

PESQUISAS SOBRE EVOLUÇÃO HUMANA NO BRASIL

Francisco M. Salzano

A recepção do darwinismo no Brasil é a primeira questão abordada nesse artigo. Posteriormente, são examinadas as pesquisas sobre evolução humana em nosso país. Considerando uma perspectiva histórica, distinguem-se quatro períodos fundamentais: o que abrange investigações mais antigas (1835-1933), iniciado com a descoberta do material fóssil de Lagoa Santa e envolvendo basicamente características dos nossos diferentes grupos étnicos; segue-se um período de formação (1934-1955), com ênfase em métodos imunohematológicos (grupos sanguíneos) e análise de parâmetros demográficos para a definição da estrutura populacional brasileira; na sequência, surgem os estudos (1956-1997) centrados na variabilidade genética intra e interpopulacional, a partir da técnica de eletroforese de proteínas; e, finalmente, consolida-se a fase moderna (a partir de 1998), baseada em métodos de análise direta do DNA e morfologia comparada. Uma revisão crítica das duas últimas décadas, com ênfase em contribuições recentes, permite concluir que o nível das pesquisas avaliadas coloca o Brasil em situação privilegiada no panorama internacional.

¹ SALZANO, F. M. Estudo sobre a evolução biológica no Brasil. In: FERRI, M. G. & MOTOYAMA, S. (Orgs.). *História das ciências no Brasil*. São Paulo: EDUSP e E.P.U., 1979. p. 241-264.

SALZANO, F. M. *History of human biology in Brazil*. Newcastle Upon Tyne: International Association of Human Biologists, 1990.

SALZANO, F. M. Brazil. In: SPENCER, F. (Ed.). *History of physical anthropology*. New York: Garland, 1997. p. 207-213.

SALZANO, F. M. Biological anthropology in Brazil. The last two decades. *International Journal of Anthropology*, vol. 28, p. 135-148, 2013.

² DARWIN, C. *The origin of species*. London: Murray, 1859.

³ DOMINGUES, H. M. B. et al. *A recepção do darwinismo no Brasil*. Rio de Janeiro: Editora FIOCRUZ, 2003.

O tema considerado no presente artigo já foi objeto de revisões minhas ao longo dos anos¹, dentro de uma visão mais ampla (evolução em geral; antropologia biológica ou biologia humana). Proponho-me, agora, a fazer uma breve avaliação em um contexto histórico, salientando posteriormente alguns estudos principais das últimas duas décadas.

A recepção do darwinismo no Brasil

Obviamente, qualquer análise sobre a evolução biológica, seja de nossa espécie ou de qualquer outro organismo, desenvolvida no Brasil ou fora, tem de considerar de que maneira a obra seminal de Charles Darwin (1809-1882), *A origem das espécies*² teve reflexos sobre as respectivas comunidades científicas. E note-se que, apesar dela ter sido publicada há mais de século e meio atrás, os seus princípios básicos continuam perfeitamente atuais.

Este assunto foi, de maneira excelente, examinado por Heloisa M. B. Domingues e colaboradores³, que recrutaram outros colegas para a devida avaliação. Eles inicialmente distinguiram uma recepção passiva (indivíduos ou grupos limitando-se a comentar ou disseminar a nova ideia) da ativa (com a incorporação da ideia à sua própria pesquisa ou modo de vida); e salientaram alguns aspectos peculiares à situação no Brasil. Primeiramente, a presença na época, no país, de dois cientistas paradigmáticos: Peter W. Lund (1801-1880, detalhes na próxima seção) e Fritz Müller (1822-1897). Este último, nascido em Erfurt, Alemanha, migrou para o Brasil, por motivos políticos, em 1852, tendo vivido em Santa Catarina até a sua morte. De maneira impressionante, apesar de não estar vinculado formalmente a qualquer instituição científica, publicou nada menos do que 248 artigos científicos. Ele decidiu aplicar a teoria darwinista a uma classe de animais que ele conhecia bem, os crustáceos, e escreveu um livro “Für Darwin”, publicado em Leipzig em 1864 e traduzido na Inglaterra, França, Suíça e Brasil. O livro contribuiu de maneira significativa para a aceitação do darwinismo em nível internacional.

Outros aspectos que favoreceram a recepção: (a) D. Pedro II (1825-1891) era membro da Academia de Ciências de Paris, e não rejeitava totalmente a teoria da evolução; (b) a teoria era conveniente para os seguidores da visão poligenista da formação de raças, que poderia ser utilizada para legitimar a supremacia da raça branca; e (c) diretores do Museu Nacional, Museu do Pará (posteriormente denominado Emílio Goeldi), Museu Paulista e Faculdades de Medicina da Bahia e Recife eram favoráveis à evolução.

Dois dos diretores do Museu Nacional merecem referência especial: Ladislau Netto (1838-1894), que aplicou princípios evolucionários à sua pesquisa em plantas trepadoras; e João Baptista de Lacerda (1846-1915), considerado o primeiro antropólogo brasileiro, que também tinha ideias corretas sobre o assunto.

Em termos de conexão entre a filosofia e o darwinismo, deve-se mencionar um grupo de positivistas da Ilha do Desterro (agora Florianópolis). Ele era formado por escritores e poetas, e seu líder intelectual era o médico Francisco Gama Rosa (1852-1918), que foi eleito governador da Província de Santa Catarina em 1883. Nascido no Rio Grande do Sul, teve ele Fritz Müller como professor no Liceu Provincial. Gama Rosa foi provavelmente influenciado por Müller, e se correspondeu com Ernst Haeckel (1834-1919) e Herbert Spencer (1820-1903). O grupo era denominado “Nova Ideia”, e era favorável ao realismo e naturalismo dentro de uma perspectiva de biologia evolucionária e de ciência social. Neste contexto, eles eram tão radicais a ponto de rejeitar Augusto Comte (1798-1857) como um romântico!

Panorama histórico

A história das pesquisas sobre evolução humana no Brasil pode ser, convenientemente, classificada em quatro períodos: 1. Investigações Mais Antigas (1835-1933); 2. Os Anos Formadores (1934-1955); 3. Consolidação (1956-1997); e 4. Fase Moderna (1998-atual). Características sobre as mesmas são apresentadas no quadro 1. Essa subdivisão, em grande parte, relaciona-se às técnicas de estudo empregadas. Durante o Primeiro Período os métodos utilizados foram basicamente morfológicos; no Segundo, predominaram as técnicas de imuno-hematologia e demográficas; no Terceiro, a eletroforese de proteínas; e no Quarto o estudo direto do DNA.

O passado dessas investigações é considerável; entre o início da investigação de fósseis de Lagoa Santa, desenvolvida por Peter W. Lund, e a atualidade, decorreram 178 anos. Os estudos nesse sítio foram reiniciados e desenvolvidos de maneira vigorosa por Walter A. Neves & Luís Beethoven Piló, já na Fase Moderna⁴. Outras investigações do Primeiro Período envolveram, basicamente, descrições da distribuição de características antropométricas, tanto em ameríndios quanto neobrasileiros, e envolvendo amostras de pessoas vivas ou extintas.

⁴ Ver, por exemplo, NEVES, W. A. & PILÓ, L. B. *O povo de Luzia*. São Paulo: Editora Globo, 2008.

Os estudos sobre a distribuição populacional de marcadores genéticos dos grupos sanguíneos marcaram o Segundo Período e foram desenvolvidas especialmente no Rio de Janeiro e São Paulo. Paralelamente surgiu o interesse em verificar de que maneira a estrutura demográfica de nossas populações poderia afetar a distribuição de características genéticas normais ou patológicas. Os dados envolveram principalmente a frequência de casamentos consanguíneos, a proporção de uniões que ocorrem dentro ou entre localidades e o tipo de união (intra ou interétnica). Foram aplicadas análises estatísticas sofisticadas para avaliar de que maneira essa distribuição afetava a nossa carga genética (os genes deletérios que todos nós carregamos, sem manifestação a não ser quando seus alelos, formas alternativas de um gene, ocorrem em dose dupla). Duas figuras excepcionais que merecem menção especial foram Newton Freire-Maia (1918-2002), que trabalhava em Curitiba; e Oswaldo Frota-Pessoa (1917-2010), com estudos desenvolvidos em São Paulo.

A próxima mudança paradigmática nos métodos de estudo ocorreu no início do Terceiro Período, com o desenvolvimento das técnicas de eletroforese (após o preparo apropriado das amostras de sangue ou saliva o material era submetido a um campo elétrico para a separação das proteínas, em um suporte adequado, a partir das cargas de suas moléculas).

A nova técnica possibilitava uma aproximação maior ao produto primário da ação gênica, além de associar substâncias específicas a funções determinadas. Centenas de sistemas foram desenvolvidos e considerados em grande número de populações. Especialmente em Curitiba foram estabelecidas as condições para a testagem do HLA (Human *Leucocyte Antigens*, vinculado ao Complexo Maior de Histocompatibilidade Humano), extremamente polimórfico e útil para estudos de caráter evolucionário e médico.

O desenvolvimento da ciência no país possibilitou aumento expressivo no número de pesquisadores, favorecidos pelo regime de trabalho de dedicação exclusiva, pela institucionalização dos programas de pós-graduação, e pelo exemplar programa de apoio à iniciação científica do CNPq. Alguns dos personagens mais importantes de cinco centros de pesquisa do país estão listados no quadro 1.

Por volta de 1998 alcançou-se o nível ideal para a investigação do material genético: seu estudo direto. Outro desenvolvimento metodológico importante foi o do estabelecimento de métodos sofisticados de morfometria computadorizada. Nomes vinculados a seis grupos de pesquisa brasileiros também estão indicados no quadro 1.

Quadro 1: Panorama histórico sobre as pesquisas em evolução humana no Brasil

1. Primeiro Período: Investigações Mais Antigas (1835-1933)

A descoberta e estudo dos fósseis de Lagoa Santa por Peter W. Lund (1801-1880), entre 1835 e 1844, forneceu os primeiros eventos importantes nesse período. Lund explorou 800 cavernas da região, tendo observado restos esqueléticos humanos em íntima associação com material fóssil de mamíferos. A morfologia peculiar dos indivíduos de Lagoa Santa indicou que eles provavelmente deveriam ter vivido em época anterior à dos ameríndios mais recentes. Estudos morfológicos conduzidos na Bahia por R. Nina Rodrigues, no Rio de Janeiro por J. B. Lacerda e E. Roquette Pinto, e São Paulo por H. von Ihering, iniciaram pesquisas sobre a caracterização dos grupos étnicos existentes no país.

2. Segundo Período: Os Anos Formadores (1934-1955)

O ano de 1934 é marco fundamental na ciência brasileira pela fundação da Universidade de São Paulo, desde o início comprometida com a formação, e não apenas a transmissão, do conhecimento. Na época indicada os grupos sanguíneos e o traço ciclêmico começaram a ser utilizados na investigação da variabilidade genética populacional. Inicia-se também a busca de interpretação dessa variabilidade através de parâmetros demográficos. Alguns dos personagens-chaves do período foram, no Rio de Janeiro, E. M. da Silva e P. C. Junqueira; São Paulo, C. S. Lacaz, F. Ottenssooser e O. Frota-Pessoa; e em Curitiba N. e A. Freire-Maia.

3. Terceiro Período: Consolidação (1956-1997)

O desenvolvimento da técnica de eletroforese de proteínas forneceu uma poderosa ferramenta para o estudo da variabilidade intra e interpopulacional, possibilitando interpretações em um contexto microevolucionário. Estudos morfológicos paralelos em restos pré-históricos forneceram visões dessa variabilidade no passado. Com o incremento dos grupos de pesquisa o número de pessoas importantes, naturalmente, também aumenta, criando-se o risco de não se mencionar algum personagem significativo; em todo o caso, aí vai uma lista selecionada, ordenada alfabeticamente por sobrenome: (a) Belém: M. Ayres, J. F. Guerreiro, L. Montenegro, S. E. B. Santos, H. Schneider; (b) Salvador: E. S. Azevêdo; (c) Rio de Janeiro: M. C. Mello e Alvim, M. Palatnik; (d) São Paulo/Ribeirão Preto: O. Frota-Pessoa, H. Krieger, M. A. Mestriner, W. A. Neves, P. H. Saldanha, M. A. Pereira da Silva, A. L. Simões, M. A. Zago; (e) Curitiba: E. A. Chautard-Freire-Maia, N. Freire-Maia, M. L. Petzl-Erler; e (f) Porto Alegre: S. M. Callegari-Jacques, M. H. L. P. Franco, M. H. Hutz, F. J. da Rocha, T. A. Weimer.

4. Quarto Período: Fase Moderna (1998-Atual)

O desenvolvimento de métodos para o estudo direto do DNA abriu novos horizontes para as investigações microevolucionárias; na área morfológica a morfometria computadorizada também forneceu uma ferramenta poderosa para a análise e interpretação dos dados. Novamente, uma lista selecionada de nomes seria a seguinte: (a) Belém: J. F. Guerreiro, A. K. C. Ribeiro-dos-Santos, S. E. B. Santos; (b) Brasília: S. F. Oliveira; (c) Belo Horizonte: S. D. J. Pena, E. Tarazona-Santos, F. R. Santos; (d) Ribeirão Preto: A. L. Simões; (e) Curitiba: M. L. Petzl-Erler; e (f) Porto Alegre: M. C. Bortolini, S. M. Callegari-Jacques, T. Hünemeier, M. H. Hutz, V. R. Paixão-Côrtes, F. M. Salzano.

Fonte: Salzano¹

As últimas duas décadas: paleoantropologia e o povoamento pré-histórico das Américas

Como indicado previamente, Walter A. Neves e colaboradores têm desenvolvido um projeto muito abrangente e aprofundado na Região de Lagoa Santa. Um acontecimento que teve consequências importantes e que resultou em muita divulgação internacional foi a descoberta, pelo referido pesquisador, de um crânio coletado por Annette Laming-Emperaire (1917-1977), arqueóloga francesa falecida precocemente, esquecido em uma gaveta do Museu Nacional. Foi verificado que as medidas do crânio afastavam-se às usualmente atribuídas aos antepassados dos ameríndios, e a sua reconstituição facial, realizada por Richard Neave, na época trabalhando na Universidade de Manchester, Inglaterra, confirmou a diferença. O espécime foi batizado por Neves com o nome de Luzia. Em um livro publicado por Neves & Piló⁵, há uma reconstrução sobre como viviam Luzia e seu povo, como indicado a seguir.

A referida população viveu no final do Pleistoceno e início do Holoceno, entre 12 e 10 mil anos atrás, tendo deixado descendentes que permaneceram em Lagoa Santa até 7,5 mil anos antes do presente (AP). Eram eles caçadores coletores que consumiam, em grande quantidade, vegetais ricos em carboidratos. Viviam em pequenos grupos de cerca de 25 pessoas, e jamais caçaram grandes animais, com os quais conviveram por volta de 2 mil anos.

Os estudos craniométricos realizados no material de Lagoa Santa levaram à formulação do chamado Modelo dos Dois Componentes Biológicos Principais (sigla em inglês: TMBCM) para a explicação da colonização pré-histórica das Américas. Proposto inicialmente por Neves & Pucciarelli em 1989⁶, ele basicamente postula a existência de dois padrões morfológicos entre os migrantes: os iniciais (Paleo-americanos), que teriam neurocrânios estreitos e longos, seriam prognáticos, com faces baixas, narizes e órbitas relativamente baixos e largos; enquanto os posteriores teriam neurocrânios curtos e largos, faces altas, largas e ortognáticas, e órbitas e narizes relativamente altos e estreitos.

Essa questão do povoamento pré-histórico das Américas vem sendo considerada há muito tempo, levando em consideração não apenas dados paleoantropológicos, como outros de natureza geológica, arqueológica, linguística e genética ou genômica. Eu realizei duas revisões, em 2007⁷

⁵ Ver, por exemplo, NEVES, W. A. & PILÓ, L. B. *Op. cit.*

⁶ NEVES, W. A. & PUCCIARELLI, H. M. Extra-continental biological relationships of early South American human remains: a multivariate analysis. *Ciência e Cultura*, vol. 41, p. 566-575, 1989.

⁷ SALZANO, F. M. The prehistoric colonization of the Americas. In: CRAWFORD, M. H. (Ed.). *Anthropological Genetics. Theory, methods and applications*. Cambridge: Cambridge University Press, 2007. p. 433-455.

⁸ SALZANO, F. M. The pre-historic colonization of the Americas: evidence and models. *Evolution and Education Outreach*, vol. 4, p. 199-204, 2011.

⁹ RAFF, J. A. & BOLNICK, D. A. Genetic roots of the first Americans. *Nature*, vol. 506, p. 162-163, 2014.

¹⁰ REICH, D. *et al.* Reconstructing Native American population history. *Nature*, vol. 488, p. 370-374, 2012.

¹¹ GREENBERG, J. H. *et al.* The settlement of the Americas: a comparison of the linguistic, dental, and genetic evidence. *Current Anthropology*, vol. 27, p. 477-497, 1986.

¹² HUBBE, M. *et al.* Paleo-american morphology in the context of European and East Asian Late Pleistocene variation: implications for human dispersion into the New World. *American Journal of Physical Anthropology*, vol. 144, p. 442-453, 2011.

¹³ DE AZEVEDO, S. *et al.* Evaluating microevolutionary models for the early settlement of the New World: the importance of recurrent gene flow with Asia. *American Journal of Physical Anthropology*, vol. 146, p. 539-552, 2011.

¹⁴ GONZÁLEZ-JOSÉ, R. *et al.* The peopling of America: craniofacial shape variation on a continental scale and its interpretation from an interdisciplinary view. *American Journal of Physical Anthropology*, vol. 137, p. 175-187, 2008.

¹⁵ RIBEIRO-DOS-SANTOS, A. M. *et al.* High-throughput sequencing of a South American Amerindian. *PLoS One*, vol. 8, e83340, 2013.

e 2011⁸ a respeito, salientando que três questões básicas teriam de ser resolvidas: (a) qual seria a origem desses povos?; (b) como nunca foram encontrados fósseis muito antigos nas Américas, quantas ondas migratórias de colonização teriam ocorrido?; e (c) quando teriam chegado esses migrantes?

Não há espaço, aqui, para o exame de todas essas evidências. Uma avaliação sintética foi realizada recentemente⁹, a qual procurou interpretar os dados obtidos através do sequenciamento completo do genoma de um jovem masculino, cujo material ósseo havia sido encontrado em associação com a cultura Clovis e datado de 12.556 anos atrás. Basicamente, populações originárias da Sibéria teriam migrado para a Beringia (porção de terra muito mais extensa do que o presente Estreito de Bering, devido ao nível mais baixo do oceano que existiria na época) há cerca de 32 mil anos atrás, lá permanecendo e desenvolvendo características próprias. Por volta de 17 mil anos AP, o degelo ao longo da costa do Pacífico teria possibilitado uma rota de colonização para o sul que alcançaria o que hoje é o Chile (sítio de Monte Verde) há 14,6 mil anos AP. É possível que também tenha havido uma rota de expansão através do interior, por um corredor livre de gelo que foi aberto há 4 mil anos AP.

As evidências atuais, que incluíram uma participação de nosso grupo de pesquisa em um consórcio internacional que estudou 52 populações de ameríndios e 17 grupos siberianos para 364.470 polimorfismos de base simples (alelos que diferem entre si por apenas uma base nucleotídica no DNA)¹⁰, indicam que essas migrações envolveram, principalmente, um grande e único conjunto de pessoas, com duas outras ondas, mais recentes, colonizando o norte da América do Norte, como postulado há 27 anos atrás¹¹.

Como tudo isso se relaciona com o Modelo dos Dois Componentes Biológicos Principais? Dois artigos recentes utilizaram análises de modelamento bioinformático para analisá-lo. O primeiro¹² concluiu a favor, mas o segundo¹³ contra. A opinião de González-José & colaboradores¹⁴ é de que a variação craniométrica encontrada poderia ser bem explicada como derivando de extremos de uma única variação morfológica contínua. Por outro lado, o sequenciamento do genoma completo de um ameríndio¹⁵ indicou uma relação com populações do leste asiático e aborígenes australianos, como sugerido pelo referido modelo. A proposta, portanto, permanece em aberto.

As últimas duas décadas: história e etnicidade

A utilização de enfoques genéticos ou genômicos para esclarecer processos de ancestralia étnica e quantificar a contribuição dessas etnias à composição atual de uma população pode ser denominada de genética histórica. O nosso grupo de pesquisa tem explorado esse tema, com relação às populações brasileiras, por muitos anos (para informação sobre esses estudos iniciais veja-se Callegari-Jacques & colaboradores¹⁶).

Os estudos mais recentes incluem: (a) o uso do DNA mitocondrial (mtDNA, localizado no citoplasma das células e herdado somente através do óvulo materno) e dos marcadores do cromossomo Y (presentes apenas nos homens) para identificar as origens de afro-derivados residentes no Rio de Janeiro e Porto Alegre¹⁷; (b) uma caracterização dos gaúchos da Região do Pampa do Rio Grande do Sul, salientando sua continuidade genética e cultural¹⁸; e (c) a busca de assinaturas genéticas (marcadores étnicos específicos) em amostras de afro-derivados e euro-derivados de Porto Alegre¹⁹.

Sérgio D. J. Pena e colaboradores também têm se interessado pela composição da população brasileira por muitos anos. Duas contribuições recentes desse grupo podem ser sumariadas como segue: (a) um enfoque interdisciplinar sobre a interface entre a informação sobre a biologia/genética e percepções sobre cor ou raça em escolares de 15 a 19 anos da Região Metropolitana do Rio de Janeiro²⁰; e (b) usando uma bateria de 40 polimorfismos de inserção/deleção (variantes comuns que, como o nome indica, constituem-se em adições ou perdas de pequenos segmentos de DNA) que já tinham demonstrado sua utilidade como informativos de ancestralia, eles estudaram 934 pessoas autclasificadas como brancos, mulatos e negros de quatro das regiões sociogeográficas mais populosas do Brasil. Para evitar diferenças regionais subjetivas na percepção da cor, eles avaliaram as proporções de ancestralia étnica independentemente da cor da pele, e multiplicaram as proporções em uma dada categoria de cor utilizada nos recenseamentos oficiais. O resultado foi um nível de homogeneidade maior do que o esperado, a contribuição europeia variando de 61% no Nordeste a 78% no Sul²¹.

Outra equipe de pesquisadores, coordenada por Sidney E. B. Santos e Ândrea K. C. Ribeiro-dos-Santos, focalizou predominantemente a Região Amazônica. Eles desenvolveram uma bateria de 48 polimorfismos de inserção/de-

¹⁶ CALLEGARI-JACQUES, S. M. *et al.* Historical genetics: spatiotemporal analysis of the formation of the Brazilian population. *American Journal of Human Biology*, vol. 15, p. 824-834, 2003.

¹⁷ HÜNEMEIER, T. *et al.* Niger-Congo speaking populations and the formation of the Brazilian gene pool: mtDNA and Y-chromosome data. *American Journal of Physical Anthropology*, vol. 133, p. 854-867, 2007.

¹⁸ MARRERO, A. R. *et al.* Pre- and post- Columbian gene and cultural continuity: the case of the *Gaucho* from southern Brazil. *Human Heredity*, vol. 64, p. 160-171, 2007.

¹⁹ GUERREIRO-JUNIOR, V. *et al.* Genetic signature of parental contribution in black and white populations in Brazil. *Genetics and Molecular Biology*, vol. 32, p. 1-11, 2009.

²⁰ SANTOS, R. V. *et al.* Color, race, and genomic ancestry in Brazil. *Current Anthropology*, vol. 50, p. 787-819, 2009.

²¹ PENA, S. D. J. *et al.* The genomic ancestry of individuals from different geographical regions of Brazil is more uniform than expected. *PLoS One*, vol. 6, e17063, 2011.

²² PENA, S. D. J. *et al.* *Op. cit.*

²³ SANTOS, N. P. C. *et al.* Assessing individual interethnic admixture and population substructure using a 48-insertion-deletion (INSEL) ancestry-informative marker (AIM) panel. *Human Mutation*, vol. 31, p. 184-190, 2010.

²⁴ PALHA, T. J. B. F. *et al.* Male ancestry structure and ethnic admixture in African-descent communities from the Amazon as revealed by Y-chromosome STRs. *American Journal of Physical Anthropology*, vol. 144, p. 471-478, 2011.

²⁵ RIBEIRO-RODRIGUES, E. M. *et al.* Assessing interethnic admixture using an X-linked insertion-deletion multiplex. *American Journal of Human Biology*, vol. 21, p. 707-709, 2009.

²⁶ AMORIM, C. E. G. *et al.* Migration in Afro-Brazilian rural communities: crossing demographic and genetic data. *Human Biology*, vol. 83, p. 509-521, 2011.

²⁷ SALZANO, F. M. Somos únicos? Biologia, cultura e humanidade. *Scientific American Brasil*, vol. 6, nº. 71, p. 65-71, 2008.

²⁸ SALZANO, F. M. *Genômica e evolução. Moléculas, organismos e sociedade.* São Paulo: Oficina de Textos, 2012.

leção, diferente da utilizada por Pena & colaboradores²², que aplicaram para avaliar a constituição étnica de sete populações amazônicas²³. Para efeito de comparação, foram testados marcadores do cromossomo Y em basicamente o mesmo conjunto de indivíduos.²⁴ Esses marcadores mostraram-se muito menos variáveis e forneceram percentagens de ancestralidade diferentes, quando comparados com os resultados já obtidos para o DNA mitocondrial. Outro conjunto de polimorfismos de inserção/deleção, específico para genes ligados ao cromossomo X, foi também desenvolvido e testado em africanos, europeus, ameríndios, e na população mista de Belém.²⁵

Um grupo sediado em Brasília, coordenado por Silviene F. Oliveira, está particularmente interessado nos quilombos, comunidades rurais semi-isoladas de afrodescendentes. Uma de suas contribuições recentes é a de Amorim e colaboradores²⁶.

As últimas duas décadas: coevolução biologia-cultura em ameríndios

Os ameríndios vêm sendo amplamente estudados pelo grupo de Porto Alegre, há nada menos do que 56 anos, e um aspecto importante dessas investigações é a possibilidade de avaliar, entre eles, o complexo problema da coevolução gene-cultura.

A cultura é um atributo essencialmente humano. Embora existam rudimentos de cultura em outras espécies, eles não se comparam com a complexidade do processo existente no *Homo sapiens*. As características culturais surgiram já no início do processo de especiação, e devem ter sido muito importantes na trajetória que conduziu ao que somos hoje. As similaridades e diferenças entre os fatores que condicionam a evolução biológica e cultural já foram por mim consideradas em 2008²⁷ e 2012²⁸. Ambos os processos estão vinculados à adaptação de indivíduos e populações ao seu meio ambiente, mas uma diferença marcante é que a evolução cultural desenvolve-se muito mais rapidamente do que a biológica. Uma das razões para isso é que enquanto a transmissão genética realiza-se basicamente de maneira vertical (genitor-prole), a cultural pode ser feita também de maneira horizontal (entre pessoas da mesma geração) ou oblíqua (professor-aluno). Além disso, os produtos e processos de elaboração cultural podem ser aperfeiçoados em qualquer época e a novidade transmitida rapidamente, enquanto os fatores genéticos só se modificam rara-

mente, através da mutação, e a transmissão da característica mutante pode ou não ocorrer, sem alterações, ao longo do tempo.

O fenômeno da coevolução ocorre quando, em duas entidades que estão interagindo, a variação em uma leva a uma resposta na outra. Eventualmente podem ocorrer reações em cadeia, através de mecanismos de retroalimentação. Já foram desenvolvidos modelos matemáticos da coevolução gene-cultura, que avaliam de maneira rigorosa e quantitativa este processo, e uma lista de nove deles é apresentada no quadro 2. Eles são de natureza muito variada, e sua avaliação detalhada está fora do escopo do presente estudo.

Considerando então os nossos estudos em ameríndios, o primeiro conceito geral a ser considerado é o do modelo populacional de fissão-fusão. Foi ele proposto por Neel & Salzano em 1967²⁹, tendo sido mais recentemente revisado³⁰. Esse tipo de estrutura populacional difere, em muitos aspectos, de outros modelos propostos para as populações humanas. É ele típico de grupos de caçadores-coletores; nas mesmas populações que parecem endogâmicas, elas podem se dividir devido a tensões sociais geradas por facções internas. Essas fissões ocorrem ao longo de linhas de parentesco, levando a um efeito migratório não-aleatório. O grupo que se separou pode reunir-se a outra aldeia, voltar àquele original depois de certo tempo, ou dar início a outra aldeia. Geralmente ocorrem uniões entre migrantes e não-migrantes.

²⁹ NEEL, J. V. & SALZANO, F. M. Further studies on the Xavante Indians. X. Some hypotheses-generalizations resulting from these studies. *American of Human Genetics*, vol. 19, p. 554-574, 1967.

³⁰ SALZANO, F. M. The fission-fusion concept. *Current Anthropology*, vol. 50, p. 959, 2009.

³¹ LALAND, K. N. *et al.* How culture shaped the human genome: bringing genetics and the human sciences together. *Nature Reviews Genetics*, vol. 11, p. 137-148, 2010.

Quadro 2: Modelos matemáticos de coevolução gene-cultura

1. Evolução da aprendizagem, da transmissão social e da cultura
2. Genes para a persistência da lactase na vida adulta e o uso do leite para a alimentação
3. Evolução da linguagem
4. Evolução da inteligência e da personalidade
5. Evolução da cooperação
6. Tabus de incesto
7. Comportamento sexual e crenças de paternidade
8. Controle da proporção sexual
9. Consequências evolucionárias da construção de nichos

Fonte: LALAND, K. N. *et al.*³¹.

Os eventos acima descritos têm diversas consequências: (a) a unidade de difusão é composta por indivíduos biologicamente relacionados; (b) como os grupos são nômades, as distâncias geográficas que os separam em um determinado momento podem não ser muito importantes; e (c) durante um período de várias gerações haverá trocas genéticas suficientes entre os grupos, de maneira que toda a tribo, e não a população local, deva ser considerada como a unidade reprodutiva.

³² RAMALLO, V. *et al.* Demographic expansions in South America: enlightening a complex scenario with genetic and linguistic data. *American Journal of Physical Anthropology*, vol. 150, p. 453-463, 2013.

Ramallo & colaboradores³², usando dados de sequenciamento completo da região controladora do mtDNA de amostras de nove populações e sequências adicionais da mesma disponíveis na literatura, em um total de 1.176 determinações, associaram a variabilidade encontrada com processos demográficos. Foram consideradas as migrações de indivíduos cuja língua tinha sido classificada como Tupi ou Jê, e embora os dois grupos mostrassem traços gerais de processos de fissão-fusão populacional antigos ou mais recentes, eles indicaram padrões diversos de expansão populacional. Enquanto as populações Tupi apresentavam um padrão clássico de isolamento pela distância, os grupos Jê manifestaram um modo de dispersão intrincado e não-linear. A memória coletiva dessas comunidades com relação a eventos de fissão anteriores e outros processos culturais (por exemplo, tipos diferentes de classificações de parentesco) sem dúvida devem ter sido fatores condicionantes importantes para essas diferenças.

A persistência da enzima lactase na vida adulta é um dos exemplos paradigmáticos de coevolução gene-cultura (conferir o quadro 2). A maioria dos indivíduos adultos de nossa espécie possui genes que diminuem ou suprimem a lactase intestinal após o desmame. Essa enzima é necessária para a digestão da lactose, o principal glicídio presente no leite, e sem sua presença a ingestão de leite leva a náuseas e cólicas intestinais.

Alterações genéticas na região controladora do gene *LCT* (lactase persistence) ocorreram em populações europeias, e sua frequência aumentou de maneira altamente correlacionada com o consumo de leite derivado da domesticação da vaca. O gene em si também é bastante polimórfico. Até pouco tempo não havia informação sobre os alelos que estariam presentes neste gene em ameríndios, e muito pouca informação fisiológica sobre a persistência da lactase em adultos dessas populações.

³³ FRIEDRICH, D. C. *et al.* Stability or variation? Patterns of lactase gene and its enhancer region distributions in Brazilian Amerindians. *American Journal of Physical Anthropology*, vol. 147, p. 427-432, 2012.

Friedrich & colaboradores³³ se propuseram a preencher esta lacuna. Os resultados mostraram que apenas o

alelo -13910^*T , responsável pela persistência da lactase na vida adulta em europeus, estava presente em quatro populações de ameríndios (Guarani-Kaiowá, Guarani-Nhandeva, Kaingang e Xavante), e sua presença deve ser explicada por uniões com não-indígenas; nenhuma nova mutação foi encontrada na região controladora. Em contraste, havia alto polimorfismo no gene em si. Portanto, diferentes fatores evolucionários podem agir mesmo em regiões genéticas próximas.

Desde os primeiros estudos de nossa equipe entre os Xavante, realizados há meio século, foi notada a sua morfologia característica, diferente da observada em outras populações de ameríndios. Essa diferença foi examinada em detalhe em época mais próxima.³⁴ Oito medidas cefalométricas obtidas entre eles e cinco outros povos (Kayapó, Kaingang, Baniwa, Ticuna e Yanomami) foram analisadas, em um total de 1.203 indivíduos. Este conjunto de informações foi então considerado levando em conta uma extensa série de características genéticas, climáticas, sociais, e de histórias de vida. Foi verificado que os Xavante haviam experimentado uma notável rapidez em sua evolução morfológica, muito acima do esperado para a época de sua separação do grupo irmão, os Kayapó, ocorrida há 1.500 anos atrás. Todos os testes mostraram que o fator mais significativo para explicar o fenômeno estava relacionado com práticas culturais (por exemplo, residência marital bilocal, alta endogamia, e organização doméstica pequena e extensa), bem como com a seleção sexual favorecendo homens mais bem localizados na hierarquia social e pertencentes a determinados clãs dominantes.

Conclusão

Houve boa aceitação, no Brasil, dos conceitos de evolução biológica desenvolvidos de maneira magistral por Charles Darwin. Em termos de evolução humana, as pesquisas desenvolvidas acompanharam as principais tendências mundiais, com mudanças paradigmáticas nos métodos de estudo. Nossas populações têm sido intensamente investigadas, fornecendo o retrato de um perfil, em termos biológicos, basicamente heterogêneo, em consonância com nossa variabilidade ecológica e socioeconômica. Espera-se que esses estudos continuem e se intensifiquem, para uma melhor compreensão de nossa identidade nacional.

³⁴ HÜNEMEIER, T. *et al.* Cultural diversification promotes rapid phenotypic evolution in Xavante Indians. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, vol. 109, p. 73-77, 2012.

Francisco M. Salzano é graduado em História Natural e doutor em Biologia Genética, com vasta carreira científica. É Professor Emérito do Departamento de Genética da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre.

francisco.salzano@ufrgs.br