

A natureza dos vírus sob a teoria do gene egoísta de Dawkins

Geonildo Rodrigo Disner⁽¹⁾

Data de submissão: 1º/8/2020. Data de aprovação: 8/10/2020.

Resumo – A pandemia de COVID-19 levantou um antigo debate sobre a natureza dos vírus. Baseado em conceitos estritos, eles não têm metabolismo, homeostase interna, crescimento ou se replicam sem um hospedeiro, portanto, não poderiam estar vivos. A descoberta de vírus gigantes retoma o seu papel na evolução, pois exibem maior complexidade e carregam um genoma extenso, dependendo menos do hospedeiro. Os vírus devem ter evoluído de organismos mais complexos e perdido seus genes temporalmente, reduzindo-os ao essencial. Pela teoria do gene egoísta de Dawkins, a seleção natural atua sobre genes específicos como unidade de seleção. Esse replicador usa veículos transitórios em favor de sua multiplicação, e o aspecto egoísta mantém as características sendo transmitidas. Do ponto de vista da seleção natural, replicadores ou genes virais que menos replicam diminuirão em frequência, e o fato de manterem a estrutura simples não implica o *status* inerte dos vírus. Os limites entre vivo *versus* não-vivo são um contínuo, e essa classificação é mais um debate filosófico e semântico que científico. Esta revisão visa reunir informações sobre a origem dos vírus e a relação com a vida primordial através de uma revisão narrativa da literatura. Por meio do entendimento acerca da onipresença e aspectos evolutivos dos vírus, é possível chegar a um entendimento geral de que estes podem ser classificados como seres vivos, pois expressam informações hereditárias e evoluem através da seleção natural.

Palavras-chave: Evolução. Genes. Replicador. Seleção natural. Vírus.

The nature of viruses under Dawkins' selfish gene theory

Abstract – The COVID-19 outbreak brought up a long-standing debate about the nature of viruses. Based on strict concepts of life, they do not grow, have metabolism and internal homeostasis, or replicate without a host, so they could not be alive. The discovery of giant viruses revives their role in early evolution. They exhibit greater complexity and carry an extensive genome, depending less on the host. Viruses must have evolved from more complex organisms and lost their genes, reducing to the essentials. According to Dawkins' selfish gene theory, the evolution by natural selection acts on specific genes as a unit of selection. This replicator uses transient 'vehicles' in favor of its multiplication, and the selfish aspect keeps genetic traits passing on. From natural selection perspective, the replicators or viral genes which least replicate will decrease in frequency. The fact that they kept it simple in structure does not imply the inert status. Boundaries between living *vs.* nonliving are a continuum, this classification may be a philosophical and semantics debate rather than scientific. This review aims to gather information about the origin of viruses and the relationship with primordial life through a narrative review of the literature. Through the comprehension about the ubiquity and evolutionary aspects of viruses, it is possible to reach a general understanding that they can be classified as living beings, as they express hereditary information and evolve through natural selection.

Keywords: Evolution. Genes. Natural selection. Replicator. Virus.

¹ Biólogo, doutor em Genética, pós-doutorando no Laboratório de Toxinologia Aplicada. Centro de Toxinas, Resposta Imune e Sinalização Celular do Instituto Butantan. *disner.rodrigo@gmail.com. ORCID: <http://orcid.org/0000-0002-4561-1361>.

Introdução

Vírus e elementos do tipo virais, como os retrotransposons, são associados com todas as formas de vida. Eles são as entidades biológicas mais abundantes na Terra, dada a sua dominância na biosfera, estando presentes em todos os lugares, em nosso entorno, nos oceanos, no solo e em todos os seres vivos (MOELLING; BROECKER, 2019; KOONIN, 2016; KOONIN; DOLJA, 2013). Eles não são de vida livre, e apesar de poderem sobreviver e permanecer infecciosos temporariamente em uma variedade de superfícies, não podem se reproduzir sem um hospedeiro. Após décadas de trabalho, virologistas oficialmente nomearam apenas 6.828 espécies de vírus, mais centenas de milhares são conhecidas, com talvez trilhões a serem descobertas. Os vírus são responsáveis por algumas das mais perigosas e mortais doenças, incluindo ebola, raiva, influenza e varíola; apesar de apenas uma pequena fração da virosfera infectar humanos, apenas 250 espécies de vírus têm o corpo humano como hospedeiro (ZIMMER, 2020).

Devido à grande diversidade e heterogeneidade, os cientistas encontram dificuldades em classificar os vírus e enquadrá-los na árvore da vida em termos de evolução. De acordo com uma definição estrita, e uma grande parcela dos cientistas, esses organismos supostamente não são vivos. No entanto, nem todos, necessariamente, concordam com essa conclusão, pois essa concepção dificulta a sua correlação evolutiva com outros seres. Uma vez que eles evoluem por seleção natural e interagem com outras espécies, eles devem ser considerados como seres vivos. Talvez os vírus representem um tipo diferente de organismo na árvore da vida – os organismos codificadores de capsídeo (OCC) –, correspondendo a uma divisão de todos os organismos vivos em dois grupos distintos: organismos codificadores de ribossomos (OCR) e OCC, conforme proposto por Raoult e Forterre (2008). Evidências recentes, como a descoberta dos vírus gigantes (RAOULT; SCOLA; BIRTLES, 2007), trouxeram à tona esse assunto. Agora, a pandemia de COVID-19 destacou o campo da virologia e as teorias acerca desses seres, especialmente em relação a sua classificação como seres vivos ou inanimados.

Os vírus certamente não são vivos no sentido clássico porque eles não são capazes de metabolização ou replicação por conta própria. Mesmo assim, também não parece correto classificá-los como inanimados uma vez que eles são constituídos de moléculas biológicas e carregam informação genética, diferente de outras moléculas químicas, como as proteínas ou componentes celulares, que são compostos por átomos e pequenos blocos de construção, que não carregam a informação relacionada a sua existência. A hereditariedade é o que diferencia os vírus de outras moléculas inanimadas, um ponto chave para o mundo dos seres vivos.

A replicação viral é um processo de cópia dos genes, o que os mantém ativos (literalmente vivos) ao longo do tempo, e que seria o equivalente à reprodução, em um sentido estrito. De acordo com a teoria do gene egoísta de Dawkins (2007), os indivíduos são transientes, mas os genes que eles carregam são permanentes, desde que passados para frente (considerando as devidas modificações que possam sofrer). Tanto a replicação quanto a reprodução fazem cópias do material genético e o transmitem para as gerações seguintes. Da perspectiva do gene, ou replicador, como o chamou Dawkins, essas são as entidades que verdadeiramente respondem à seleção natural, ou seja, que representam a vida. Em vírus, replicadores egoístas usam seus hospedeiros como veículos para a sua perpetuação, o que segue o mesmo propósito da reprodução, como consta em um trecho de Richard Dawkins em *The selfish gene* (O gene egoísta):

Então, o que tem de tão especial nos genes? A resposta é que eles são replicadores. Há algum princípio na biologia que possivelmente tenha uma validade universal? Existe algo que deve ser verdadeiro de toda vida, independentemente de onde for encontrada e das bases de sua composição química? Se formas de vida existam cuja química é baseada em silício ao invés de carbono, ou amônia no lugar de água, se criaturas forem descobertas que ferverem até a morte em -100° centígrados, se uma

forma de vida é encontrada em que não é nem mesmo baseada em química mas sim em circuitos eletrônicos, ainda haverá algum princípio geral que é válido para toda a vida? Obviamente eu não sei, mas se eu tivesse que apostar, eu investiria em um princípio fundamental, na lei que toda a vida evolui por sobrevivência diferencial das entidades replicantes. O gene, a molécula de DNA ou RNA, é a entidade replicante que prevalece no nosso planeta.

O debate corrente sobre a natureza dos vírus reemergiu durante o surto de SARS-Cov-2. Baseado no atual estado da arte e na perspectiva do gene egoísta, este ensaio tem como objetivo revisar as principais teorias da ancestralidade viral e relações evolutivas entre o mundo microscópico. Além disso, apresentar as características que corroboram a teoria de que os vírus são organismos vivos, uma vez que os mesmos princípios gerais que governam todas as formas de vida também se aplicam aos vírus, especialmente a expressão da informação genética e a evolução por sobrevivência diferencial.

Vírus: criaturas singulares

[Vírus], não leões, tigres ou ursos, sentam-se magistralmente acima de nós na cadeia alimentar da vida, ocupando um papel de predadores alfa que atacam tudo e são atacados por nada.

— Claus Wilke & Sara Sawyer

O interesse em vírus se origina de sua característica infecciosa associada com doenças. Isso é uma perspectiva antropocêntrica baseada no fato de que tais seres causam enfermidades em humanos, plantas e animais (FARIAS *et al.*, 2019). A palavra "vírus" tem suas raízes no termo latino para "veneno". No final do século 19, os pesquisadores perceberam que doenças específicas eram causadas por partículas que pareciam se comportar como bactérias, mas eram muito menores. Como eram claramente biológicos e podiam se espalhar de uma vítima para outra com aparentes efeitos biológicos, os vírus eram então considerados a mais simples de todas as formas de vida e portadoras de genes (BURRELL *et al.*, 2017).

Seu rebaixamento para inertes ocorreu após 1935, quando o vírus do mosaico do tabaco foi cristalizado pela primeira vez. Esse consistia em um pacote bioquímico complexo, mas carecia de sistemas essenciais necessários para as funções metabólicas. Pesquisas posteriores estabeleceram que os vírus são os únicos organismos acelulares, consistindo em ácidos nucleicos (DNA ou RNA) envolvidos em um revestimento proteico (capsídeo) que também pode abrigar proteínas virais envolvidas na infecção. As funções do capsídeo são interagir com o hospedeiro, proteger e carregar seu genoma. Quando um vírus entra na célula, está longe de ser inativo. Ele desfaz seu envoltório, apresenta seus genes e induz o mecanismo de replicação da célula para produzir mais proteína do invasor com base nas instruções do ácido nucleico viral. Isso origina mais vírus que podem infectar outras células (VILLARREAL, 2008).

Sabemos que os vírus são bastante diversos. Sua morfologia, estruturas e estratégias de replicação são igualmente vastas. Quanto ao seu conteúdo genético, eles podem ser classificados em sete categorias: genomas de DNA de fita dupla (como bacteriófagos e vírus do herpes), DNA de fita simples, RNA de fita dupla (rotavírus), RNA positivo de fita simples (coronavírus), RNA negativo de fita simples (influenza, raiva e ebola), retrovírus de RNA (HIV) e retrovírus de DNA (hepatite B). No entanto, eles compartilham algumas características: primeiro, eles geralmente são muito pequenos, com um diâmetro entre 20 e 300 nanômetros; segundo, eles podem replicar apenas dentro de uma célula hospedeira; e terceiro, embora alguns vírus carreguem genes para a tradução, nenhum vírus conhecido contém ribossomos, um componente necessário da maquinaria celular de produção de proteínas (WESSNER, 2010). Muitas partículas virais (vírions) são ainda mais complexas. Elas contêm um envelope lipídico-proteico ou um capsídeo adicional e enzimas virais específicas necessárias para a replicação (DURZYŃSKA; GOŹDZICKA-JÓZEFIAK, 2015).

Os vírus são antigos. É difícil rastrear a relação entre vírus conhecidos e nem sabemos se todos eles têm a mesma origem. Os vírus não fossilizam, e sem um registro fóssil para estudar, tem sido uma luta para desvendar sua linhagem. No entanto, muitos genomas virais sempre puderam se integrar aos genomas celulares. O estudo desse “registro fóssil” genômico, chamado paleovirologia, ajuda a entender a história evolutiva de longo prazo das interações vírus-hospedeiro (KATZOURAKIS, 2013). Entre os virologistas existem muitos estudos sobre a origem dos vírus, e as principais hipóteses são apresentadas no Quadro 1.

Quadro 1 –As três principais hipóteses resumidas sobre a origem dos vírus

Hipóteses	Hipótese progressiva (Hipótese do escape)	Hipótese regressiva (Hipótese da redução)	Hipótese vírus primeiro (Hipótese da coevolução)
Conceito	Os vírus surgiram de elementos genéticos que ganharam a capacidade de se mover entre as células.	Afirma que os vírus são remanescentes de organismos celulares.	Afirma que o vírus é anterior ou coevoluiu com seu hospedeiro celular atual.
Evidências	Este processo se assemelha a retrotransposons, elementos genéticos móveis que compõem a maioria dos genomas eucarióticos.	Os vírus devem ter evoluído de ancestrais de vida livre, perdendo informações genéticas ao longo do tempo. Os vírus de DNA grandes nucleocitoplasmáticos (como o mimivírus) ilustram melhor esta hipótese.	Os vírus podem ter sido as primeiras entidades autorreplicantes existentes no mundo pré-celular. Genomas virais codificam proteínas que não possuem homólogos celulares, e muitos organismos contêm elementos virais endógenos em seu genoma, que são remanescentes de genes virais antigos.
Contra-argumento	Não explica as estruturas exclusivas dos vírus e que não são vistas em nenhuma outra célula, além dos capsídeos complexos e outras estruturas das partículas virais.	Não existe uma forma intermediária entre uma célula e um vírus. Os demais parasitas conhecidos pelos três domínios da vida mantiveram seu caráter celular, possuem ribossomos e podem sintetizar ATP.	Alguns descartam a hipótese porque ela viola a exigência de uma célula hospedeira para replicação e a evidência de que vírus e bactérias descendem de uma antiga forma de vida celular.

Fonte: KOONIN; DOLJA, 2013; MOELLING; BROECKER, 2019; NASIR; KIM; CAETANO-ANOLLÉS, 2012; RAOULT; FORTERRE, 2008; WESSNER, 2010.

A hipótese progressiva está intimamente relacionada ao movimento dos retrotransposons, um componente importante da maioria dos genomas eucarióticos. Esses elementos genéticos móveis constituem impressionantes 42% do genoma humano (LANDER *et al.*, 2001) e podem se mover dentro do genoma por meio de um intermediário de RNA. Como os retrovírus, certas classes de retrotransposons (os retrotransposons do tipo viral) codificam a transcriptase reversa e, frequentemente, uma integrase. Com essas enzimas, esses elementos podem ser transcritos em RNA, depois revertidos em DNA e integrados em um novo local dentro do genoma. Desse modo, a origem estaria relacionada ao escape desses elementos genéticos que ganharam a capacidade de moverem-se entre células, originando os vírus.

A hipótese regressiva sugere que os vírus evoluíram a partir de protocélulas de vida livre que existiam independentemente. Exemplos de como um estilo de vida independente pode ter sido perdido incluem mitocôndrias, cloroplastos, *Chlamydia* e *Rickettsia*, que costumavam ser bactérias autônomas e se tornaram parasitas intracelulares ou endossimbiontes perdendo assim a maioria de seus genes. Com o tempo, o relacionamento se tornou parasitário, à medida que um organismo se tornou cada vez mais dependente do outro, até que não foi possível replicar-se independentemente (WESSNER, 2010; MOELLING; BROECKER, 2019).

Os vírus carregam apenas a informação genética essencial de que precisam para poder entrar em uma célula hospedeira e “convencê-la” a fazer novas cópias do vírus. O vírus influenza, por exemplo, possui apenas 14 genes codificadores de proteínas, enquanto o vírus ebola possui apenas 7 genes (RICHTER, 2015). No entanto, um grupo específico de vírus, os vírus de DNA grandes nucleocitoplasmáticos (*Nucleocytoplasmic Large DNA Viruses-NCLDV*s), melhor ilustram a hipótese regressiva. Esses vírus, que incluem o vírus da varíola e o gigante recém-descoberto de todos os vírus, mimivírus, são muito maiores que a maioria dos demais (RAOULT; SCOLA; BIRTLES, 2007). O mimivírus exibe um diâmetro total de aproximadamente 750 nm e um genoma de 1,2 milhão de pares de bases. Outras linhagens principais de vírus gigantes são os *pithovirus* e os *pandoraviridae*, todos com genomas de mais de 500 kbp. Além de seu grande tamanho, os NCLDV^s exibem maior complexidade que outros vírus e contêm um repertório relativamente extenso de genes associados à tradução, genes que podem ser remanescentes de um sistema de tradução anteriormente completo (COLSON *et al.*, 2013). Essa descoberta corrobora com o estado vivo dos vírus.

Além disso, um estudo concluiu que os vírus não evoluíram primeiro, depois de serem pioneiros em uma nova maneira de mapear a árvore genealógica microbiana. Segundo a pesquisa, a análise filogenética descobriu uma árvore da vida universal e revelou que os vírus modernos foram reduzidos a partir de várias células antigas que abrigavam genomas de RNA segmentado e coexistiam com os ancestrais das células modernas. Vírus e bactérias descendem de uma antiga forma de vida celular, sendo que enquanto as bactérias evoluíram para se tornarem mais complexas (como os humanos), os vírus se tornaram mais simples (NASIR; KIM; CAETANO-ANOLLÉS, 2012).

As hipóteses progressivas e regressivas assumem que as células existiam antes dos vírus. E se os vírus existissem primeiro? Devido à simplicidade das estruturas e à semelhança com organismos primordiais, os pesquisadores propuseram que os vírus podem ter sido as primeiras entidades autorreplicantes em um mundo pré-celular (KOONIN; DOLJA, 2013). Com o tempo, essas unidades se tornaram mais organizadas e mais complexas. Eventualmente, enzimas para a síntese de membranas e paredes celulares evoluíram, resultando na formação de células (WESSNER, 2010). Estudos em nível molecular revelaram relações entre os vírus que infectam organismos de cada um dos três domínios da vida, sugerindo proteínas virais que antecedem a divergência da vida e que, portanto, infectavam o último ancestral comum universal (LUCA). Por essa hipótese, os vírus contribuíram para o surgimento da vida celular (WESSNER, 2010; DURZYŃSKA; GOŹDZICKA-JÓZEFIK, 2015).

O que torna um ser “vivo”?

A vida em si também é difícil de definir e, ao longo da história da ciência, de Aristóteles a K. Ruiz-Mirazo, a definição de vida foi modificada muitas vezes e, como a vida é um processo e não uma substância, é um desafio limitar a “vida” de uma maneira simples.

— Durzyńska & Goździcka-Józefiak

Pode-se perguntar: “Se cristaliza um vírus para obter um cristal composto pelas moléculas que compõem o vírus, essas moléculas são inanimadas ou não?” As propriedades dos organismos vivos são as de agregados de moléculas. É muito difícil traçar uma linha entre moléculas que não têm vida e as que têm.

— Linus Pauling

A dificuldade em determinar com precisão quando e onde se deu a origem da vida reforça que os indícios da fronteira entre vivo e não vivo é difusa. A pesquisa de Dodd *et al.* (2017) sugere, por exemplo, que possíveis assinaturas de vida com pelo menos 3.770 milhões de anos e, possivelmente, 4.280 milhões de anos, poderiam representar as primeiras evidências de vida na Terra. Os vírus também estão nessa sobreposição conceitual, indicando que não há uma fronteira definida, mas sim um contínuo evolutivo (MOELLING; BROECKER, 2019). Eles

não podem se replicar por conta própria, mas podem fazê-lo em outras células, e também afetam profundamente o comportamento de seus hospedeiros. Para considerar essa questão, precisamos entender bem o que queremos dizer com "vida" e quando ela surgiu na Terra.

A Terra foi formada há cerca de 4,6 bilhões de anos, e as formas de vida mais antigas conhecidas são microrganismos fossilizados encontrados em precipitados de fontes hidrotermais. Da perspectiva científica mais precisa, a vida apareceu, aproximadamente, há 3,5 bilhões de anos atrás. Um estudo genético de 2016 corrobora que o último ancestral comum universal pode ter vivido em fontes hidrotermais de alto mar há 3,5-3,8 bilhões de anos (WEISS *et al.*, 2016).

A primeira grande transição na história da vida envolveu a origem das protocélulas. Em contraste, a segunda transição consistiu na origem da tradução e das células procariontes. O estágio pré-celular da evolução biológica pode ser considerado como um estado viral. Nesse modelo, os sujeitos da evolução eram pequenos elementos genéticos na faixa de tamanho dos vírus de RNA existentes, ou seja, aproximadamente 1 a 30 kb, que eram parcial ou totalmente egoístas (KOONIN, 2016).

A teoria da autorreplicação pode ser facilmente integrada à teoria do mundo de RNA em relação às origens da vida. O mais fundamental de todos os problemas é a expressão de informações hereditárias, que hoje exigem maquinaria extraordinariamente complexa, e vão do DNA à proteína através de um intermediário de RNA. A partir da teoria do mundo de RNA, as informações de hereditariedade estavam se replicando e, de alguma forma, organizadas antes mesmo do surgimento das células modernas. O RNA armazenou informações genéticas e catalisou as reações químicas nas células primitivas. Existem, por exemplo, ribozimas descritas nos três domínios (*Archaea*, *Bacteria* e *Eukarya*) e em vírus de RNA. Somente mais tarde no tempo evolutivo, o DNA assumiu o controle como material genético predominante, e as proteínas se tornaram o principal catalisador e componente estrutural das células (ALBERTS *et al.*, 2002).

Mais tarde na história evolutiva da vida, as principais transições incluíram a origem de células procarióticas e depois eucarióticas, organismos multicelulares e animais eussociais. Todas ou quase todas as formas de vida celular são hospedeiras de diversos elementos genéticos egoístas com vários níveis de autonomia, incluindo plasmídeos, transposons e vírus. Pelo menos até a origem da multicelularidade, as transições evolutivas foram impulsionadas pela coevolução dos hospedeiros com esses parasitas genéticos, juntamente com o compartilhamento de "bens comuns". Elementos egoístas conduzem transições evolutivas em níveis distintos. A modelagem matemática de processos evolutivos, como a evolução de populações replicadoras primitivas ou organismos unicelulares, indica que apenas o aumento da complexidade organizacional, por exemplo, o surgimento de agregados multicelulares, pode impedir o colapso do sistema hospedeiro-parasita sob a pressão dos parasitas (KOONIN, 2016).

O critério central para delimitar o que está vivo e o que não está é a capacidade de expressar informações hereditárias. No entanto, atualmente, outros critérios são levados em consideração. Embora as definições específicas possam variar, os biólogos geralmente concordam que todos os organismos vivos exibem várias propriedades-chave: eles podem crescer, reproduzir-se, manter a homeostase interna, responder a estímulos, realizar vários processos metabólicos e evoluir.

Os vírus não se enquadram em todos esses padrões. Porém, todos sabemos que os vírus se reproduzem de alguma maneira pois podemos ser infectados com um pequeno número de partículas virais e ficamos doentes alguns dias depois, à medida que os vírus se replicam dentro de nossos corpos. Da mesma forma, provavelmente todos percebemos que os vírus evoluem. Precisamos tomar uma vacina contra a gripe todos os anos, principalmente devido às mudanças do vírus influenza de um ano para o outro (WESSNER, 2010). Os vírus mudam em até um por cento das posições do genoma por ano, isso corresponde à diferença entre humanos e

chimpanzés. As frequentes mutações ajudam os vírus a se esconderem do sistema imunológico às custas da funcionalidade viral (ZANINI *et al.*, 2015).

No entanto, nas últimas décadas, os desenvolvimentos em virologia começaram a revelar cada vez mais que os vírus podem estar vivos. A descoberta do mimivírus, em 1992, que é, aproximadamente, do mesmo tamanho de uma bactéria pequena, desafiou profundamente esse conceito (WESSNER, 2010). Além disso, os cientistas encontraram outro vírus gigante do tamanho de uma bactéria (mamavírus). Após um estudo mais aprofundado, verificou-se que esse vírus gigante tinha um vírus menor associado a ele (Sputnik). Quando o mamavírus infectou amebas, ele criou uma fábrica gigante de vírus, cuja maquinaria foi sequestrada pelo vírus menor. Alguns cientistas apontaram o fato de que, se um vírus pode ser infectado ou ficar doente, deve ser considerado um organismo vivo (PEARSON, 2008).

Outro sinal da fronteira nebulosa entre vivos e não vivos é que os vírus compartilham grande parte de suas características genéticas com as células hospedeiras. Um estudo de 2015 sobre dobras de proteínas, estruturas que mudam pouco durante a evolução, em milhares de organismos e vírus, encontrou que 442 dobras são compartilhadas em todos, e que somente 66 eram específicas para vírus. Essas mudanças são nas proteínas da camada externa do vírus – a maquinaria usada para invadir as células hospedeiras. Esse passo importante parece ter ocorrido cerca de 1,5 bilhão de anos atrás. Essas descobertas sugerem que os vírus podem ter evoluído ao lado das primeiras células "vivas" (NASIR; KIM; CAETANO-ANOLLÉS, 2012).

A categorização de vírus como não vivos durante grande parte da era moderna da ciência biológica teve uma consequência não intencional: levou a maioria dos pesquisadores a ignorar vírus no estudo da evolução. Além disso, os virologistas têm se esforçado para descobrir as classes e os reinos da virosfera, até mesmo considerando se um quarto domínio seria apropriado. Parte do problema é que os vírus têm uma propensão ao intercâmbio de genes com outras espécies, dificultando o traçado de linhas claras entre grupos. No entanto, os cientistas estão começando a apreciar os vírus como atores fundamentais na história da vida. Afinal, existe uma relação direta entre sucessão de teorias e progresso científico (VILLARREAL, 2008).

De autorreplicadores a genes egoístas

Toda a vida evolui pela sobrevivência diferencial das entidades replicantes.
— Richard Dawkins

Richard Dawkins é um etólogo inglês, biólogo evolucionista e autor que ganhou destaque com seu livro de 1976 "O gene egoísta", que popularizou a visão da evolução centrada no gene. Segundo seu conceito, o organismo é apenas um "veículo" temporário do gene, cujo objetivo é sua autorreplicação. Atualmente, nenhuma outra unidade mostra tal persistência – nem cromossomos, nem indivíduos, nem grupos, nem espécies; isto é, a seleção natural atua sobre o gene como uma unidade de seleção (uma entidade hierárquica da organização biológica sujeita à seleção natural) (RIDLEY, 2016; DAWKINS, 2007).

É fundamental voltar à origem da vida para entender melhor o argumento sobre a teoria original. A evolução sempre operou selecionando aqueles que melhor se adaptaram ao meio ambiente. Portanto, em um provável cenário pré-biótico, aqui entendido como antes do surgimento dos primeiros organismos celulares, Dawkins sugere que uma forma de seleção natural darwiniana já estava ocorrendo, onde permaneciam as moléculas quimicamente mais estáveis, enquanto as instáveis eram destruídas.

Evolutivamente falando, considerando que a vida surgiu em nosso planeta, devemos admitir o surgimento espontâneo de uma molécula que se autorreplica, apesar de qualquer especulação sobre a atmosfera primitiva existente ou sua constituição química. Essa molécula replicadora teria surgido através da união espontânea de suas partes químicas constituintes, que estariam dispersas na sopa primordial. Para que essa molécula fosse um precursor da vida, era necessário que ela tivesse uma única característica marcante: ela deveria ser estável o suficiente para poder se autocopiar antes que os processos químicos a destruíssem na atmosfera primitiva.

Para essa capacidade de autorreplicação, Dawkins usou os adjetivos egoísta e imortal quando aplicados ao gene, mas sem julgamento moral ou de direcionalidade.

A teoria dos genes egoístas é uma teoria científica com um foco evolutivo, ultra-darwiniano e genecêntrico. Ela tenta explicar a evolução biológica a partir de uma perspectiva genética, voltando à origem da vida e tentando mostrar como moléculas replicadoras específicas (ancestrais dos genes) poderiam ter evoluído para formar as primeiras protocélulas e, a partir daí, todos os seres vivos existentes hoje (PROSDOCIMI, 2009). Sob essa teoria, todos os genes, inclusive os virais, descendem dessas entidades primitivas da vida e expressam, embora de maneira incomum, uma das formas de vida neste planeta.

Considerações finais

Seriam os humanos ou os vírus que marcam o apogeu da evolução? Embora tenhamos evoluído ao longo de um caminho de complexidade cada vez maior, os vírus foram simplificados, mantendo com sucesso não mais que genes essenciais (RICHTER, 2015). Isso não seria considerado um tipo de sucesso evolutivo superior? Afinal, eles seguiram todos os processos biológicos desde o início da vida até agora. Além disso, repetidamente ao longo da história, as pandemias virais ameaçam a existência humana, funcionando, pelo menos, como um controle demográfico eficaz.

Afinal, em termos de conceito da vida, se os vírus são correlacionados e descendentes das células vivas, eles ainda estão vivos agora; mas exclusivamente quando vírus infectam uma célula, essa reunião forma um sistema vivo completo. Outra maneira de pensar sobre a vida é como uma propriedade emergente de uma coleção de certas coisas inanimadas. Vida e consciência são exemplos de sistemas complexos emergentes. Cada um deles exige um nível crítico de complexidade ou interação para atingir seus respectivos estados. Abordados a partir desta perspectiva, os vírus podem ser considerados mais do que matéria inerte: eles beiram a vida (VILLARREAL, 2008).

Por fim, considerar o *status* dos vírus como vivos ou não também é um exercício filosófico e um debate retórico. A questão viva *versus* não viva é um contínuo, não binário. A natureza não faz uma fronteira nítida entre esses dois conceitos. Não pode haver linha divisória firme quando toda a história da evolução é de mudanças graduais. Pode existir um espectro, e como os cientistas encaram essa questão influencia seu pensamento sobre os mecanismos da evolução. Uma coisa é certa: esse é um campo a ser explorado; enquanto isso, os vírus continuam evoluindo e levando outras espécies a evoluir.

Referências

ALBERTS, B. *et al.* **The RNA World and the Origins of Life-** Molecular Biology of the Cell. v. 4. New York: Garland Science, 2002.

BURRELL, C.J.; HOWARD, C.R.; MURPHY, F.A. **History and Impact of Virology.** Fenner and White's Medical Virology (Fifth Edition):3-14, 2017. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-375156-0.00001-1>

COLSON, P.; LAMBALLERIE, X.; YUTIN, N.; ASGARI, S.; BIGOT, Y.; BIDESHI, D.K.; CHENG, X.; FEDERICI, B.A.; VAN ETTEN, J.L.; KOONIN, E.V.; SCOLA, B.; RAOULT, D. **“Megavirales”, a proposed new order for eukaryotic nucleocytoplasmic large DNA viruses.** Arch Virol., 158 (12), 2013. <https://doi.org/10.1007/s00705-013-1768-6>.

DAWKINS, R. **O gene egoísta.** São Paulo: Companhia das Letras, 2007.

- DODD, M.; PAPINEAU, D.; GRENE, T. et al. **Evidence for early life in Earth's oldest hydrothermal vent precipitates.** *Nature*, 543: 60–64, 2017.
<https://doi.org/10.1038/nature21377>
- DURZYŃSKA, J.; GOŹDZICKA-JÓZEFIAK, A. **Viruses and cells intertwined since the dawn of evolution Emerging viruses.** *Virology*, 12(1):1–10, 2015.
<https://doi.org/10.1186/s12985-015-0400-7>.
- FARIAS, S.T.; JHEETA, S.; PROSDOCIMI, F. **Viruses as a survival strategy in the armory of life.** *Hist Philos Life Sci.*, 41, 2019. <http://dx.doi.org/10.1007/s40656-019-0287-5>
- KATZOURAKIS, A. **Paleovirology: inferring viral evolution from host genome sequence data.** *Philos Trans R Soc L B Biol Sci.*, 368(1623), 2013.
<http://dx.doi.org/10.1098/rstb.2012.0493>.
- KOONIN, E.V. **Viruses and mobile elements as drivers of evolutionary transitions.** *Philos Trans R Soc B Biol Sci.*, 371(1701), 2016. <http://dx.doi.org/10.1098/rstb.2015.0442>.
- KOONIN, E.V.; DOLJA, V.V. **A virocentric perspective on the evolution of life.** *Curr Opin Virol.*, 3:546–557, 2013. <http://dx.doi.org/10.1016/j.coviro.2013.06.008>.
- LANDER, E. *et al.* **Initial sequencing and analysis of the human genome.** *Nature*, 409(6822):860–921, 2001. <https://doi.org/10.1038/35057062>.
- MOELLING, K.; BROECKER, F. **Viruses and Evolution – Viruses First? A Personal Perspective.** *Front. Microbiol.*, 19, 2019. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.00523>
- NASIR, A.; KIM, K.M.; CAETANO-ANOLLÉS, G. **Viral evolution: Primordial cellular origins and late adaptation to parasitism.** *Mob Genet Elements*, 2(5):247–52, 2012.
<http://dx.doi.org/10.4161/mge.22797>.
- PEARSON, H. **The virophage as a unique parasite of the giant mimivirus.** *Nature*, 455(7209):100–4, 2008.
- PROSDOCIMI, F. **A teoria do gene egoísta.** *ClickCiência*, 15, 2009. Disponível em: http://www.clickciencia.ufscar.br/portal/edicao15/resenha1_detalhe.php. Acesso em: 10 maio 2020.
- RAOULT, D.; FORTERRE, P. **Redefining viruses: lessons from Mimivirus.** *Nat Rev Microbiol.*, 6(4):315–9, 2008. <https://doi.org/10.1038/nrmicro1858>.
- RAOULT, D.; SCOLA, B.L.; BIRTLES, R. **The Discovery and Characterization of Mimivirus, the Largest Known Virus and Putative Pneumonia Agent.** *Clin Infect Dis.*, 45(1):95–102, 2007. <https://doi.org/10.1086/518608>.
- RICHTER, V. **What came first, cells or viruses?** *COSMOS- Sci everything*, 2015. Disponível em: <https://cosmosmagazine.com/biology/what-came-first-cells-or-viruses>. Acesso em: 01 jun. 2020.
- RIDLEY, M. **In retrospect: The Selfish Gene.** *Nature*, 529:462–463, 2016.
<https://doi.org/10.1038/529462a>.

VILLARREAL, L.P. **Are Viruses Alive?** Sci Am., 2008. Disponível em: <https://www.scientificamerican.com/article/are-viruses-alive-2004/>. Acesso em: 10 jun. 2020.
WEISS, M.C. *et al.* **The physiology and habitat of the last universal common ancestor.** Nat Microbiol., 1 (9), 2016. <https://doi.org/10.1038/nmicrobiol.2016.116>.

WESSNER, D.R. **The Origins of Viruses.** Nat Educ., 3(9):37, 2010. Disponível em: <https://www.nature.com/scitable/topicpage/the-origins-of-viruses-14398218/>. Acesso em: 10 jun. 2020.

ZANINI, F. *et al.* **Population genomics of inpatient HIV-1 evolution.** Genet Genom Microbiol Infect Dis., 2015. <https://doi.org/10.7554/eLife.11282.001>.

ZIMMER C. **Welcome to the Virosphere.** The New York Times- Science, 2020. Disponível em: <https://www.nytimes.com/2020/03/24/science/viruses-coronavirus-biology.html>. Acesso em: 4 abr. 2020.

Agradecimentos

À Mariana Torres e à Laís Oya Silva pela leitura e comentários do texto. Aos profissionais de saúde por sua compaixão e dedicação durante a pandemia da COVID-19.