

CIÊNCIA

GENÉTICA

# Ameríndios eram siberianos

Estudo da UFMG desvenda por meio da genética uma história não-escrita dos povos pré-colombianos



**A** evolução genética dos indígenas sul-americanos ao longo de milênios é desvendada no modelo que os geneticistas Eduardo Tarazona, Sérgio Pena e Fabrício Santos, da Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), começaram a elaborar em 1999. Segundo o modelo sugere, as populações indígenas do oeste e do leste da América do Sul se distinguem por terem seguido padrões opostos em sua história genética. Os pesquisadores também concluíram que os indígenas das três Américas têm a mesma e bem demarcada origem: dois povos siberianos cuja linhagem ainda sobrevive. Confirmaram ainda a teoria corrente, de que os antepassados dos ameríndios chegaram da Ásia pelo estreito de Bering, quando havia ali uma faixa de solo firme. E demonstraram que todos os ameríndios têm grande similaridade genética: por isso acreditam que vieram juntos, numa grande onda migratória.

Uma constatação básica inspirou o estudo: populações geneticamente isoladas preservam as identidades genéticas que tinham antes dos grandes movimentos migratórios ocorridos no mundo depois das grandes navegações do século 16. Por isso os geneticistas se interessam por essas populações isoladas – como os esquimós, os Yanomami do Brasil e da Venezuela, e mesmo os berberes do Saara e os finlandeses – e tentam traçar suas origens e rotas de migração, que em geral a história não pôde registrar.

O estudo mostra que as contribuições do Projeto Genoma Humano podem servir não só à área médica, mas para descobrir aspectos do nosso passado: “É o primeiro estudo mais

detalhado do ponto de vista genômico, de populações nativas da América do Sul, a sugerir um modelo coerente com questões históricas, arqueológicas, lingüísticas e climatológicas”, afirma Fabrício Santos, do Instituto de Ciências Biológicas da UFMG, que orienta o doutorado de Tarazona.

Para chegar ao modelo evolutivo proposto, os pesquisadores optaram por estudar a variabilidade molecular do cromossomo Y em sul-ameríndios. Esse cromossomo é de linhagem paterna: transmitido apenas pelo pai para os filhos do sexo masculino, passa inalte-



Indígena siberiano: ancestrais em comum com nossos ameríndios

rado ao longo das gerações, até que ocorra uma mutação (variação no DNA, o ácido desoxirribonucléico, portador do código genético). Com isso, quiseram descobrir o que aconteceu desde o início do povoamento. “Fazemos uma espécie de arqueologia molecular”, diz Tarazona, “e isso é possível porque as vicissitudes demográficas pelas quais uma população passa deixam uma marca na distribuição de seus genes. Por meio da análise do DNA, conseguimos identificar essas marcas, que nos dizem o que aconteceu”.

Fabrício Santos explica que, inicialmente, buscavam uma resposta genética para a relação entre os povos dos Andes e os de outras regiões sul-americanas. Até então, a maior parte dos estudos sobre variabilidade molecular em populações nativas era orientada de modo a responder apenas quando e como os primeiros povos chegaram ao continente americano. Desta vez, os pesquisadores procuraram maior profundidade.

**Realidades opostas** - Para isso, estudaram grupos andinos do Peru e do Equador. E, aos dados desses grupos, somaram os de indígenas brasileiros – grupos Xavante, Wai-Wai, Karitiana, Ticuna, Gavião, Zoró e Suruí – previamente estudados por Denise Carvalho Silva (do mesmo grupo da UFMG), bem como de tribos argentinas e paraguaias já estudadas pelo grupo de Nestor Bianchi, de Buenos Aires.

Pela análise das amostras do DNA de 192 indivíduos, em 18 grupos indígenas de sete países, concluíram que as populações do leste e do oeste seguiram padrões de comportamento demográfico opostos, o que se refletiu na diferenciação genética.

Assim, na região andina, os grupos indígenas têm populações grandes e experimentaram entre si maiores níveis de fluxo gênico – trocas de material genético

nos cruzamentos. Isso implica, de um lado, uma tendência à homogeneização no plano geral, e, de outro, maior diferenciação genética entre indivíduos da mesma população.

O contrário ocorreu no leste, entre os grupos da Amazônia, do Planalto Central Brasileiro e do Chaco. Esses têm populações menores e níveis baixos de fluxo gênico de um grupo para outro. Disso resultam tendências a muitos grupos isolados e geneticamente diferenciados, bem como à homogeneidade dentro de cada grupo.

Homem do povo Xavante: um dos grupos incluídos na pesquisa genética que rastreou a origem remota dos ameríndios

Desse modo, as populações andinas, ainda que numerosas e geograficamente distantes entre si, experimentaram um intenso fluxo gênico e mantiveram uma identidade cultural comum, compartilhando costumes e língua, o quéchua – outras línguas da região, como aimara e araucano, são muito parecidas com o quéchua dominante e pertencem à mesma família linguística. Dentro de cada tribo há muita diferenciação genética e, no global, muitas semelhanças entre grupos que vivem a até mais de 3 mil quilômetros de distância um do outro, do Peru ao norte da Argentina.

Já as tribos das regiões brasileiras e do Chaco mostram características opostas às andinas. Estão fisicamente mais próximas do que, por exemplo, os andinos do norte e os do sul. Dado o seu isolamento mútuo, contudo, apesar da maior proximidade, estão longe de um nível de similaridade cultural, falam línguas bem diversas e revelam pouca diferenciação genética entre os indivíduos de cada tribo.

**Geleiras e florestas** - Dados paleoecológicos, linguísticos e históricos se combinam bem para fundamentar o modelo proposto. Por exemplo, no último período glacial – que durou de 60 mil a 13 mil anos atrás –, a altitude das geleiras nos Andes era muito menor e o frio bem mais intenso, o que limitava o povoamento. Já a leste, predominava um ambiente aberto de savana, praticamente sem matas fechadas, o que por algum tempo favoreceu a comunicação e o fluxo gênico.

Há 12 mil anos, entretanto, ocorreu a transição Pleistoceno-Holoceno e isso mudou radicalmente. Nos Andes, o nível das geleiras subiu bastante, permitindo a colonização humana em ampla escala, o que favoreceu o desenvolvimento cultural homogêneo, evidente até hoje. “As geleiras”, diz Tarazona, “liberaram os Andes, permi-

tindo que as populações humanas se assentassem e desenvolvessem em comum um complexo cultural – e biológico, segundo este estudo –, o que facilitou as migrações”.

Já no leste, as mudanças climáticas causaram a expansão dos refúgios isolados de floresta tropical, que foram ocupando e fechando os espaços da savana, até formar a imensa Floresta Amazônica – mata fechada que, ao contrário da savana, passou a limitar o fluxo gênico. Disso resultou fragmentação populacional e isolamento

de Silvia Fuselli e Davide Pettener, da Universidade de Bolonha, Itália, onde Tarazona fez um doutorado em antropologia. Os resultados, segundo Tarazona, estão sendo altamente consistentes com o modelo.

Na verdade, o modelo de variabilidade do cromossomo Y é a terceira etapa do estudo que Fabrício Santos iniciou em 1993, quando se doutorava na UFMG, orientado por Sérgio Pena. Santos relata que o grupo tem feito importantes contribuições por meio do estudo das linhagens paternas: “Nossas primeiras publicações, em



ALEANDRA BRUNIA/AFIP

Índigenas andinos: grupos distantes mais parecidos entre si que os do leste da América do Sul

cultural. Assim, a transição Pleistoceno-Holoceno seria uma espécie de interruptor evolutivo, determinando padrões divergentes de variabilidade genética. É por isso que povos andinos de áreas bem distantes se parecem mais do que, por exemplo, os Ticuna do Amazonas e os Suruí de Rondônia.

**Pela Beringia** - O grupo está ampliando os estudos e testando seu modelo, baseado nas variações do cromossomo Y. O passo seguinte será confrontar esses dados com os do DNA mitocondrial, que é transmitido por linhagem materna, da mãe para os filhos de ambos os sexos. Os estudos do DNA mitocondrial têm a colaboração

1995 e 1996, revelaram uma identidade genética entre os povos nativos das três Américas, como se todos descendessem de um único pai – o Adão americano –, que vivera entre 12 e 25 mil anos atrás. Em 1999, outra publicação revelou o retrato genético de ancestrais dos nativos americanos, que habitavam a Ásia entre 20 mil e 30 mil anos atrás. É como se fizéssemos uma série de exames de paternidade envolvendo milhares de gerações passadas”.

Os estudos iniciais confirmaram a teoria corrente, de que os antepassados dos nativos americanos chegaram ao continente entre 40 mil e 13 mil anos atrás – há muita divergência em

## Migração e diferenciação



SIRO, J. B. CANÇADO

torno das datas. Mas limitaram a data de chegada numa faixa mais restrita, entre 15 mil e 30 mil anos atrás. Também confirmaram que os ameríndios vieram pela Beringia, faixa de solo firme que na época das glaciações ligava a Ásia ao Alasca, onde está hoje o Estreito de Bering (daí o nome Beringia). Mas foram mais longe: demonstraram que os nativos das três Américas têm grande similaridade genética, a despeito da alta diversidade lingüística e cultural, o que sugere que todos vieram juntos da Ásia numa onda migratória principal.

Indo mais além, em 1999 concluíram que os ancestrais dos nativos americanos foram povos siberianos dos grupos lingüísticos keti e altai. Os altais são do grande grupo das línguas

túrquicas, o mesmo dos povos da Mongólia e do Japão. Já os ketis compõem um grupo lingüístico isolado, sem similar no mundo, e cuja língua original está praticamente extinta.

Em algumas etapas, o grupo pesquisou com equipes de outras universidades do Brasil (especialmente o grupo de Francisco Salzano, da Universidade Federal do Rio Grande do Sul), de outros países sul-americanos, da Mongólia e da Inglaterra. Já em 1995, Santos e Sérgio Pena publicavam em *Nature Genetics* o trabalho *Principal Efeito Fundador nas Populações Indígenas Americanas*. No ano seguinte, um grupo da Universidade de Stanford (EUA) confirmou as conclusões dos brasileiros e usou uma nova variação de DNA, o DYS199, com duas bases diferentes: o alelo C, presente em todos os europeus, asiáticos e africanos, e o T, característico dos ameríndios.

Depois, outros americanos da Universidade de Tucson também confirmaram os dados dos brasileiros, que em

1999 apontaram os ketis e os altais, entre vários grupos siberianos examinados, como aqueles de maior grau de parentesco com o principal cromossomo Y dos nativos americanos.

O *Modelo de Evolução para as Populações Nativas da América do Sul*, elaborado por Tarazona e Fabrício Santos, foi apresentado em abril de 2001 no evento *Portugalia Genética*, em setembro no 10º Congresso Internacional de Genética em Viena e em outubro no Congresso Brasileiro de Genética em Águas de Lindóia. Também rendeu artigo publicado em junho último no *American Journal of Human Genetics*. Agora, os geneticistas mineiros pretendem pesquisar outros mistérios, como a origem específica dos povos tupis que povoavam a costa na época do Descobrimento e tiveram influência decisiva na formação do povo brasileiro. Também querem confrontar, com os dados genéticos reunidos, outras teorias sobre a origem dos povos da Amazônia e do Planalto Central brasileiro.