

**Antonio M. Solé-Cava**

Departamento de Genética,  
Universidade Federal do Rio de Janeiro



# Código de barras de DNA: o rabo que abana o cachorro

**No artigo ‘Código de barras de DNA: aderir ou não?’, publicado em *Ciência Hoje* nº 237, o biólogo Paulo B. Chaves defende a adesão de pesquisadores brasileiros ao programa que permitiria, por meio da tecnologia dos chamados códigos de barras de DNA, a identificação rápida, automática e precisa de todos os organismos da Terra. No mesmo texto, defende ainda o financiamento de pesquisas nessa linha no Brasil. Embora atraente, a idéia apresenta deficiências científicas que levaram muitos pesquisadores a criticá-la. Apresento brevemente aqui as limitações científicas e filosóficas desse programa, para que os leitores de *Ciência Hoje* possam avaliar melhor o tema, a partir da leitura crítica dos dois artigos.**

**E**m 250 anos de pesquisas, os taxonomistas só conseguiram descrever cerca de 15% da diversidade animal e vegetal do planeta. A partir da Conferência das Nações Unidas para o Meio Ambiente e o Desenvolvimento (Rio-92), essa constatação ficou conhecida como ‘impedimento taxonômico’. Com a enorme taxa atual de extinção de espécies, é provável que muitas desapareçam sem terem sido conhecidas. Recentemente foi proposto que o seqüenciamento de um fragmento de um gene mitocondrial poderia resolver o problema do impedimento taxonômico. As seqüências desse gene funcionariam de modo similar aos códigos de barras de supermercados, possibilitando – por meio do ambicioso programa que ficou conhecido como Consórcio Barcodes of Life (CBoL) – que as espécies terrestres fossem rapidamente identificadas.

O emprego da genética na identificação de espécies e na formulação de hipóteses filogenéticas é um ramo da ciência conhecido como sistemática molecular, que há décadas ajuda a resolver problemas taxonômicos. Assim, a sistemática molecular é parte da taxonomia. A proposta original

dos códigos de barras de DNA, tal qual formulada pelo entomólogo canadense Paul Hebert em 2003, é bem diferente. Na proposta do CBoL, as seqüências de DNA, em vez de servir de complemento para o trabalho do taxonomista (como no caso da sistemática molecular), passariam a ser a fonte principal (ou única) de informação para identificação e definição de espécies. O título escolhido para este artigo reflete o que considero uma inversão de valores na proposta dos códigos de barras em relação à taxonomia.

**A**ntes dos trabalhos de evolucionistas como Charles Darwin (1809-1882), pensava-se que as espécies fossem idéias e que sua variabilidade resultava de distorções dessa idéia. Com a proposta da teoria da evolução, os biólogos passaram a ver a variabilidade não como desvios da idéia, mas como a realidade. O antigo conceito de espécie foi então substituído por algo mais complexo, que levava em conta um contínuo evolutivo em que populações se diferenciavam ao longo do tempo até se tornar espécies novas. Por conta dessa complexidade, surgiram vários conceitos de espécie e nasceu ▶

a ciência que estuda a especiação. Hoje há mais de 20 conceitos de espécie, e todos reconhecem a dificuldade na discriminação entre o que seja variação intra- ou interespecífica.

Os proponentes do programa dos códigos de barras de DNA evitaram tal discussão e adotaram a atitude pragmática e irreal de atribuir um valor arbitrário de percentagem de diferenciação na seqüência de um fragmento de um gene como ponto de corte entre o que são espécies ou populações. Com base em comparações de seqüências do gene que codifica uma das subunidades da enzima citocromo oxidase de várias espécies, o CBoL estabeleceu que esse valor seria de 2,7% a 3%. Na prática, isso significa que, se a seqüência de DNA de um espécime diferir menos que 2,7% da seqüência de uma das espécies já conhecidas, ele será identificado como pertencente àquela espécie. Se for diferente de todas as espécies do banco de dados em um percentual superior a 2,7%, será considerado espécie nova para o banco de dados. Caso todas as espécies conhecidas daquele grupo estejam representadas no banco de dados, será então considerado uma espécie nova para a ciência. Esse é um procedimento simples e necessário para a automatização na identificação de espécies prevista no

programa do CBoL. Mas testes objetivos demonstraram que é impossível estabelecer um valor que não cause divisões ou agrupamentos excessivos das espécies, o que resulta em um percentual de erros da ordem de 30% na atribuição de espécies.

Se os taxonomistas tradicionais estivessem prontos a fazer o mesmo sacrifício conceitual dos proponentes do código de barras de DNA, há muito teriam resolvido o problema do impedimento taxonômico. Bastava aceitar algum valor padrão de divergência morfológica e passar a chamar de 'espécies' os grupos de indivíduos cuja divergência em relação a outros grupos ficasse acima desse valor. No entanto ninguém ousou formular uma proposta tão drástica, por ter consciência de quão equivocada ela seria cientificamente. Algumas abordagens foram sugeridas para evitar a delimitação de um valor arbitrário de corte nos códigos de barras, mas também elas são limitadas pelo uso de apenas um marcador e pela dificuldade de lidar com a variabilidade intra-específica.

**P**rojetos grandiosos geralmente demandam muito dinheiro. Para obtê-lo, às vezes os proponentes abandonam o rigor científico e exageram nas promessas. O projeto do CBoL não é diferente. O

que lhe deu projeção na mídia e garantiu financiamento foram promessas mirabolantes feitas em linguagem inteligível. Segundo seus autores, o seqüenciamento de DNA conseguiria, em 20 anos, realizar o que os taxonomistas haviam sido incapazes de fazer em 250 anos: identificar toda a biodiversidade da Terra. O custo previsto para a tarefa (US\$ 1 bilhão) seria irrisório se comparado, por exemplo, com o dinheiro necessário para pagar o enorme contingente de taxonomistas que precisariam ser contratados para fazer identificações de modo convencional.

À primeira vista, a idéia parece plausível. Afinal, estamos acostumados a ver a tecnologia acelerar muitas tarefas humanas. O problema é que o impedimento taxonômico não resulta da falta de tecnologias, mas da complexidade da natureza, da falta de recursos para remunerar taxonomistas e da grande variabilidade dentro das espécies. Nesse caso, os atalhos tecnológicos e conceituais, além de não resolverem o problema do desconhecimento sobre as espécies, desviam recursos valiosos de áreas onde seriam mais bem aplicados.

Um argumento usado a favor dos códigos de barras tem sido a economia de recursos, já que identificar 10 milhões de espécies com US\$ 1 bilhão não seria tão caro (cerca de US\$ 100 por espécie). Mas o custo anunciado é claramente uma subestimativa. Se observarmos os financiamentos sobre projetos de códigos de barras em diversos países, veremos que já foram alocados cerca de US\$ 100 milhões para programas que se comprometem a apresentar códigos de barras de menos de 90 mil espécies. Ou seja, com cerca de 10% do orçamento inicialmente previsto, pretende-se seqüenciar menos de 1% das espécies. Isso é particularmente alarmante se considerarmos que

---

Os proponentes do programa dos códigos de barras de DNA [...] adotaram a atitude pragmática e irreal de atribuir um valor arbitrário de percentagem de diferenciação na seqüência de um fragmento de um gene como ponto de corte entre o que são espécies ou populações

as espécies em análise no momento são, em sua maioria, justamente as já conhecidas.

**D**e fato, a descrição convencional da biodiversidade do planeta é lenta, devido à complexidade do tema e à falta de estímulo ao trabalho de sistematização. Mas a solução proposta por Hebert joga fora o bebê junto com a água da banheira, ao sugerir que os códigos de barras serão “uma solução parcial ao número decrescente de taxonomistas morfológicos, permitindo a cristalização de seu conhecimento antes que eles saiam de cena”. Pensar que é possível cristalizar o conhecimento é ignorar a dinâmica de construção do saber científico. Além disso, parece incongruente crer que cristalizar o pouco que se sabe seja o caminho para superar o impedimento taxonômico. Um programa que apresenta solução rápida e grosseira para esse impedimento poderia reduzir ainda mais o estímulo ao trabalho taxonômico de qualidade. Ao competir com projetos de taxonomia convencional, um programa tecnicamente simples, com facilidade para obter financiamento e publicar seus resultados, seduziria muitos jovens cientistas. Conseqüentemente, estes não seriam treinados pelos bons taxonomistas atuais, que, ao “sair de cena”, não teriam tido chance de formar novos taxonomistas. O Brasil é um dos países com a melhor base de taxonomistas do mundo. Portanto, faz mais sentido apoiá-los do que se aventurar em programas de alta visibilidade e baixa consistência acadêmica.

O impedimento taxonômico é um fato. A perda da diversidade no planeta também. Portanto, é urgente conhecer nossa biodiversidade mais rapidamente. O desenvolvimento da sistemática molecular decerto auxiliará nessa tarefa. Mas deve ser usado só em casos específicos, de difícil solu-

## O Brasil é um dos países com a melhor base de taxonomistas do mundo. Portanto, faz mais sentido apoiá-los do que se aventurar em programas de alta visibilidade e baixa consistência acadêmica

ção por outras vias. Na descoberta e descrição da biodiversidade, existem aplicações mais baratas e eficientes para ajudar a superar o impedimento taxonômico. Com US\$ 1 bilhão seria possível formar, com qualidade, uma nova geração de taxonomistas, aproveitando-se a base de conhecimento atual de bons zoólogos e botânicos de vários pontos do planeta. Os novos taxonomistas não seriam apenas ‘identificadores’ de novas espécies; seriam fundamentais para a compreensão da ecologia, biologia e fisiologia dos organismos.

Com parte desse recurso seria possível digitalizar toda a literatura taxonômica antiga de difícil acesso e disponibilizá-la na internet. A medida ajudaria sobretudo cientistas de países pobres, que têm dificuldade de consultar as grandes obras taxonômicas do século 19, e reduziria o tempo necessário para a busca de uma espécie ou publicação. Ao mesmo tempo não seria necessário adquirir um número elevado de seqüenciadores de DNA, equipamentos caros produzidos por grandes corporações de nações industrializadas. Em um país com megadiversidade como o Brasil, o que faz mais sentido: comprar novos seqüenciadores ou investir na formação de bons taxonomistas? Trabalho há mais de 20 anos com sistemática molecular e sei de sua utilidade para abordar problemas taxonômicos. No entanto, sem uma base em ta-

xonomia que permita a formulação de perguntas certas e interpretação de resultados, os trabalhos em sistemática molecular seriam vazios. Teríamos um grande número de seqüências e continuaríamos ignorantes a respeito de nossa biodiversidade.

Sem dúvida interessa saber quantas espécies diferentes de insetos há em um alqueire de floresta na Amazônia, por exemplo. Mas a informação obtida a partir de 640 nucleotídeos (menos de 0,0000001% de seu genoma) não permite saber o que elas fazem, suas relações com outras espécies ou seu papel no ecossistema. A informação sobre a existência dessas espécies é útil, mas o dinheiro necessário para obtê-la seria mais bem aplicado em estudos sistemáticos ou ecológicos convencionais. Estes, quando necessário, seriam complementados pela sistemática molecular.

A única coisa realmente original no programa dos códigos de barras é a proposta de identificar toda a vida do planeta rápida e automaticamente. Mas a novidade, por mais atraente que seja para nosso espírito de ficção científica, não se sustenta nem filosófica nem cientificamente no momento. Para sintetizar o que o programa representa para a taxonomia, nada melhor que uma frase do escritor inglês Samuel Johnson (1709-1784): “Prezado autor: seu texto tem coisas boas e originais. No entanto, o que é original não é bom, e o que é bom não é original.” ■