

A formação da população brasileira tem provocado debates. Embora todos concordem que somos o produto de um complexo processo de miscigenação entre ameríndios, europeus e africanos, as opiniões divergem sobre os detalhes e o resultado desse processo. Afinal, quanto há de ameríndio, europeu e africano em cada um de nós? Nosso estudo genético com DNA de brasileiros brancos revela que a esmagadora maioria das linhagens paternas da população branca do país veio da Europa, mas que, surpreendentemente, 60% das linhagens maternas são ameríndias ou africanas.

Sérgio D. J. Pena,
Denise R. Carvalho-Silva,
Juliana Alves-Silva,
Vânia F. Prado,

*Departamento de Bioquímica
e Imunologia,
Universidade Federal
de Minas Gerais*

e **Fabício R. Santos**
*Departamento de Biologia Geral,
Universidade Federal
de Minas Gerais*

RETRATO MOLECULAR

AR DO BRASIL

Muitos autores, usando metodologia histórica, sociológica e antropológica,

já analisaram as origens do povo brasileiro: Paulo Prado em *Retrato do Brasil* (1927), Gilberto Freyre em *Casa grande e senzala* (1933), Sérgio Buarque de Holanda em *Raízes do Brasil* (1936) e Darcy Ribeiro em várias obras, culminando em *O povo brasileiro* (1995). Nós usamos novas ferramentas – a genética molecular e a genética de populações – para reconstituir e compreender o processo que gerou o brasileiro atual, no momento em que comemoramos 500 anos da chegada dos europeus ao Brasil.

O geneticista norte-americano John Avise definiu a filogeografia como o campo de estudo dos princípios e processos que governam a distribuição geográfica de linhagens genealógicas dentro das espécies, com ênfase em fatores históricos. Ela integra conhecimentos de genética molecular, genética de populações, filogenética, demografia e geografia histórica. Sabendo que linhagens genealógicas ameríndias, européias e africanas contribuíram para a composição da população brasileira, decidimos mapear na população branca do Brasil atual as distribuições espaciais dessas linhagens em um contexto histórico. Para isso, amostras de DNA da população do Norte, Nordeste, Sudeste e Sul do Brasil foram estudadas com dois marcadores moleculares de linhagens genealógicas: o cromossomo Y para estabelecer linhagens paternas (patrilinhagens) e

Figura 1. Na fertilização humana, só os espermatozóides que têm o cromossomo Y geram filhos homens (patrilinhagem), e só as mitocôndrias maternas (do óvulo) são transferidas, para todos os filhos (matrilinhagem) – a mitocôndria paterna pode penetrar o óvulo, mas perde-se por diluição



o DNA mitocondrial para estabelecer linhagens maternas (matrilinhagens). Comparações com estudos realizados em populações de outros países permitiram estabelecer a origem geográfica da vasta maioria dessas linhagens genealógicas.

A genética reconstruindo a história

Há duas estratégias que a genética molecular pode usar para responder perguntas sobre a história evolucionária humana: estudar populações atuais para fazer inferências históricas, como neste trabalho, ou resgatar DNA humano de múmias e ossadas arqueológicas para reconstituir a estrutura genética de populações do passado.

A segunda estratégia, chamada de arqueologia molecular, tem progredido muito (estudos de DNA mitocondrial em ossadas de 24 mil anos, mostraram, por exemplo, que o homem de Neandertal não foi um antepassado do homem moderno). Entretanto, os estudos genéticos de populações atuais usando os ‘polimorfismos’ de DNA (regiões do genoma humano onde há diferenças entre indivíduos normais) são mais confiáveis cientificamente. Essa é a mesma técnica adotada em testes de determinação de paternidade, criminalística molecular e mapeamento de genes.

A existência de diferentes tipos de polimorfismo de DNA, classificados de acordo com sua natureza molecular e sua localização no genoma, possibilita estudos diversos. Polimorfismos em autossomos (cromossomos não-sexuais) são ótimos marcadores de individualidade. Como todos temos duas cópias de cada autossomo e as cópias de cada par trocam genes (recombinam-se) a cada geração, as combinações são efêmeras, impedindo que duas pessoas tenham o mesmo genoma.

Situação diferente é observada no segmento exclusivo do cromossomo sexual Y (presente apenas em homens) e no DNA mitocondrial (DNA presente em organelas celula-

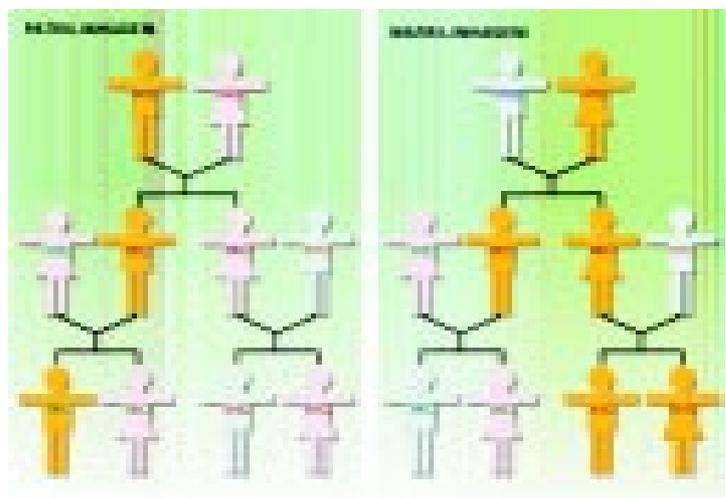
res denominadas mitocôndrias), que apresentam propriedades genéticas em comum. Primeiro, eles são herdados de apenas um dos pais: o cromossomo Y é transmitido através do espermatozóide paterno apenas para filhos homens e o DNA mitocondrial é transmitido através do óvulo materno para filhos e filhas (figura 1). Segundo, não trocam genes com outros segmentos genômicos (não se recombinam), sendo transmitidos às gerações seguintes em blocos de genes (denominados ‘haplótipos’).

Esses blocos permanecem inalterados em patrilinhagens ou matrilinhagens (figura 2) até que ocorra uma mutação. As mutações ocorridas durante a evolução humana geraram variações (‘polimorfismos’) dos haplótipos que servem como marcadores de linhagem. Além disso, o cromossomo Y e o DNA mitocondrial fornecem informações complementares, permitindo traçar patrilinhagens e matrilinhagens que alcançam dezenas de gerações no passado, podendo assim reconstruir a história genética de um povo (figura 3).

Entretanto, o que os haplótipos de DNA mitocondrial e do cromossomo Y nos informam é uma parcela muito pequena da contribuição genética dos antepassados de um indivíduo, porque este tem quatro avós, oito bisavós, 16 trisavós, 32 tetravós e assim por diante (figura 4). O estudo do haplótipo de cromossomo Y informa sobre apenas um desses antepassados homens e o do DNA mitocondrial sobre apenas uma antepassada – eles não informam nada sobre todos os outros antepassados com seus milhares de genes.

Para usar uma analogia, imaginemos que Diogo Álvares, o famoso ‘Caramuru’, tenha passado seu sobrenome para seus filhos, e estes para os próprios filhos, e assim por diante, criando apenas uma patrilinhagem Álvares no Brasil. Agora imaginemos um indivíduo contemporâneo chamado João Álva-

Figura 2. Mecanismos de transmissão hereditária de cromossomos Y e de DNA mitocondrial (representado por um círculo) na mesma família: as pessoas destacadas em amarelo pertencem (A) à mesma patrilinhagem (têm cromossomos Y idênticos), ou (B) à mesma matrilinhagem (têm DNA mitocondrial idêntico)



res. O sobrenome Álvares indicaria que ele descende de Caramuru, mas daria informação sobre uma fração minúscula da sua genealogia, pois não diria nada sobre toda a família de sua mãe, de sua avó paterna etc.

As variações do cromossomo Y

O cromossomo Y humano tem três partes distintas (figura 5). Duas pequenas regiões, nas extremidades dos dois ‘braços’ desse cromossomo, mostram homologia (mesmos genes, na mesma seqüência) com o cromossomo X e se recombinam com este. Por isso, são chamadas de pseudo-autossômicas. A terceira parte (mais de 90% do cromossomo) é exclusiva do Y e não sofre recombinação – os haplótipos dessa parte são transmitidos inalterados de pai para filho por gerações e gerações.

Para identificar os diferentes haplótipos necessitamos estudar polimorfismos de DNA, que podem possuir velocidades evolucionárias diferentes. No estudo das linhagens de cromossomo Y em brasileiros, optamos por polimorfismos de evolução lenta, ou UEPs (do inglês *unique event polymorphisms*), que indicam eventos mutacionais únicos. Há dois tipos de UEPs: os que resultam da mudança de uma só base da seqüência do DNA (SNP, do inglês *single nucleotide polymorphism*), e os decorrentes da ‘entrada’ de uma curta seqüência de bases (‘retroposon’) em uma determinada posição no cromossomo. A identificação desses polimorfismos é utilíssima para a reconstrução da história de migrações em populações humanas.

Um bom exemplo foi a comprovação científica de que a maioria dos indígenas das Américas descende de populações da área central da Sibéria, na Ásia. Em 1995, o estudo de polimorfismos de cromossomo Y de ameríndios de 18 tribos indígenas, da Argentina até os Estados Unidos, nos permitiu identificar apenas um haplótipo na grande maioria deles. Nossos dados reforçavam a noção de que os ameríndios das três Américas eram provenientes da migração de uma única

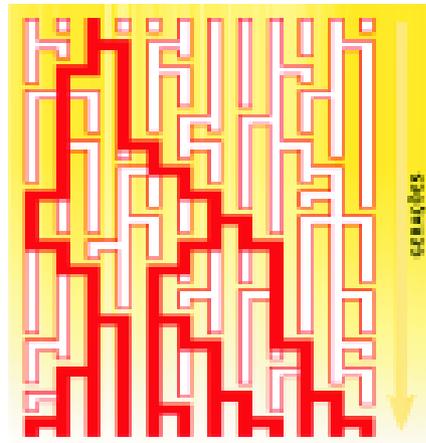


Figura 3. Em cada geração alguns cromossomos Y (ou DNAs mitocondriais) são transmitidos para os filhos e outros são perdidos, o que significa que, após grande número de gerações, todos os cromossomos Y (ou DNAs mitocondriais) sobreviventes provavelmente serão descendentes de um único ancestral

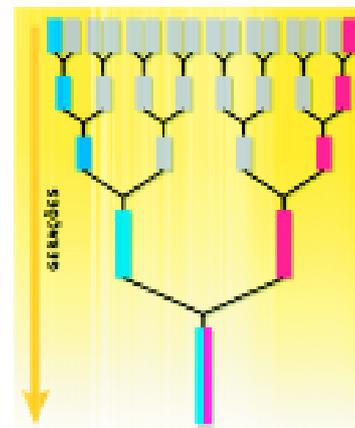


Figura 4. As linhagens do cromossomo Y (azul) ou do DNA mitocondrial (vermelho) fornecem uma fração minúscula da informação de nossa genealogia: temos quatro avós (dois avós e duas avós), oito bisavós, 16 trisavós, 32 tetravós etc., e tanto o DNA mitocondrial quanto o cromossomo Y vêm de apenas uma pessoa de cada geração

população asiática na qual esse haplótipo era o mais freqüente (o ‘haplótipo fundador’).

Seria então possível usar esse haplótipo para encontrar a população asiática de onde ele veio? Fizemos estudos genéticos em DNA de centenas de homens de inúmeras populações de todo o mundo, com ênfase especial em populações da Sibéria e da Mongólia, usando 30 UEPs do cromossomo Y humano. Descobrimos que duas populações que habitam em regiões adjacentes na Sibéria Central eram as mais similares aos ameríndios: os Ketis (da bacia do rio Yenissey) e os Altais (das montanhas Altai). Tais dados apontam para essa região siberiana como o berço mais provável dos ameríndios.

As variações do DNA mitocondrial

O DNA mitocondrial humano é circular, muito pequeno (16.569 pares de bases), e situa-se no citoplasma, dentro das mitocôndrias, as usinas energéticas das células, como visto na figura 1. Acredita-se que as mitocôndrias eram microrganismos independentes que, englobados por ancestrais de nossas células, tornaram-se simbiontes ao longo da evolução, tanto que conservam características de DNA microbiano.

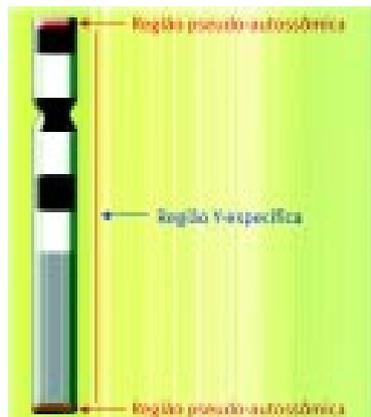


Figura 5. Estrutura (esquema) do cromossomo Y humano: as regiões pseudo-autossômicas (em vermelho) recombinam-se com regiões homólogas do cromossomo X, trocando genes, mas a porção Y-específica (em azul) não sofre recombinação e é passada ‘em bloco’ (haplótipo) de pai para filho

NÃO EXISTEM RAÇAS

A razão pela qual ‘raça’ está entre aspas no texto é que, embora o IBGE ainda use o termo, ele é mais uma construção social e cultural do que biológica. Do ponto de vista genético, não existem raças humanas. O homem moderno distribuiu-se geograficamente e desenvolveu características físicas, incluindo cor da pele, por adaptação ao ambiente de cada nicho geográfico. Geneticamente, no entanto, não houve diversificação suficiente entre esses grupos geográficos para caracterizar raças em um sentido biológico, como mostrou recentemente o geneticista americano Alan Templeton. Isso introduz uma dificuldade: como podemos nos referir a certos grupos, como os índios brasileiros? Uma nomenclatura que tem sido crescentemente usada é a de ‘etnias’, que deveriam ser definidas (de modo muito amplo) como grupos populacionais que têm características físicas ou culturais em comum. A definição de etnia como “um grupo biológico e culturalmente homogêneo”, dada pelo *Novo Dicionário Aurélio* (1ª edição), é errada. Não existe na Terra nenhum grupo humano biologicamente (nem culturalmente) homogêneo.

Figura 6. Distribuição dos brasileiros, por regiões geográficas, em 1991, de acordo com a cor da pele (por autotclassificação)

REGIÃO	COR OU ‘RAÇA’					
	Branca	Preta	Amarela	Parda	Indígena	S/ declaração
Centro-Oeste (9.425.053)	4.418.571 (46,9%)	292.943 (3,1%)	30.686 (0,3%)	4.615.250 (49%)	52.750 (0,6%)	14.853 (0,1%)
Nordeste (42.494.112)	11.317.738 (26,6%)	2.368.206 (5,6%)	27.371 (0,06%)	28.611.078 (67,3%)	55.854 (0,13%)	113.865 (0,3%)
Norte (10.027.373)	2.279.173 (22,7%)	329.261 (3,3%)	13.994 (0,1%)	7.230.657 (72,1%)	124.618 (1,2%)	49.670 (0,5%)
Sudeste (62.740.146)	39.260.994 (62,6%)	3.662.794 (5,8%)	471.732 (0,8%)	18.985.393 (30,2%)	30.584 (0,05%)	328.649 (0,5%)
Sul (22.129.131)	18.428.446 (83,3%)	681.926 (3,1%)	86.875 (0,4%)	2.873.707 (13%)	30.342 (0,1%)	27.835 (0,1%)
Brasil (146.815.815)	75.704.922 (51,6%)	7.335.130 (5%)	630.658 (0,4%)	62.316.085 (42,4%)	294.148 (0,2%)	534.872 (0,4%)

O DNA mitocondrial humano possui duas regiões com propriedades evolutivas diferentes. A maior região (mais de 90% do total), é codificante, ou seja, é usada como molde para síntese de RNA. A taxa de mutação nessa região é cerca de cinco vezes maior do que a do DNA nuclear. A segunda região, chamada de ‘alça D’, tem em torno de 1.122 pares de bases, não é codificante e evolui cinco vezes mais rápido que o resto da molécula (portanto, 25 vezes mais rápido que o DNA nuclear). Em geral, estudam-se as duas regiões, seqüenciando o DNA mitocondrial nos dois trechos mais variáveis da alça D e procurando SNPs em posições específicas da região maior. A busca de SNPs é feita com enzimas de restrição, que cortam o DNA em seqüências específicas (com quatro a seis bases) – alterações na seqüência do DNA mitocondrial podem eliminar sítios de restrição ou criar um novo onde não havia nenhum. SNPs estudados com enzimas de restrição recebem o nome especial de RFLPs (do inglês *restriction fragment length polymorphisms*, ou seja, polimorfismos de tamanho de fragmentos de restrição).

O melhor exemplo de reconstrução da evolução a partir do DNA mitocondrial foi dado em 1987 pelo grupo de Allan Wil-

son, na Universidade da Califórnia (em Berkeley). Eles estudaram RFLPs no DNA mitocondrial de 147 indivíduos de várias origens geográficas e elaboraram uma árvore filogenética que apontava apenas um ancestral comum: o DNA mitocondrial de uma mulher que viveu na África há cerca de 200 mil anos. Quatro anos depois, o mesmo grupo confirmou os resultados pelo seqüenciamento da alça D. Embora a metodologia estatística desses estudos tenha sido posteriormente criticada e a estimativa de idade reduzida para 150 mil anos, a conclusão básica, de que o homem moderno emergiu em época recente na África, foi corroborada por outros estudos genéticos.

Amostragem da população brasileira

O Brasil tinha 157.070.163 habitantes em 1996, distribuídos pelas regiões Norte (11.288.259), Nordeste (44.766.851), Sudeste (67.000.738), Sul (23.513.736) e Centro-Oeste (10.500.579), segundo o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE). Quanto à ‘raça’ (ver ‘Não existem raças’), o IBGE adotou um critério simplista – segundo a cor da pele, por autotclassificação: branca, preta, amarela, parda, indígena e sem declaração – para obter a distribuição das cores de pele no Brasil como um todo e nas cinco principais regiões (figura 6).

A análise dos dados sobre ‘raça’ revela um gradiente (do Norte para o Sul) nas proporções relativas das cores de pele: brancos são 22,7% da população no Norte e 83,3% no Sul. Nota-se ainda que o Sudeste é a região em que as proporções mais se assemelham às do Brasil como um todo. Tais dados demonstram a dificuldade de obter uma amostra representativa da população brasileira para pesquisa genética, principalmente sabendo-se que tais estudos são complexos demais para que se analise grande número de indivíduos.

Nós optamos, por razões teóricas e logísticas, pelo estudo de uma amostra de 200 indivíduos (247 para o DNA mitocondrial), o que é um bom número

em termos de estudos filogeográficos humanos (por exemplo, o estudo de várias populações mundiais da ‘Eva mitocondrial’ do grupo de Allan Wilson incluiu apenas 147 indivíduos), distribuídos em quatro das cinco principais regiões geográficas do Brasil: 50 indivíduos do Sudeste (Minas Gerais; 99 pessoas no caso do DNA mitocondrial), 50 indivíduos do Norte (Amazonas, Rondônia, Acre e Pará; 48 no caso do DNA mitocondrial), 50 indivíduos do Nordeste (Pernambuco) e 50 indivíduos do Sul (Rio Grande do Sul, Santa Catarina e Paraná).

Para evitar que essa escolha, em cada região, afetasse os resultados, restringimos nossa amostra à população branca, majoritária no Brasil (51,6%). Já existem várias análises sobre a proporção de genes europeus em negros brasileiros (os dados anteriores à era do DNA foram reunidos por Francisco Salzano e Newton Freire-Maia no livro *A study of brazilian populations*, de 1970), mas nenhum bom estudo da presença de linhagens ameríndias e africanas na população branca.

Obtivemos amostras de DNA (colhidas com permissão e codificadas para garantir total anonimato) de indivíduos não-aparentados, todos autotransmitidos como brancos, escolhidos ao acaso entre universitários e pacientes que se submeteram a estudos de determinação de paternidade. A amostragem, porém, incluiu principalmente pessoas de classe média e classe média alta, o que poderia afetar as conclusões dos estudos. Por isso, amostras de DNA de trabalhadores rurais brancos do vale do Jequitinhonha (MG) – cedidas pelos professores Carlos Maurício Antunes e Roberto Campos Amado, do Departamento de Parasitologia da UFMG – foram estudadas, para comparação.

Patrilineagens em brasileiros brancos

Os estudos filogeográficos usando o cromossomo Y baseiam-se na teoria, aceita universalmente, de que todos os haplótipos de cromossomos Y existentes hoje derivam de um haplótipo ancestral que estaria presente entre os primeiros *Homo sapiens*, ainda hoje encontrado em bosquímanos !Kung, que vivem

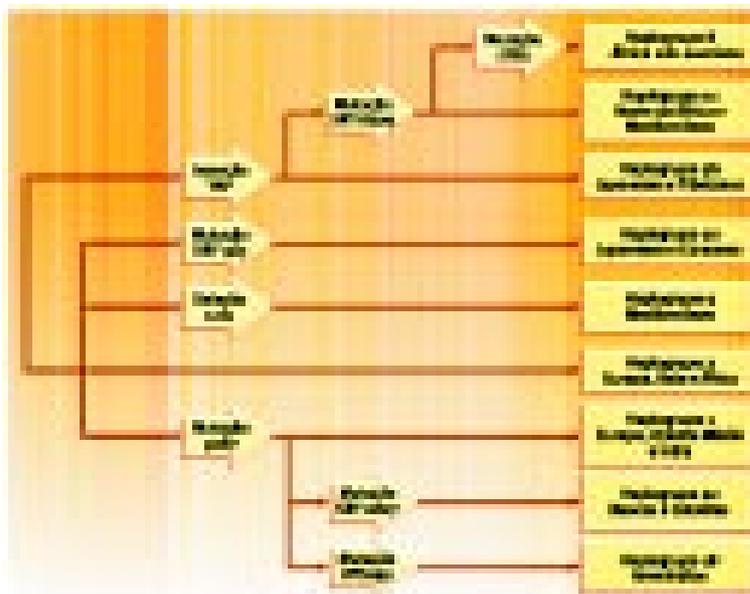


Figura 7. Principais haplogrupos de cromossomo Y, com as ligações filogenéticas entre eles e a distribuição geográfica

no Sul da África. À medida que os homens migraram para novas regiões, o conjunto inicial de genes foi sendo alterado por mutações, o que gerou novos haplótipos, cada um comportando-se como uma linhagem evolutiva independente. Em geral, quanto mais antigo o haplótipo, maior sua distribuição geográfica.

Um dos eventos mais precoces na evolução do cromossomo Y, por exemplo, teria sido a mudança de adenina (A) para guanina (G) na posição 1532. Isso alterou o conjunto ancestral (chamado haplótipo 7) e criou o haplótipo 2, presente em todos os continentes. Nos estudos práticos, usa-se o conceito mais amplo de ‘haplogrupo’ (grupo de haplótipos intimamente relacionados). Eventos mutacionais já estudados definem os principais haplogrupos, que em geral têm distribuição geográfica restrita (figura 7). A exceção é o haplogrupo 2, mas novos marcadores estão sendo pesquisados para que, em breve, seja alcançada uma melhor resolução dentro desse grupo.

Nosso estudo filogeográfico de brasileiros brancos (figura 8) permite deduzir que a imensa maioria das linhagens de cromossomo Y do país é de origem

HAPLOGRUPPO	ORIGEM GEOGRÁFICA	NORTE	NORDESTE	SUDESTE	SUL	BRASIL	PORTUGAL
Haplogrupo 8	África subsaariana	0	4	4	0	2	1
Haplogrupo 21	Áf. do Norte e Mediter.	13	8	16	16	14	12
Haplogrupo 1	Europa	56	67	56	52	57	66
Haplogrupo 9	Mediterrâneo	14	2	10	4	8	6
Haplogrupo 22	Bascos e Catalões	0	0	2	0	1	2
Haplogrupo 2	Europa, Ásia ou África	14	19	12	28	19	13
Haplogrupo 18	Ameríndios	0	0	0	0	0	0
Haplogrupo 20	Japoneses e Coreanos	2	0	0	0	1	0

Figura 8. Origem dos cromossomos Y de brasileiros brancos e de portugueses (em %) — o haplogrupo 2 (em destaque) é o único sem origem geográfica definida

Figura 9.
Origem das migrações para o Brasil, sem incluir os escravos africanos, nos três primeiros séculos após o descobrimento e desde meados do século 19

(1500-1808)		(1851-1960)	
ORIGEM	NÚMERO	ORIGEM	NÚMERO
Portugal	465.000	Portugal	1.732.000
		Itália	1.619.000
		Espanha	694.000
		Alemanha	250.000
		Japão	229.000
		Total	4.523.000

européia, mais especificamente portuguesa (como revela a semelhança com dados referentes a 93 portugueses, obtidos em colaboração com o geneticista Jorge Rocha, da Universidade do Porto). Chama atenção a contribuição mínima de cromossomos Y vindos da África sub-saariana (haplogrupo 8, com 2% do total) e ameríndios (haplogrupo 18, nenhum).

Em contraste, os cromossomos Y europeus (haplogrupo 1) estão presentes na grande maioria (57%) dos brasileiros. Tal participação aumenta quando se admite que o haplogrupo 2 (19% da amostra) tem sua principal origem na Europa. Há várias linhas de evidência nesse sentido. Esse haplogrupo, por exemplo, é comum em portugueses (13%), e Portugal é o

país de origem da maioria dos imigrantes europeus para o Brasil (figura 9).

Mas de onde veio o excesso de haplogrupo 2, já que a proporção entre brasileiros é maior que entre portugueses? Não do leste da Ásia, pois é pequena a proporção, no país, de cromossomos Y japoneses e coreanos. Uma pista surge da comparação das regiões do Brasil: a maior proporção do haplogrupo 2 ocorre no Sul (28%), onde foi importante a imigração de alemães e outros europeus, e a segunda no Nordeste (19%), palco da invasão holandesa. Mesmo existindo outras contribuições (do Oriente Médio, por exemplo), a Europa é também a origem mais provável do excesso de haplogrupo 2. Assim, no mínimo 66% e no máximo 85% (este talvez mais próximo da verdade) dos cromossomos Y em brancos brasileiros vieram da Europa.

Também é alta a proporção – em brasileiros (14%) e portugueses (12%) – do haplogrupo 21, encontrado basicamente no norte da África e, em menor proporção, em áreas mediterrâneas. O grupo do geneticista Antônio Amorim, na Universidade do Porto, demonstrou que em Portugal a frequência do haplogrupo 21 aumenta gradativamente do norte para o sul, atingindo quase 25% no Algarve, no

FONTES: FRANCISCO SAZANO (1980) E DARCY RIBEIRO (1999)

Figura 10.
Origens dos DNAs mitocondriais identificados em brasileiros brancos (em %)

Haplogrupo	Origem geográfica	Norte	Nordeste	Sudeste	Sul	Brasil
L1a	África	0	8	2	2	3
L1b	África	0	2	1	2	1
L1c	África	4	4	8	2	5
L2	África	2	10	8	0	6
L3d	África	0	4	0	4	2
L3e	África	7	14	11	0	8
L3*	África	0	2	2	0	1
TOTAL	África	15	44	34	12	28
U6	Áf. do Norte e Mediter.	2	0	2	2	2
H	Europa	8	22	1	24	17
Pre-V	Europa	2	2	5	4	3
HV*	Europa	0	0	0	2	0,4
U	Europa	4	6	5	8	6
pre*HV	Europa	0	0	0	2	0,4
J	Europa	6	2	1	12	4
T	Europa	7	2	4	8	5
I	Europa	2	0	0	0	0,4
X	Europa e Ameríndios	0	0	2	4	1
TOTAL	Europa	31	34	33	64	39
A	Ameríndios e Asiáticos	8	8	13	8	10
B	Ameríndios e Asiáticos	17	6	11	6	10
C	Ameríndios e Asiáticos	21	2	6	6	8
D	Ameríndios e Asiáticos	8	6	4	4	5
TOTAL	Ameríndios	54	22	33	24	33

extremo sul. A explicação histórica mais provável é que esse haplogrupo é uma relíquia genética dos sete séculos de invasão da península Ibérica, na Idade Média, pelos mouros (oriundos do norte da África).

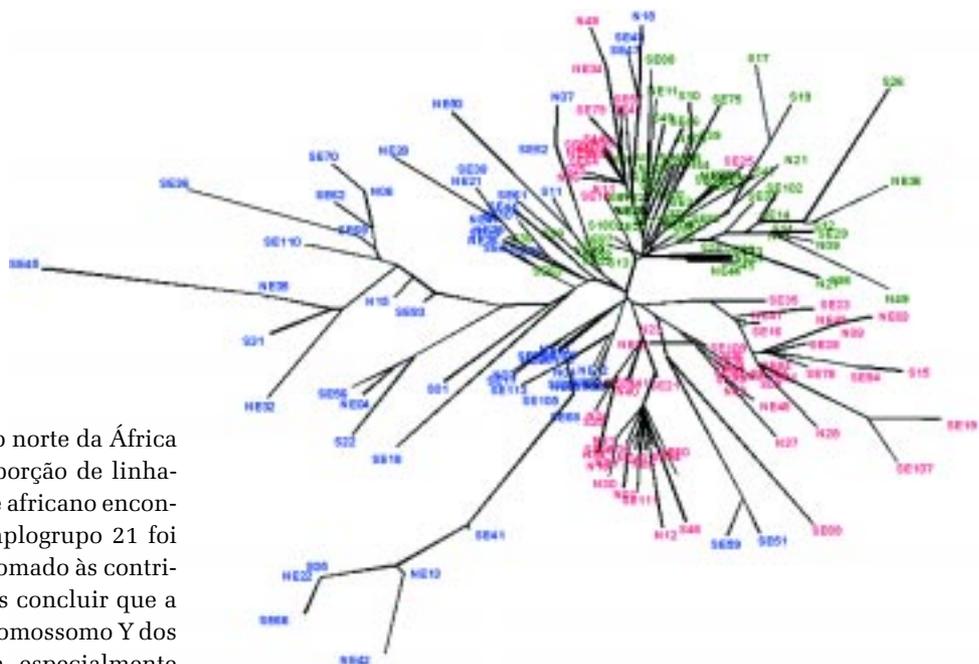
Sua alta frequência em brasileiros deve-se então aos portugueses, pois não há registros sobre a vinda para o Brasil de números significativos de escravos do norte da África (o que é reforçado pela baixa proporção de linhagens de DNA mitocondrial do norte africano encontrada em nossos estudos). Se o haplogrupo 21 foi trazido por portugueses, deve ser somado às contribuições européias. Assim podemos concluir que a imensa maioria das linhagens de cromossomo Y dos brasileiros brancos veio da Europa, especialmente de Portugal.

As proporções mínimas de cromossomos Y africanos e ameríndios constatadas poderiam levantar dúvidas sobre a adequação da amostra. Sabendo que a distribuição de cores de pele é desigual nos segmentos sociais do Brasil, poderia o predomínio de pessoas de classe média e classe média alta na nossa amostra viciar os resultados, apontando maior ancestralidade européia? Um fato desmente isso. O estudo dos cromossomos Y de 10 indivíduos brancos de baixa renda do vale do Jequitinhonha (MG) também não detectou haplótipos ameríndios ou da África subsaariana.

Matrilinhagens em brasileiros brancos

As linhagens de DNA mitocondrial de todo o mundo dividem-se em três grandes conjuntos, os superhaplogrupos L1, L2 e L3. Os dois primeiros são especificamente africanos, enquanto o último ocorre em todos os continentes, mas pode ser subdividido em haplogrupos típicos de populações africanas, européias, asiáticas e ameríndias.

A classificação por DNA mitocondrial é bem mais complexa que a baseada no cromossomo Y. Em ameríndios brasileiros, por exemplo, há apenas um haplogrupo principal de Y, mas quatro de DNA mitocondrial (A, B, C e D). A diversidade de DNAs mitocondriais também foi muito grande em brasileiros brancos: 171 haplótipos distintos em 247 indivíduos (figura 10). Ao contrário do revelado pelo estudo do cromossomo Y (ampla maioria de haplogrupos europeus), os DNA mitocondriais tiveram, para todo o Brasil, uma distribuição de origens geográficas bem mais uniforme: 33% de linhagens ameríndias, 28% de africanas e 39% de européias (figura 11). Entre as linhagens européias, destacam-se os haplogrupos H, T e J, sendo responsáveis



respectivamente por 44%, 14% e 10% do total dessas linhagens.

Como os ameríndios vieram da Ásia, o DNA mitocondrial não os diferencia dos asiáticos. Assim, assumimos que todas as linhagens asiáticas obtidas (haplogrupos A, B, C e D) eram ameríndias. Como não encontramos no Brasil outras linhagens da Ásia que não ocorram também entre ameríndios, qualquer erro decorrente da adoção dessa premissa deve ser muito pequeno. Já a grande diversidade de haplogrupos africanos é compatível com o fato de que os escravos foram trazidos para o Brasil de muitas áreas (principalmente do oeste africano, mas também de Moçambique, no leste).

O fato de encontrarmos 33% de matrinhagens autóctones permite-nos calcular que em torno de 45 milhões de brasileiros possuem DNA mitocondrial originário de ameríndios. Em outras palavras, embora desde 1500 o número de nativos no Brasil tenha se reduzido a 10% do original (de cerca de 3,5 milhões para 325 mil), o número de pessoas com DNA mitocondrial ameríndio aumentou mais de 10 vezes.

Raízes filogenéticas do Brasil

Os resultados obtidos demonstram que a imensa maioria (provavelmente mais de 90%) das patrinhagens dos brancos brasileiros é de origem européia, enquanto a maioria (aproximadamente 60%) das matrinhagens é de origem ameríndia ou africana.

As patrinhagens, embora sejam maciçamente européias e muito semelhantes à distribuição em Portugal, exibem ainda considerável variabilidade. Isso deve-se à alta diversidade genética dos ibéricos, fruto de muitas invasões e imigrações: celtas, fenícios, gregos, romanos, suevos, visigodos, judeus,

Figura 11. A árvore de haplogrupos de DNA mitocondrial em brasileiros, construída com base na informação da seqüência da alça D usando método de máxima parcimônia (menor número de mudanças em cada 'ramo'), mostra três grupos distintos de linhagens: africanas (azul), ameríndias (vermelho) e européias (verde) — como não foram usadas informações que permitiriam maior separação, há linhagens africanas entre européias e entre ameríndias, e linhagens ameríndias entre européias (a maior distância dos haplótipos africanos indica sua maior diversidade)

Figura 12. Linhagens ameríndias de DNA mitocondrial (matrilinhagens) na população branca (cálculo com base nos percentuais obtidos no estudo, aplicados aos totais de brancos em cada região) – o percentual final obtido (29,3%) é semelhante à proporção geral de 33% (sobre a amostra estudada)

REGIÃO	POPULAÇÃO BRANCA	FRAÇÃO DE LINHAGENS AMERÍNDIAS EM BRANCOS (OBTIDA NO ESTUDO)	NÚMERO DE LINHAGENS POR REGIÃO (POPULAÇÃO X FRAÇÃO)
Norte	2.279.173	0,54	1.230.753
Centro-Oeste	4.418.571	(0,33)*	1.458.128
Nordeste	11.317.738	0,22	2.489.902
Sudeste	39.260.994	0,33	12.956.128
Sul	18.428.446	0,22	4.054.258
BRASIL	75.704.922	29,3%**	22.189.169

*Obs.: * Como não houve amostragem no Centro-Oeste, foi usada a mesma fração do Sudeste.
** Percentual calculado após a soma do número de linhagens obtido em cada região.*

árabes e bérberes. A maior mistura gênica certamente ocorreu nos 700 anos de ocupação por mouros (até 1492), e está expressa na alta frequência do haplótipo 21 (do norte da África) em portugueses – e, através deles, nos brasileiros.

Outra pista interessante é a alta frequência do haplogrupo 9 do cromossomo Y em portugueses e brasileiros. Esse haplogrupo ocorre em toda a área mediterrânea, mas atinge suas frequências máximas em judeus e libaneses. Até o final do século 14, grande quantidade de judeus vivia na península Ibérica, em aparente harmonia com cristãos e muçulmanos. No século 15, a discriminação aumentou até que os judeus, exceto os que se converteram ao cristianismo (‘cristãos novos’), foram expulsos de Portugal, em 1509. Embora fosse proibido a judeus e mouros emigrar para as Américas, muitos cristãos novos vieram para o Brasil, provavelmente trazendo o haplogrupo 9.

Por sua vez, os imigrantes que chegaram ao Brasil a partir da metade do século 19, em especial italianos, espanhóis, alemães, japoneses e sírio-libaneses, deixaram sua ‘marca’ no aumento (em relação a Portugal) da frequência dos haplogrupos mediterrâneos 21 e 9 (italianos, espanhóis e sírio-libaneses) e na presença dos haplogrupos 22 (espanhóis) e 20 (japoneses). Como foi dito, a presença dos alemães no Sul e dos holandeses no Nordeste provavelmente reduziu a frequência dos haplogrupos mediterrâneos nessas regiões e aumentou a do haplótipo 2.

Já os estudos de DNA mitocondrial revelam proporções gerais de 33% de linhagens ameríndias, 28% de africanas e 39% de européias, mas com

variações consideráveis de região para região, segundo o padrão esperado pela história de colonização de cada uma (figura 12). No Sul, são europeus 66% dos haplótipos, o que reflete a ampla imigração da Europa para a região nos séculos 19 e 20. No Norte, onde a presença indígena é elevada, 54% das matrinhagens são ameríndias. No Nordeste, como esperado, predominam matrinhagens africanas (44%). No Sudeste, a distribuição das linhagens é muito uniforme. Apesar da alta diversidade de linhagens de DNA mitocondrial européias e africanas, não foi possível relacionar haplogrupos específicos a regiões brasileiras. As linhagens européias H, T e J predominam em todas as regiões e não apresentam um padrão específico de distribuição. Isso é consistente com o fato de que dentro da Europa a diferenciação de matrinhagens é bastante pobre.

No caso das linhagens africanas, sabe-se que a maioria dos escravos trazidos para o Brasil veio da costa oeste da África, da vasta região entre o rio Senegal (no norte) e a Angola portuguesa (no sul). Os escravos chamados de ‘minas’, aprisionados na parte mais ao norte dessa região, chamados de ‘minas’, constituíam cerca de um terço do total trazido para o Brasil (figura 13) e concentraram-se inicialmente na Bahia – muitos tinham a religião ioruba, de onde veio o candomblé baiano. A maioria dos escravos do Rio de Janeiro e Minas Gerais veio de Angola – de tribos que falavam dialetos do tronco bantu. Entretanto, as consideráveis migrações de escravos ocorridas entre os estados, no século 19, homogeneizaram sua distribuição. Sabe-se pouco sobre a distribuição de haplogrupos de DNA mitocondrial na África, especialmente em Angola. Assim, fica difícil fazer inferências filogeográficas a partir dos nossos resultados, que mostram que os haplogrupos L3e e L1c constituem quase 50% dos africanos.

As linhagens ameríndias mostraram um padrão curioso. O haplogrupo A foi o mais comum no Nordeste, Sudeste e Sul (36% do total das três

Figura 13. Desembarques de escravos africanos no Brasil

PERÍODO	NÚMERO
1551-1700	580.000
1701-1810	1.891.000
1810-1857	1.145.000
TOTAL	3.616.000

FONTE: FRANCISCO SALZANO (1986)

regiões), enquanto o C foi o mais comum no Norte (38%). Novos estudos estão sendo iniciados para tentar explicar essa correlação geográfica.

O retrato molecular do Brasil no contexto histórico

Em resumo, nossos estudos filogeográficos com brasileiros brancos revelam um padrão de reprodução direcional: a imensa maioria das patrilinhagens é européia, enquanto a maioria das matrinhagens (cerca de 60%) é ameríndia ou africana. Os resultados combinam com o que se sabe sobre o povoamento pós-cabralino do Brasil.

Exceto pelas invasões (temporárias) de franceses no Rio de Janeiro e de holandeses em Pernambuco, praticamente apenas portugueses vieram para o Brasil até o início do século 19. Os primeiros imigrantes portugueses não trouxeram suas mulheres, e registros históricos indicam que iniciaram rapidamente um processo de miscigenação com mulheres indígenas. Com a vinda dos escravos, a partir da segunda metade do século 16, a miscigenação estendeu-se às africanas.

Em 1552, em carta ao rei D. João, o padre Manuel da Nóbrega fala da falta de mulheres brancas na nova colônia, e pede que estas sejam enviadas, para

	1500	1871	1890	1990
Ameríndios	4.500.000	440.000	440.000	280.000
Branços	...	3.854.000	6.302.000	81.407.000
Negros	...	1.976.000	2.098.000	7.264.000
Pardos	...	4.262.000	5.934.000	57.822.000
TOTAL	2.000.000	9.930.000	14.333.000	147.306.000

Figura 14. Crescimento da população brasileira após o descobrimento

que os homens “casem e vivam (...) apartados dos pecados, em que agora vivem”. A coroa portuguesa, que tolerava relacionamentos entre portugueses e índias desde o início da colonização, passou a estimular casamentos desse tipo oficialmente por um Alvará de Lei emitido em 4 de abril de 1755 pelo marquês de Pombal. A idéia de Pombal, aparentemente, era povoar o Brasil, garantindo sua ocupação, mas essa política surpreendentemente liberal não se estendeu aos africanos. É óbvio, porém, que a mistura de portugueses com africanas continuou.

A partir da metade do século 19, o Brasil recebeu enormes levas de novos imigrantes, destacando-se portugueses e italianos, seguidos de espanhóis, alemães, japoneses e sírio-libaneses. Entre 1872 e 1890, por exemplo, a população de brancos brasileiros aumentou em 12,5 milhões (figura 14). Embora muitos imigrantes tenham vindo com suas famílias (em especial os alemães), havia um excesso significativo de homens em outros grupos. Como os imigrantes eram em geral pobres, casavam-se com mulheres também pobres, o que no Brasil significava mulheres de pele escura (por causa da correlação entre cor da pele e classe social). Isso está ilustrado no quadro *A redenção de Can*, de Modesto Brocos y Gomes, pintado em 1895 (figura 15).

Vários autores, dentre os quais despontam os já mencionados Prado, Freyre, Holanda e Ribeiro enfatizaram a natureza triíbrida da população brasileira, a partir dos ameríndios, europeus e africanos. Os dados que obtivemos dão respaldo científico a essa noção e acrescentam um importante detalhe: a contribuição européia foi basicamente através de homens e a ameríndia e africana foi principalmente através de mulheres. A presença de 60% de matrinhagens ameríndias e africanas em brasileiros brancos é inesperadamente alta e, por isso, tem grande relevância social.

O Brasil certamente não é uma ‘democracia racial’. Prova disso é a necessidade de uma lei para proibir o racismo. Pode ser ingênuo de nossa parte, mas gostaríamos de acreditar que se os muitos brancos brasileiros que têm DNA mitocondrial ameríndio ou africano se conscientizassem disso valorizariam mais a exuberante diversidade genética do nosso povo e, quem sabe, construiriam no século 21 uma sociedade mais justa e harmônica. ■

Sugestões para leitura

- CANN, R.L.; STONEKING, M.; WILSON, A. C. ‘Mitochondrial DNA and human evolution’, in *Nature*, v. 325, p. 31, 1987.
- PENA, S.D.; SANTOS, F.R.; BIANCHI, N.O.; BRAVI, C.M.; CARNESE, F.R.; ROTHHAMMER, F.; GERELSAIKHAN, T. *et al.* ‘A major founder Y-chromosome haplotype in Amerindians’, in *Nature Genetics*, v. 11, p. 15, 1995.
- SANTOS, F.R.; PANDYA, A.; TYLER-SMITH, C.; PENNA, S.D.; SCHANFIELD, M.; LEONARD, W.R.; OSIPOVA, L. *et al.* ‘The central Siberian origin for native American Y chromosomes’, in *American Journal of Human Genetics*, v. 64, p. 619, 1999.
- TEMPLETON, A.R. ‘Human races: a genetic and evolutionary perspective’, in *American Anthropologist*, v. 100, p. 632, 1999.

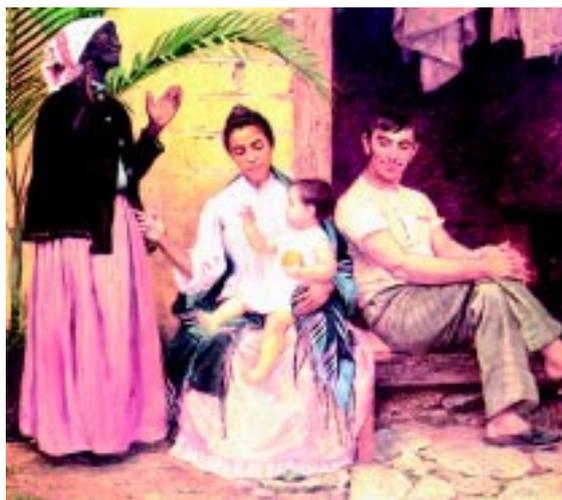


Figura 15. No óleo *A redenção de Can* (1895), pintado por Modesto Brocos y Gomes, a avó negra agradece aos céus pelo neto branco (no colo da mãe, uma mulata). O pai é branco e parece um imigrante de origem ibérica ou mediterrânea. Segundo a *Bíblia*, Can, um dos filhos de Noé, recebeu uma maldição (ele e seus descendentes seriam escravos) e por isso pensadores que queriam adequar a ciência ao texto bíblico o apontaram por séculos como o antepassado dos povos negros. Como a idéia do pintor era representar o ‘branqueamento da raça’, isso representava a ‘redenção’ de Can.