

**FRANCISCO M.  
SALZANO:**  
Departamento de  
Genética do Instituto  
de Biociências da  
UFRGS.



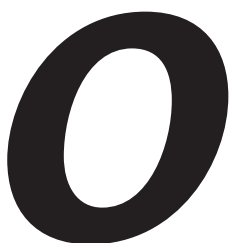
# SURGIAMENTO

**DO HOMEM NA AMÉRICA**

***As origens  
extracontinentais  
dos primeiros  
americanos:  
as evidências dos  
sistemas genéticos  
clássicos***

FRANCISCO M. SALZANO

## UMA QUESTÃO ANTIGA



O debate sobre a origem dos ameríndios continua vivo, após 400 anos de história. Talvez a primeira referência a eles deva ser feita a partir da Bula de Paulo III, de 9 de junho de 1537, que declarou que os índios eram seres humanos, capazes de receber a fé. Alguns anos após, o padre José de Acosta, jesuíta que havia residido por 18 anos no Peru, publicou em Sevilha, em 1590, uma obra famosa (*Historia Natural y Moral de las Indias*), na qual refuta a hipótese de que os ameríndios seriam descendentes diretos das dez tribos de Israel. Em 1629, já Pereira Solórzano (em *De Indiarum Jure Disputatione*, Madrid) sugeriria uma origem mongol para os nossos índios (1).

Ao longo de todo esse tempo, praticamente todas as hipóteses foram sugeridas com relação a essas origens. Atualmente, no entanto, a quase totalidade só tem interesse histórico. Tenho revisado periodicamente esse tema, do ponto de vista genético, nos últimos 34 anos (2). Na consideração desse enfoque é salutar, no entanto, que de início sejam consideradas as suas limitações.

### LIMITAÇÕES DO ENFOQUE GENÉTICO

Se existem marcadores genéticos que são específicos para um certo grupo étnico e são geograficamente restritos, a sua presença nas populações de que putativamente são derivados pode fornecer pistas sobre a sua origem. A ocorrência de mutações independentes, no entanto, é sempre uma possibilidade. Não basta, portanto, a presença simultânea, nos dois grupos, de um marcador. O ideal é que haja uma constelação específica de uma série de alelos (formas alternativas dos genes, as unidades da herança) presente nos dois conjuntos, de maneira que torne pouco prováveis hipóteses alternativas de desenvolvimento paralelo independente. Na

ausência de tais constelações é necessário recorrer-se a similaridades gerais. Similaridade genética, no entanto, não implica necessariamente em origem comum; e os valores observados em populações atuais podem não ser aqueles característicos de grupos do passado.

Com o desenvolvimento das técnicas de estudo direto do DNA (ácido desoxirribonucléico, o material genético) tornou-se possível a investigação de regiões genéticas que não sofrem recombinações, como as outras, ao longo do seu processo de transmissão pela via sexual. Estão elas presentes no DNA mitocondrial (mtDNA; a mitocôndria é uma organela citoplasmática) e no cromossomo Y (que determina o sexo masculino). Isso fornece evidentes vantagens na consideração de comparações entre eventuais populações ancestrais e suas derivadas. Há, também, a possibilidade de estudar-se o DNA de restos históricos ou pré-históricos (múmias, ossos), mas esse enfoque também tem as suas limitações, devido à degradação desse DNA e à possibilidade de contaminações.

### HIPÓTESES RECENTES

Apesar das limitações do enfoque genético, tem havido uma série de estudos sobre o assunto, desenvolvidos por geneticistas e/ou colegas. A *Tabela 1* resume as proposições mais recentes. Note-se que todas elas pressupõem a entrada através do estreito de Bering. A última tentativa de ressuscitar a rota do Pacífico, através de resultados obtidos com o mtDNA, não foi bem-sucedida (3). O número postulado de ondas migratórias distribuiu-se de um a quatro, havendo também variação quanto às estimativas da época em que elas alcançaram o continente. As bases para essas inferências também diferiram bastante. Elas incluíram marcadores genéticos clássicos, dois tipos diferentes de avaliação da variabilidade do DNA mitocondrial, traços morfológicos (cranianos e mais especificamente dentários) e lingüísticos. A entra-

1 Cf. L. Pericot y Garcia, *América Indígena*, Barcelona, Salvat, 1962.

2 F.M. Salzano, "DNA, Proteins and Human Diversity", in *Brazilian Journal of Genetics*, 18, 1995, pp. 645-50.

3 Cf. S. L. Bonatto, A. J. Redd, F. M. Salzano, M. Stoneking, "Lack of Ancient Polynesian-Amerindian Contact", in *American Journal of Human Genetics*, 59, 1996, pp. 253-6.

da nas Américas dos primeiros colonizadores situar-se-ia ao redor de 30.000 anos atrás; quando se postulam migrações múltiplas, a mais recente teria ocorrido há cerca de 4.000 anos.

## AS EVIDÊNCIAS DOS MARCADORES GENÉTICOS CLÁSSICOS

A análise mais completa, recente, envolvendo marcadores protéicos (classificados aqui como “clássicos” porque vêm sendo estudados há muito mais tempo do que os marcadores de DNA) é a de L. L. Cavalli-Sforza e colaboradores (4). Eles consideraram 115 grupos populacionais nas três Américas, que foram agrupados em 23 unidades lingüísticas, investigados com relação a 73 marcadores genéticos. As análises incluíram o cálculo de distâncias genéticas (valores que resumem, de maneira global, a variação em todos os marcadores) e a construção de árvores genealógicas a partir das mesmas. Além disso, foi utilizado o método de componentes principais para a avaliação das tendências mais importantes na variabilidade encontrada. Também foram realizadas análises filogenéticas envolvendo individualmente as tribos mais estudadas, bem como mapas considerando cada gene individualmente.

Qual foi a conclusão principal desses autores? Foi a de que os dados em geral apoiavam a hipótese das três ondas migratórias. Isso porque há uma separação clara entre os grupos árticos e os ameríndios, e o agrupamento ártico apresenta uma separação secundária entre na-denes e esquimós. No entanto, salientaram eles que os na-denes e esquimós poderiam ter-se separado na Beríngia, e não migrado independentemente para as Américas, o que se constitui no cenário proposto pelos adeptos da migração única (ver *Tabela 1*). Já no que se refere às datações, os valores obtidos por L. L. Cavalli-Sforza e colaboradores (31.000 anos para a primeira migração; 18.000 anos para a separação na-dene/esquimó) são bastante mais elevados do que os postulados por J. H.

Greenberg e colaboradores (os autores da hipótese das três migrações) e muito próximos dos obtidos por S. L. Bonatto e F. M. Salzano tomando como base estudos de DNA mitocondrial (*Tabela 1*).

Um problema relacionado com essa investigação é o de que ela não pode testar a hipótese de Walter A. Neves, Marta M. Lahr e colaboradores, sobre a ocorrência de uma onda migratória pré-mongolóide, anterior à chegada dos ameríndios. Isso porque eventuais marcadores não-mongolóides presentes nessas populações podem ser atribuídos à miscigenação racial, ocorrida em época mais ou menos recente. Enquanto não houver uma delimitação mais precisa desse possível estoque fundador, a hipótese não poderá ser submetida a testes genéticos formais de verificação.

## PROBLEMAS

A análise principal de L. L. Cavalli-Sforza e colaboradores envolveu o agrupamento das populações em categorias lingüísticas, para possibilitar maiores tamanhos amostrais e, portanto, evitar desvios casuais, não relacionados ao tema central sob exame. Os próprios autores, no entanto, salientaram que nas Américas a correlação entre distâncias genéticas e lingüísticas é baixa, e apontam como uma das causas para essa pouca associação a epidemia de extinções de línguas que ocorreu principalmente no último século.

A árvore filogenética obtida pelos autores acima indicados, considerando as tribos individualmente (45 tribos, 61-63 marcadores), não forneceu qualquer indicação de correlação com a geografia ou a lingüística. Na discussão desse achado foi sugerido que isso é devido: a) à extrema variabilidade interpopulacional existente nas Américas. O valor de  $F_{ST}$  obtido (0.07) é bem maior do que os observados em outras regiões (0.02-0.04); b) à alta mobilidade entre os grupos; c) ao ambiente ecológico em que esses grupos vivem, que é bastante heterogêneo, o que poderia condicionar localizações preferenciais, dificultando a ob-

4 L.L. Cavalli-Sforza, P. Menozzi, A. Piazza, *The History and Geography of Human Genes*, Princeton, Princeton University Press, 1994.

# SUGESTÕES RECENTES SOBRE O POVOAMENTO PRÉ-COLOMBIANO DAS AMÉRICAS (\*)

Nº de ondas migratórias	Grupos fundadores e outros detalhes	Base de referência	Autores
1	<i>Migração única para a Beríngia há 30.000 anos. Passagem, através do corredor de Alberta, dos ameríndios. O colapso do corredor, entre 14.000-20.000 anos atrás, isolou este grupo dos outros. Diferenciação dos na-denes, esquimós e chukchis na Beríngia.</i>	<i>Seqüências de mtDNA</i>	1, 2
3	<i>Três migrações distintas da Sibéria, respectivamente de ameríndios, na-denes e esquimós (cronologia: 11.000, 9.000 e 4.000 anos atrás).</i>	<i>Lingüística Dentária Genética Clássica</i>	3
4	<i>Não-na-denes do sul, não-na-denes do norte, na-denes, esquimós (cronologia: 20.000, 10.000, 8.000 anos atrás).</i>	<i>Alótipos de imunoglobulinas</i>	4
4	<i>Paleoíndios com haplogrupos A, C e D, paleoíndios com o haplogrupo B, na-denes e esquimós (cronologia: 30.000, 13.500, 8.000 anos atrás; nenhum cálculo para os esquimós).</i>	<i>Halogrupos mtDNA</i>	5
4	<i>Cada migração é representada por um haplogrupo de mtDNA diferente. O início da diferenciação teria ocorrido há 14.000-20.000 anos.</i>	<i>Seqüências de mtDNA</i>	6
4	<i>Haveria uma onda migratória pré-mongolóide anterior à chegada dos ameríndios, seguida pela destes, dos na-denes e dos esquimós.</i>	<i>Morfologia craniana</i>	7 - 9

**TABELA 1**

\* Todas as sugestões pressupõem a entrada através do estreito de Bering.

---

## Esclarecimentos

O DNA da mitocôndria, organela que ocorre no citoplasma, pode ser estudado através do seqüenciamento (estudo detalhado de cada uma de suas unidades constituintes, em uma ou mais regiões determinadas) ou através da verificação apenas da presença ou não de determinados sítios, vulneráveis à ação de enzimas que cortam o DNA. O registro combinado da presença ou não, nesses sítios, de regiões vulneráveis leva a combinações que são denominadas de haplogrupos. As imunoglobulinas são substâncias de defesa do nosso organismo contra elementos estranhos. Combinações antigênicas específicas, interindividuais, recebem o nome de alótipos. Um antígeno é uma substância capaz de induzir a formação de um anticorpo.

## Autores

1) P. Foster, R. Harding, A. Torroni, H.-J. Bandelt. "Origin and Evolution of Native American mtDNA Variation: A Reappraisal", in *American Journal of Human Genetics*, 59, 1996, pp. 935-45; 2) S. L. Bonatto, F. M. Salzano. "A Single and Early Migration for the Peopling of the Americas Supported by Mitochondrial DNA Sequence Data", in *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 94, 1997, pp. 1.866-71; 3) J. H. Greenberg, C. G. Turner II, S. L. Zegura. "The Settlement of the Americas: a Comparison of the Linguistic, Dental, and Genetic Evidence", in *Current Anthropology*, 27, 1986, pp. 477-97; 4) M. S. Schanfield. "Immunoglobulin Allotypes (GM and KM) Indicate Multiple Founding Populations of Native Americans: Evidence of at Least Four Migrations to the New World", in *Human Biology*, 64, 1992, pp. 381-402; 5) D. C. Wallace. "Mitochondrial DNA Variation in Human Evolution, Degenerative Disease, and Aging", in *American Journal of Human Genetics*, 57, 1995, pp. 201-23; 6) S. Horai, R. Kondo, Y. Nakagawa-Hattori, S. Hayashi, S. Sonoda, K. Tajima. "Peopling of the Americas, Founded by Four Major Lineages of Mitochondrial DNA", in *Molecular Biology and Evolution*, 10, 1993, pp. 23-47; 7) D. Munford, M. C. Zanini, W. A. Neves. "Human Cranial Variation in South America: Implications for the Settlement of the New World", in *Brazilian Journal of Genetics*, 18, 1995, pp. 673-88; 8) M. M. Lahr. "Patterns of Modern Human Diversification: Implications for Amerindian Origins", in *Yearbook of Physical Anthropology*, 38, 1995, pp. 163-98; 9) W. A. Neves, D. Meyer, H. M. Pucciarelli. "Early Skeletal Remains and the Peopling of the Americas", in *Revista de Antropologia*, 39, 1996, pp. 121-39.

tenção de correlações lineares; e d) à estrutura populacional dessas comunidades, do tipo fissão-fusão, que também pode, em certos casos, maximizar a variação.

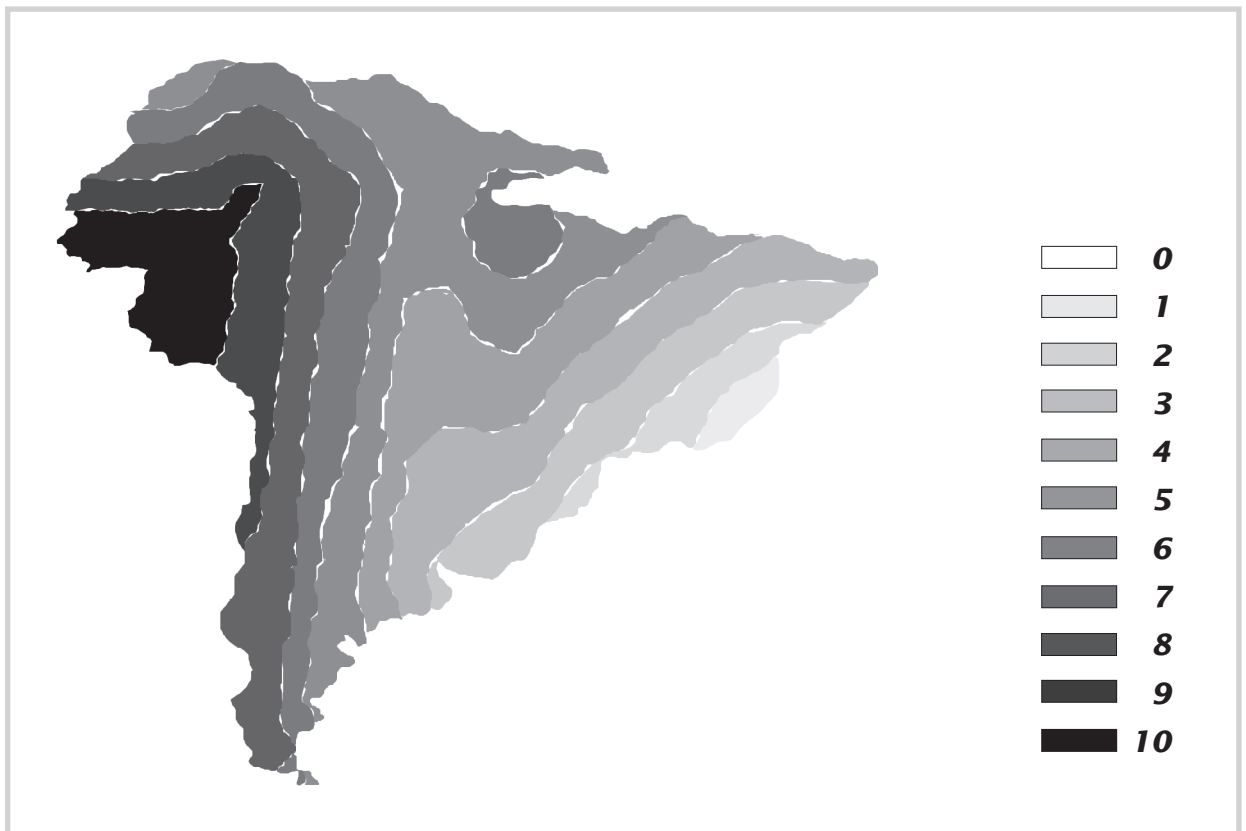
### AMERÍNDIOS: HOMOGENEIDADE OU HETEROGENEIDADE?

Os primeiros estudiosos dos ameríndios aceitavam como um fato evidente a unidade somática dos indígenas do Novo Mundo. Esse ponto de vista foi claramente exposto por Antonio de Ulloa em 1772, que afirmava: “Visto um índio de qualquer região, pode-se dizer que se viram a todos no que se refere

à cor e textura”. Atitude equivalente foi adotada por A. Hrdlicka, figura das mais importantes na antropologia física dos EUA, no início do século. Surgiu, então, a idéia do *American homotype* e, portanto, da homogeneidade deste segmento étnico.

Moses S. Schanfield, baseado em estudos de marcadores de imunoglobulina, indicou sua inconformidade com esse ponto de vista, e sugeriu em 1992 a separação dos ameríndios (“não-na-denes”) em duas categorias distintas (do norte e do sul), de acordo com a sua localização geográfica (*Tabela 1*). Um ano depois Sidia M. Callegari-Jacques, F. M. Salzano e colaboradores (5) publicaram uma extensa revisão em 60 grupos de esquimós e indígenas

5 S. M. Callegari-Jacques, F. M. Salzano, J. Constans, P. Maurières, “Gm Haplotype Distribution in Amerindians: Relationship with Geography and Language”, in *American Journal of Physical Anthropology*, 90, 1993, pp. 427-44.



#### FIGURA 1

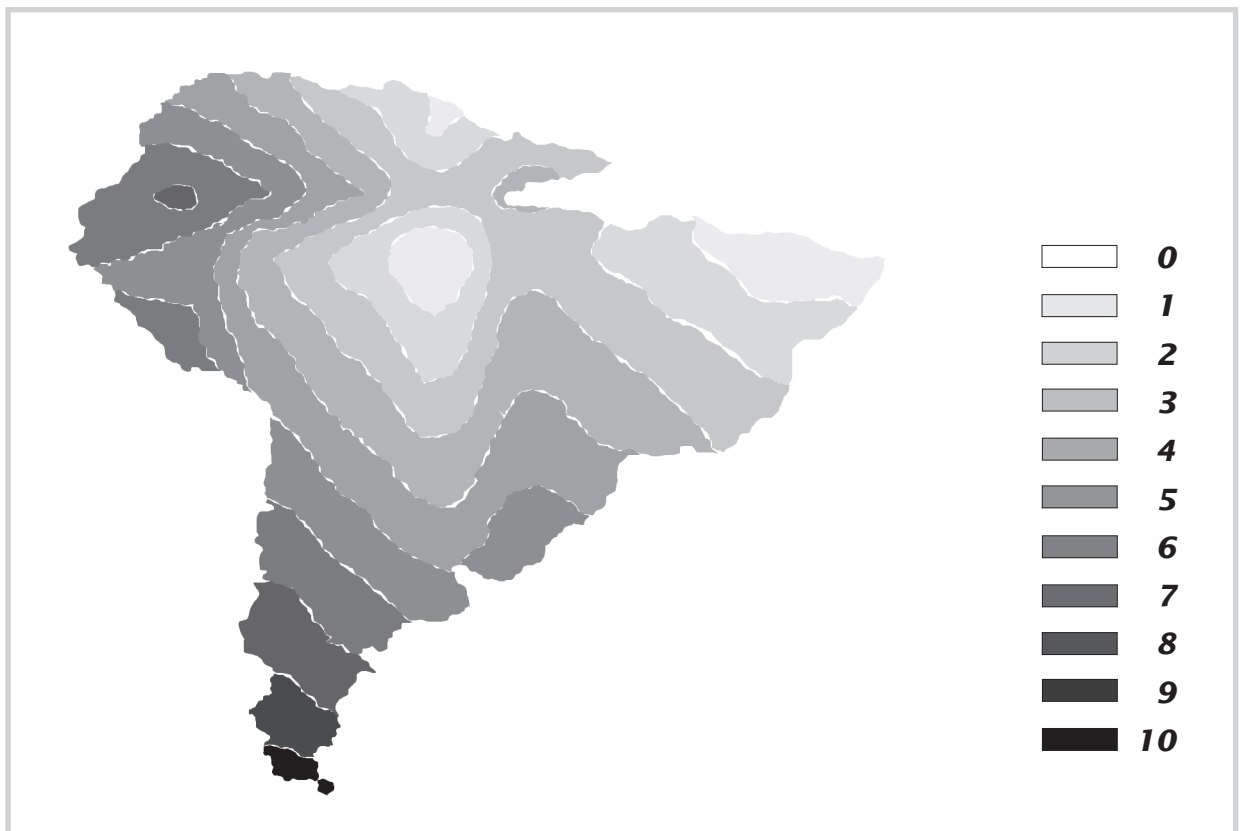
Mapa relativo à distribuição dos valores do primeiro componente principal, que resume a variação presente em três regiões genéticas do sistema HLA (variação explicada: 60%). Note-se o gradiente longitudinal, com valores que aumentam do Amazonas para a região da costa do Pacífico.

da América do Norte, centro e sul, em um total de 22.808 indivíduos, sobre a distribuição de um desses marcadores (Gm). Foram obtidos gradientes claros, no norte e no sul, através do método de análise de componentes principais e a utilização de técnicas de avaliação computadorizada, contrariando portanto a noção de homogeneidade.

Uma análise equivalente, baseada agora no sistema HLA (*Histocompatibility leucocyte antigens* ou antígenos leucocitários de histocompatibilidade) na América do Sul (3.796 ameríndios, habitando 39 lugares), foi realizada (6). Os resultados são reproduzidos nas *Figuras 1-3*. Cada uma delas representa a plotagem de valo-

res dos componentes principais 1, 2 e 3, respectivamente, em um mapa do continente. Juntos esses três componentes explicam 84% da variabilidade observada, que incluiu 36 alelos. A *Figura 1* revela um gradiente longitudinal (leste-oeste ou oeste-leste) muito regular e significativo entre o Amazonas e a região da costa do Pacífico. A *Figura 2*, um gradiente latitudinal (norte-sul ou sul-norte), com baixos valores nas Guianas e norte do Brasil e um aumento regular ao longo da costa do Pacífico. Já no que se refere à *Figura 3*, números baixos são encontrados ao norte da costa do Pacífico e aumentam para o sul. Análises de correlação indicaram que apenas a latitude e a longitude são fatores importan-

6 F. Rothhammer, C. Silva, S. M. Callegari-Jacques, E. Llop, F. M. Salzano, "Gradients of HLA Diversity in South American Indians", in *Annals of Human Biology*, 24, 1997, pp. 197-208.



## FIGURA 2

Mapa relativo à distribuição dos valores do segundo componente principal, que resume a variação presente em três regiões genéticas do sistema HLA (variação explicada: 15%). Note-se o gradiente latitudinal, com valores baixos nas Guianas e norte do Brasil, e um aumento regular ao longo da costa do Pacífico.



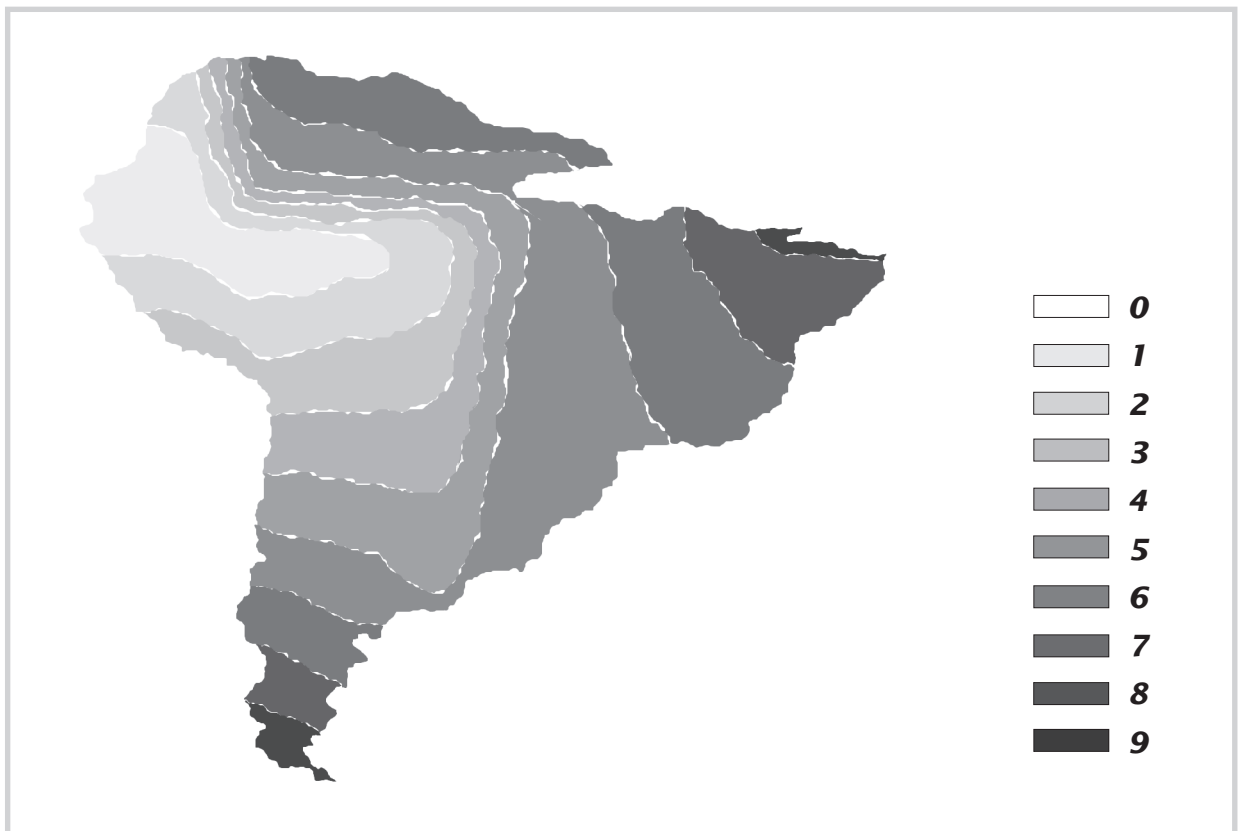
tes nessas variações, excluindo outros agentes, como temperatura, precipitação pluvial e grau de miscigenação não-indígena. Os gradientes encontrados, portanto, devem refletir diferenciação e padrões de migrações antigas, vinculadas à colonização do continente.

A homogeneidade dos ameríndios está, também, sendo questionada de outro ângulo e considerando outros contingentes populacionais. Análises morfológicas de restos pré-históricos desenvolvidas por Walter A. Neves, Marta M. Lahr e colaboradores indicariam que não seria possível derivar-se toda a população indígena da América do Sul a partir de uma onda migracional única (ver a *Tabela 1*).

## AS COMPLEXIDADES DO PROCESSO MICROEVOLUCIONÁRIO

Como deve ter ficado claro pelo que foi exposto até agora, ainda não se chegou a um consenso sobre qual hipótese mais adequadamente representaria o que ocorreu durante a colonização pré-histórica do continente. Isso não deve surpreender, devido à complexidade dos processos evolucionários em geral. Irei exemplificar esse fato através de algumas investigações desenvolvidas por nosso grupo. Assim, sobre a relação variabilidade genética/geografia, duas análises recentes forneceram resultados contraditórios. Na primeira (7), o estudo de quatro

7 A. S. Goicoechea, F. R. Carnese, A. L. Caratini, S. Avena, M. Salaberry, F. M. Salzano, "Demography, Genetic Diversity, and Population Relationships among Argentinian Mapuche Indians", 1977 (enviado para publicação).



**FIGURA 3**

*Mapa relativo à distribuição dos valores do terceiro componente principal, que resume a variação presente em três regiões genéticas do sistema HLA (variação explicada: 9%). Note-se o gradiente latitudinal, com números baixos no norte da costa do Pacífico e aumento para o sul.*

comunidades argentinas de índios mapuches, distribuídas ao longo de 215 quilômetros, forneceu informações demográficas e genéticas (nove sistemas de grupos sanguíneos, haplogrupos de mtDNA) que claramente indicavam uma dicotomia em grupos de dois. O fato de que heterogeneidade genética significativa pôde ser observada em uma região geográfica tão restrita indica a sensibilidade desses enfoques para o esclarecimento da história humana. Já a análise de doze sistemas protéicos em seis comunidades de índios kaingangs do Rio Grande do Sul e Paraná não mostrou o padrão esperado pela sua distribuição geográfica (8). Índios kaingangs e guaranis, que vivem praticamente juntos em uma dessas comunidades, são, no entanto, bastante diversos geneticamente.

Por outro lado, resultados observados em nível de DNA e de proteína não necessariamente serão congruentes. Com relação a um de nossos estudos (tribos zoró, gavião e xavante) a topografia da árvore genealógica considerando-se alternativamente doze marcadores protéicos e a variabilidade de um segmento da região controladora do mtDNA foi exatamente a mesma (9). Porém, os xavantes mostraram resultados díspares com relação a diferentes conjuntos de marcadores, quando comparados a cinco outras populações de índios sul-americanos: pouca variabilidade com relação à região controladora do mtDNA, média no que se refere aos marcadores protéicos, e alta na região da betaglobina do DNA nuclear (10).

## CONCLUSÕES

Apesar de suas limitações, os estudos genéticos, tanto em nível de proteína como de DNA, têm fornecido importantes contribuições para a análise e eventual solução da questão da origem de nossos indígenas. Atualmente há consenso quanto à entrada no continente através do estreito de Bering, mas dúvidas quanto ao número de ondas migratórias. As análises genéticas apontam para uma data de entrada situada ao redor de 30.000 anos.



8 F. M. Salzano, S. M. Callegari-Jacques, T. A. Weimer, M. H. L. P. Franco, M. H. Hutz, M. L. Petzl-Erler, "Electrophoretic Protein Polymorphisms in Kaingang and Guarani Indians of Southern Brazil", in *American Journal of Human Biology*, 1997 (no prelo).

9 M. C. Bortolini, F. M. Salzano, M. A. Zago, W. A. Silva Jr., T. A. Weimer, "Genetic Variability in Two Brazilian Ethnic Groups. A Comparison of Mitochondrial and Protein Data", in *American Journal of Physical Anthropology*, 1997 (no prelo).

10 F. M. Salzano, M. H. L. P. Franco, T. A. Weimer, S. M. Callegari-Jacques, M. A. Mestriner, M. H. Hutz, N. M. Flowers, R. V. Santos, C. E. A. Coimbra Jr., "The Brazilian Xavante Indians Revisited: New Protein Genetic Studies", in *American Journal of Physical Anthropology*, 1997 (no prelo).