nenhum modo, uma explicação (Livingstone, 1993).

Os estudos genéticos na antropologia tiveram, na opinião de Hawks et al. (2003), um papel chave no debate das origens do homem moderno, provendo evidências de que as raças humanas eram biologicamente insignificantes. Entretanto, eles destacam que as formas de análise genética mais simples continuam a apoiar os mesmos pressupostos de histórias de raças pré-evolucionárias, explicando a variação humana como resultado de uma história de divergências progressivas de um ancestral comum através do isolamento e das taxas de diferenciação.

Os problemas conceituais das pesquisas sobre a origem do humano moderno seriam decorrentes tanto do escopo e escala temporal desses estudos quanto da requisição de um conhecimento detalhado acerca da natureza da especiação e da relação entre mudança cultural material e mudança biológica. Entretanto, estas dificuldades conceituais estariam obscurecidas por questões epistemológicas sobre a natureza das espécies e a possibilidade ou não de acasalamento, a natureza da variação genética e sua relação com o tamanho da população e pelas abordagens dos cientistas aos achados dos seus estudos.

Hawks et al. (2003) assinalam que a maioria dos paleoantropólogos concorda que as populações africanas antigas, por seu tamanho e antiguidade, tiveram uma grande influência na evolução global, que as mudanças anatômicas não provêm marcas precisas da modernidade comportamental, que muitos humanos com anatomias arcaicas seriam capazes de comportamentos modernos e finalmente, que a evolução humana durante o pleistoceno tardio reflete expansões populacionais significativas que não envolvem isolamento completo entre os grupos. Entretanto, esses cientistas divergiriam no que concerne à importância que dão a diferentes mecanismos evolutivos e ao montante de contribuição de populações antigas ao pool genético.

Têm-se apontado que os estudos genéticos podem ser questionados quanto à sua capacidade de refletir de maneira acurada a história populacional dos grupos ou de descrever a evolução das populações que poderiam ter divergido de outras maneiras. Goldstein et al. (2002) ressaltam que os dados arqueológicos e genéticos sugerem uma história complexa das migrações humanas que não pode ser representada como uma série de bem sucedidas colonizações em larga escala. Esses autores destacam as limitações das inferências genéticas acerca da evolução humana, pois os padrões atuais de variação genética poderiam ter sido gerados por diferentes processos seletivos, mutacionais e/ou demográficos. Em decorrência disso, qualquer afirmação feita sobre populações ancestrais estaria sujeita a um grau significativo de incerteza devido à variabilidade inerente ao processo evolucionário e a outras restrições, tais como os pressupostos de modelagem ou dependência de informações oriundas de outras disciplinas (arqueologia; paleontologia e lingüística). Além disso, a maioria das questões na história genética humana depende de um quadro detalhado da variação em populações antigas e para tal, requer a superação de problemas decorrentes do uso de material genético presente nos tecidos antigos, tais como o tamanho dos fragmentos de DNA, a contaminação das amostras por DNA moderno, a autenticidade dos resultados, a degradação química das moléculas gerando erros de leitura, a raridade das amostras fósseis contendo DNA suficientemente preservado para análise, a escolha do tipo de material genético (mitocondrial ou nuclear) e a representatividade dessas amostras (Keyser-Tracqui et al., 2002). Goldstein et al. (2002) assinalam que dados arqueológicos mais recentes questionam o modelo que sustenta que houve uma única expansão de uma região da África e sugerem processos de dispersão e colonização humanos episódicos devidos, em parte, à variabilidade do clima. Para esses autores, uma consequência óbvia e definitiva da complexidade da história demográfica é que as raças em qualquer sentido do termo não existiriam na espécie humana.

O termo raça, como é popularmente imaginado, implicaria em grupos que podem ser claramente separados uns dos outros, e dentro de nossa espécie, não existiriam tais grupos. Ao invés disso, diferenças entre grupos de humanos seriam sempre graduais e modestas. Decisões sobre quem agregar com quem em bases genéticas incluem, necessariamente, critérios arbitrários. Iniciando com as análises por eletroforese de proteínas e movendo-se através de um espectro de marcadores genéticos, os cientistas têm sempre encontrado diferenças entre grupos menores que 15% da variação genética total na nossa espécie. Apesar da robustez das estimativas de F_{st} face aos desvios dos pressupostos do modelo, a distribuição dos valores de F_{st} é uma função do modelo geográfico assumido, portanto passível de críticas. Jorde et al. (2000) e Templeton (1997) assinalam que as comparações das estimativas de diferenciação são sensíveis ao desenho amostral, ao número e ao tipo de populações incluídas nas amostras, aos pressupostos que as populações se diferenciaram em um mesmo grau em cada nível de hierarquia e às técnicas utilizadas na análise dos dados genéticos. Dentre as críticas às inferências baseadas na estatística F_{st} , destaca-se a que diz que esta não discriminaria entre causas potenciais de diferenciação genética, caso as linhagens tenham se dividido apenas recentemente. Nesse caso, os níveis quantitativos de diversidade gênica entre populações humanas não descartariam a possibilidade de que raças humanas sejam válidas sob a definição de linhagem evolutiva de subespécies. Goldstein et al. (2002) enfatizam que é difícil imaginar o desenvolvimento de modelos completamente realistas e modelos inferenciais gerais que permitiriam estimar muitos parâmetros demográficos em um futuro imediato, destacando que alguns métodos e simulações devem ser utilizados para determinar a credibilidade de histórias demográficas.

Quanto à partição da espécie humana em raças, deve-se enfatizar que as zonas de descontinuidade na distribuição das frequências de genes humanos apresentam gradientes locais pequenos e não englobam grandes agregados de populações, numa escala continental ou

subcontinental, mas ao invés disso, elas ocorrem de maneira irregular, dentro de continentes e mesmo dentro de populações únicas, freqüentemente sobrepondo barreiras lingüísticas e geográficas (Barbujani et al., 1997). Em acréscimo a isso, como o padrão principal de variação genética ao redor do globo é o de gradientes de freqüência gênica, a disputa sobre as diferenças significativas entre raças definidas pela freqüência de vários marcadores genéticos poderia ser devida, muito provavelmente, à amostragem de populações separadas por grandes distâncias geográficas.

Chakravarti (1999) destaca que os estudos atuais de variação geográfica nos genes retiram suas amostras de populações definidas com base em critérios sócio-culturais e geográficos que são questionáveis quanto à sua validade como unidades genéticas legítimas ou sua capacidade de refletir relações genéticas subjacentes. A seleção de grupos contemporâneos identificados com base em uma cultura compartilhada e a assunção de que suas conformações genéticas são também compartilhadas constitui, segundo (Lock, 1997), uma falácia de categorização, pela imposição de um conjunto de dados sócio-culturais a outro conjunto de dados (genéticos) e uma combinação inapropriada de tempo e espaço. A análise do pool genético nos diz pouco sobre a história de agrupamentos sócio-políticos efêmeros formados e dissolvidos ao longo da história. Gannett (2002) ressalta que as abordagens na genética baseadas em populações mendelianas, demes, subespécies ou grupos étnicos consideram que esses objetos de pesquisa são independentes do arbítrio do cientista. Esta autora considera que esses agrupamentos são definidos de maneira pragmática e variável nos diferentes contextos de investigações da diversidade gênica das espécies, atendendo aos interesses teóricos distintos que determinam quais os conjuntos particulares de relação serão privilegiados. As populações mendelianas são constituídas por relações entre organismos definidas estatisticamente e suas fronteiras não são fixas, mas variam de acordo com as perguntas da investigação – unidades dinâmicas de acasalamento são distintas de unidades genealógicas. Essas fronteiras móveis significam que, no sentido biológico, os organismos individuais são apenas membros relativos de populações particulares, não sendo, algumas vezes, possível determinar se um indivíduo pertence a uma dada população, assim como alguns organismos podem pertencer a mais de uma população no mesmo nível de organização. Da mesma forma, os genes seriam atados no tempo e no espaço não somente pelos padrões das relações entre organismos, mas também pelos interesses, metas e valores associados a contextos explicativos particulares. Para Gannett (2002), os padrões das relações entre organismos dão origem a estruturas de ordem mais alta e em consequência de contingências históricas, essas estruturas são efêmeras, sobrepostas ou coerentes em graus variados. Esta ontologia da diversidade genômica das espécies trata os organismos e suas interrelações como estruturas básicas e as populações como emergentes, desafiando as abordagens que assumem que essas populações são objetos independentes da mente do pesquisador ao longo de toda a distribuição das espécies, tanto histórica quanto geográfica. Entretanto, a despeito das dificuldades em definir as fronteiras dessas populações mendelianas e da rejeição à noção de raça, muitos geneticistas populacionais e antropólogos físicos estão dispostos a dividir toda a espécie humana em unidades panmíticas ou deme mais ou menos discretos, mesmo considerando a existência de uma continuidade nos padrões de acasalamento e na distribuição de alelos.

A análise de distâncias genéticas indica que as raças humanas não podem ser representadas como ramos em uma árvore evolutiva, como nos modelos candelabro, quando são suspensas certas restrições para conformação de árvores, mesmo que se invoque eventos de recombinação *ad hoc*. Análises de árvores gênicas mostram que diferentes alelos, tomando-se um grupo étnico pré-definido qualquer, não formarão agregados distintos de outros grupos, pois os alelos de todas as raças estão misturados entre si. Nei et al. (1993) apontam a importância de se utilizar um grande número de *loci* no estudo da evolução humana em decorrência da pequena variação genética interpopulacional, quando comparada à variação intrapopulacional, e dos erros estocásticos de grande monta presentes na evolução de um único gen (ou DNAm). Ademais, a construção de árvores evolucionárias envolve um número de questões técnicas, tais como desenho amostral, mecanismos mutacionais, medidas de distância genética e particularmente algoritmos que são passíveis de questionamento quanto aos pressupostos e metodologias empregadas. Templeton (1999) chama a atenção para o fato de que muitos dos dados apresentados em árvores não foram submetidos a um teste estatístico (correlação cofenética) que apontasse se os dados

atendiam aos requisitos para apresentação em árvores. Embora se possa assumir que há diferenças genéticas médias entre indivíduos de diferentes partes do mundo, o uso de rótulos raciais não é uma abordagem apropriada para lidar com a estruturação geográfica de respostas variáveis a doenças. A evolução humana recente tem sido caracterizada tanto por expansões de espectros populacionais (com alguma substituição local, mas não global nos últimos 100.000 anos) e intercâmbio genético recorrente, não havendo subespécies ou raças segundo definições filogenéticas ou tradicionais.

Há algumas décadas, cientistas criticam o uso da subespécie como categoria taxonômica relevante na classificação dos seres vivos, humanos ou não. Livingstone (1987) chama a atenção para as diferenças nas causas da variação biológica intra e interespecie e que a aplicação do termo subespécie a qualquer parte dessa variação não é apenas arbitrário ou impossível, mas obscurece a explicação para esta variação. Por sua vez, Gould (1987) admite que a subespécie é uma categoria de conveniência usada apenas para maior compreensão da variabilidade dentro de uma espécie e para qual não há qualquer exigência para o seu uso. Para ele *“muitos biólogos estão começando a dizer que não só é inconveniente como absolutamente errado impor-se uma nomenclatura formal aos padrões dinâmicos de variabilidade que observamos na natureza”* (p.231).

A despeito dessas afirmações, um número significativo de pesquisadores busca, ardorosamente, evidências científicas que comprovem a existência de grupos raciais distintos, movidos pelo desejo de demarcar fronteiras, ainda que precárias, e exaltar diferenças, pretensamente naturais, entre grupos populacionais. O desejo que os move poderia ser atribuído, em parte, à suposição de que apenas as limitações das tecnologias e dos métodos e modelos analíticos impediriam a comprovação científica de suas teorias raciais. Tal suposição está ancorada em premissas que tomam a biologia como o fundamento epistêmico das afirmações sobre a ordem social e a ciência como saber objetivo, purgado de controvérsias políticas e morais, dominado por um conhecimento apolítico, universal, empírico e por uma linguagem neutra de valores, garantido a sobrevivência do racismo e de metáforas raciais de inferioridade nas ciências (Laqueur, 2001; Stepan et al. 1993). Um racismo que não se baseia apenas em características somáticas e nem tampouco teve no interesse pela fisiologia e biologia a sua forma pura e originária; ele se apóia, ao longo dos tempos, em hierarquias de civilidade e distinções culturais, na relação entre uma essência oculta da raça e a visibilidade de seus pretensos traços marcadores (Stoler et al., 1997). Essas atribuições culturais no racismo, segundo Stoler (1997) provêm os parâmetros - condutas observáveis, índices de propensão psicológica e suscetibilidades morais - que configuram as fronteiras populacionais e os critérios de indicação dos indivíduos qualificados para inclusão na comunidade nacional. Esse entrelaçamento entre o racismo e a demarcação de populações nacionais ocorre quando os estados buscam controlar os movimentos populacionais dentro de um dado território, construindo os indivíduos como entidades políticas e étnicas que compartilham uma história, origem e cultura comum. Tanto o racismo quanto o nacionalismo implicam na diferenciação de uma igualdade construída, de uma unidade da substância humana – natureza, sangue, genes – que está sujeita a processos complexos de classificação hierárquica em termos de maior ou menor pureza (Wade, 2001). A força da intersecção entre raça e nação se dá pelo compartilhamento de uma base comum de conectividade humana na qual as pessoas buscam ancorar idéias culturais no âmbito da natureza.

Tampouco a alegação de um uso racista da ciência se sustentaria, pois isso implicaria em uma negação da força de persuasão e os meios pelos quais a ideologia racial e as suas políticas afins permeiam a teoria e a pesquisa científica (Arendt, 1989). A força de persuasão dessa ideologia, segundo essa autora, deriva do apelo às nossas experiências e necessidades imediatas e que sua plausibilidade não advém de fatos científicos ou leis históricas, mas da capacidade de se manter e aperfeiçoar como arma política e não como doutrina teórica. Para essa autora, o aspecto científico é secundário e decorre *“da necessidade de proporcionar argumentos aparentemente coesos, e assume características reais, porque seu poder persuasório fascina também a cientistas, desinteressados pela pesquisa propriamente dita e atraídos pela possibilidade de pregar à multidão as novas interpretações da vida e do mundo”* (Arendt, 1989; p.189). O zelo desses pregadores explicaria o tom messiânico dos cientistas que, em face do desenvolvimento de novas tecnologias, acenam com a possibilidade, por meio da ciência, de revelar a verdadeira natureza das raças. Assim como o imperialismo lança mão da ideologia racial para explicar e justificar dos seus atos,

a ciência também tem dado sua contribuição para que o racismo receba um aporte teórico substancial à naturalização das diferenças entre grupos sociais. Não importa se as marcas visíveis dessa diferença já não são mais válidas a inferências científicas pois a certeza de que há uma natureza racial singular inscrita nos recônditos do corpo dá novo alento à reedição de velhas hipóteses camufladas em novas roupagens.

Podemos ir mais além e supor que a persuasão da idéia de raças humanas biológicas estaria imbricada, de acordo com Foucault (1988), em uma mecânica do poder-saber, que na busca por evidências biológicas da diferença entre as raças, reafirma seu propósito de dissimular e negar o caráter histórico e sócio-cultural dessa diferença, encravando-a nos corpos, introduzindo-a nas condutas, tornando-a princípio de classificação e de inteligibilidade e constituindo-a em ordem natural da desigualdade. Esse autor via na distinção e hierarquização das raças o estabelecimento de um corte no contínuo biológico da espécie humana a que se dirige um poder que se incumbiu da normalização da vida – o biopoder – um poder que cuida da vida e deixa morrer. Para esse autor, a raça e o racismo seriam as condições de aceitabilidade para admitir o imperativo da morte na economia do biopoder, garantindo que a regeneração de uma raça seja possível pela eliminação daquelas que a ameaçam como um perigo biológico – o perigo da degeneração racial. Não por acaso, nos últimos dois séculos, a ciência e mais especificamente a biologia e a medicina têm desempenhado um papel preponderante nas sociedades ocidentais para a constituição de saberes e instrumentos de poder que tentam explicar os mecanismos que comprometeriam a supremacia de um determinado grupo. Contudo, para se obter respostas à permanência de discursos biologizantes sobre as raças humanas não basta interrogá-los de que teoria implícita eles derivam ou que ideologia representam, mas nos efeitos recíprocos de poder e saber que esses discursos proporcionam e que conjuntura e que correlação de forças torna necessária sua utilização. Laqueur (2001) ressalta que a instabilidade da diferença e da igualdade está no cerne do empreendimento biológico e a importância e a finalidade de se ressaltar uma ou outra são dependentes de razões epistemológicas e políticas precedentes e mutáveis que estão fora dos limites da investigação empírica.

A pesquisa genética se configura como um sítio no qual várias forças políticas se conjugam, o poder do conhecimento encontra-se a cargo de pessoas com diferentes interesses e o sentido e interpretação dos fatos está em negociação. Nicholas (2001) sugere que uma melhor compreensão das dinâmicas sociais e das estratégias através das quais as responsabilidades sociais podem ser negociadas fortaleceria a agência moral dos próprios pesquisadores, equipando-os para resistir às pressões de cooptação e apoio a interesses sociais que poderiam explorar aqueles mais vulneráveis. A exposição das tensões e ambigüidades presentes nos discursos desses cientistas no entendimento dos seus papéis e responsabilidades sociais abre espaços para novas possibilidades de negociação para construção de sentidos e interpretações do conhecimento genético.

Bibliografia

- Annas, G. J., 2000, Rules for research on human genetic variation – lessons from Iceland. *The New England Journal of Medicine*, 342, 1830-33.
- Arendt, H., 1989, *As origens do Totalitarismo: Anti-semitismo, Imperialismo, Totalitarismo* (São Paulo: Companhia das Letras). pp.562
- Balloux, F., Moulin, N. L., 2002, The estimation of population differentiation with microsatellite markers. *Molecular Ecology*, 11, 155-65.
- Barbujani, G., Magagnì, A., Minch, E., Cavalli-Sforza, L. L., 1997, An apportionment of human DNA diversity. *Proceedings of The National Academy of Sciences*, 94, 4516-4519.
- Bashi, V., 1998, Racial categories matter because racial hierarchies matter: a commentary. *Ethnic and Racial Studies*, 21, 959-968.
- Brown, R. A., Armelagos, G. J., 2001, Apportionment of racial diversity: a review. *Evolutionary Anthropology*, 10, 34-40.
- Calafell, F., 2003, Classifying humans. *Nature Genetics*, 33, 435-436.
- Cavalli-Sforza, L. L., Feldman, M. W., 2003, The application of molecular genetic approaches to the study of human evolution. *Nature Genetics*, 33, 266-75.

- Chakravarti, A., 1999, Population genetics – making sense out of sequence. *Nature genetics*, 24,56-60.
- Cooper, R. S.; Kaufman, J. S. & Ward, R., 2003. Race and genomics. *The New England Journal of Medicine*, 348, 1166-70.
- Crow, J. F., 2002, Unequal by nature: a geneticist's perspective on human differences. *Daedalus*, Winter, 81-8.
- Disotell, T. R., 2000a. Molecular anthropology and race. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 925, 9-24.
- Foster, M. W., Sharp, R. R., 2002. Race, ethnicity, and genomics: social classifications as proxies of biological heterogeneity. *Genome Research*, 12, 844-50.
- Foucault, M., 1988 *História da sexualidade I. A vontade de saber* (Rio de Janeiro: Edições Graal). pp. 152
- Goldstein, D. B., Chikhi, L., 2002, Human migrations and populations structure: what we know and why it matters. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, 3, 129-152.
- Gould, S. J., 1987, *Darwin e os grandes enigmas da vida* (São Paulo: Martins Fontes Editora). pp. 274
- Haraway, D., 1989, *Primate visions. Gender, race, and nature in the world of modern science* (New York: Routledge). pp. 486
- Harpending, H., Rogers, A., 2000, Genetic perspective on human origins and differentiation. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, 1, 361-85.
- Hawks, J., Wolpoff, M. H., 2003, Sixty years of modern human origins in the American Anthropological Association. *American Anthropologist*, 105, 89-100.
- Keller, E. F., 2000, *The century of the gene* (Cambridge:Harvard University Press). pp.192
- Keyser-Tracqui, C., Ricaut, F., Crubézy, E. & Ludes, B., 2002. Populations anciennes et ADN ancien: état actuel de la question. *Antropo*, 2:1-8. Disponível no URL: <http://www.didac.ehu.es/antropo>.
- Laqueur, T., 2001, *Inventando o sexo. Corpo e gênero dos gregos a Freud* (Rio de Janeiro:Relume Dumará). pp. 313
- Livingstone, F. B., 1993. On the nonexistence of human races. The “Racial Economy of Science – Toward a democratic future, editado por S. Harding (Bloomington and Indianapolis: Indiana University Press) p. 133-141.
- Lock, M., 1994, Interrogating The Human Diversity genome Project. *Social Science and Medicine*, 39, 603-6.
- Lock, M., 1997, Decentering the natural body: making difference matter. *Configurations*, 5, 267-292.
- Nei, M., Roychoudhury, A. K., 1993, Evolutionary relationship of human populations on a global scale. *Molecular Biology and Evolution*, 10, 927-943.
- Nicholas, B., 2001, Exploring a moral landscape: genetic science and ethics. *Hypatia*, 6, 45-63.
- Pääbo, S., 2003, The mosaic that is our genome. *Nature*, 421, 409-412.
- Pigliucci, M., Kaplan, J., 2002, On the concept of biological race and its applicability to humans. 18th Biennial Meeting. Pittsburg: Philosophy of Science Association.
- Rosenberg, N. A., Pritchard, J. K., Weber, J. L., Cann, H. M., Kidd, K. K.; Zhivotovsky, L. A., Feldman, M. W., 2002, Genetic structure of human populations. *Science*, 298, 2381-5.
- Stepan, N. L., Gilman, S. L., 1993, Apropriating the idioms of science. The rejection of scientific racism., The “Racial Economy of Science – Toward a democratic future, editado por S. Harding (Bloomington and Indianapolis: Indiana University Press) p. 170-93.
- Stoler, A. L., Cooper, F., 1997, Between metropole and colony. Rethinking a research agenda. *Tensions of empire. Colonial cultures in a bourgeois world*, editado por F. Cooper et A. L. Stoler (Berkeley and Los Angeles: University of California Press) p.1-56.
- Stoler, A. L., 1997, Sexual affronts and racial frontiers: european identities and cultural politics of exclusion in colonial Southeast Asia. *Tensions of empire. Colonial cultures in a bourgeois world*, editado por F. Cooper et A. L. Stoler (Berkeley and Los Angeles: University of California Press) p.198-237.
- Templeton, A. R., 1997, Out of Africa? What do genes tell us? *Current Opinion in Genetics & Development*, 7, 841-7.

- Templeton, A. R., 1999, Human races: a genetic and evolutionary perspective. *American anthropologist*, 100, 632-650.
- Tishkoff, S. A., Verreli, B. C., 2003, Patterns of human genetic diversity: implications for human evolutionary history and disease. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, 4, 293-340.
- Vanouse, P., 2002, A race about race: race, inter-race and post-race in the study of human genetics. *Afterimage*, 30,1-4.
- Wade, P., 2001, Racial identity and nationalism: a theoretical view from Latin America. *Ethnic and Racial Studies*, 25, 845-65.