

A revelação de que o genoma humano consiste em cerca de trinta mil genes e de que mais de dois terços destes são genes de *splicing* alternativo, que codificam mais de uma proteína e, por vezes, muitas mais, põe termo às visões reducionistas sobre evolução e genética. Como Stephen Jay Gould diz num artigo publicado no *New York Times* de 19 de Fevereiro de 2002:

“O colapso da doutrina de um gene para uma proteína e de um fluxo causal unidireccional dos códigos básicos até à totalidade elaborada, marca o falhar do reducionismo aplicado ao sistema complexo a que chamamos Biologia...”

Nos últimos trinta anos, dogma após dogma tem caído na Biologia. O Dogma Central – que um gene codifica apenas uma proteína – morreu na última década com a descoberta do *splicing* alternativo (os genes também produzem outras substâncias não-proteicas, como os RNAs ribossomais). O suporte deste dogma, que diz que o DNA é apenas de leitura – implicando que o material genético se modifica apenas através de mutações aleatórias e não através de inserção ou rearranjo do material genético – sucumbiu há algum tempo com a descoberta de elementos genéticos móveis, como os retrovírus e os transposões. Contudo, o Dogma Central é ainda nostalgicamente e, por vezes, quase reverentemente, mencionado em novos manuais.

A montagem do RNA após a transcrição – e antes da tradução – na mitocôndria e outros locais, destrói a asserção de que o DNA é o esquema final das proteínas. O

intercâmbio de genes entre o DNA mitocondrial e nuclear coloca sérios problemas para aqueles que advogam o domínio total de padrões de DNA na tradução para proteínas. Aparentemente, os genes migram de muitas formas e por muitas razões diferentes. Atribuir toda essa actividade a acidentes aleatórios ou impulsos moleculares não direccionados é, simplesmente, idiota.

A relação evolutiva entre alguns retrotransposões, os chamados “genes saltitões” descobertos no milho por Barbara McClintock, e muitos retrovírus já foi firmemente estabelecida.

As modificações morfológicas grosseiras que ocorrem numa geração, como reacção a estímulos ambientais, foram conclusivamente demonstradas em pulgas de água, *arabidopsis* e outros organismos (i). A evidência de troca massiva de genes em bactérias e arqueobactérias destrói qualquer hipótese de estabelecer uma árvore evolutiva útil para estes micróbios.

Foi estimado que milhares de retrovírus endógenos humanos se encontram semi-adormecidos no nosso genoma. Estes emergem em grande quantidade nas placentas de mulheres grávidas, mas não foi ainda demonstrado que sejam transmitidos lateralmente, ou seja, por infecção, de indivíduo para indivíduo. Eu suspeito que essa barreira se quebrará a curto prazo, no que respeita à possibilidade de alguns vírus operarem como infecções retrovirais a nível da espécie, através de dezenas de milhar ou milhões de anos.