



A GRANDE ÁRVORE GENEALÓGICA HUMANA

FABRÍCIO R. SANTOS*

RESUMO A história da humanidade pode ser ilustrada como uma grande árvore genealógica que conecta indivíduos e populações por meio dos seus ancestrais que existiram durante as 8.000 gerações (ou 200.000 anos) de nossa espécie. Nossos ancestrais deixaram fósseis e artefatos do passado, além de transmitir inúmeras características físicas e culturais aos seus descendentes atuais, que compõem as evidências utilizadas por arqueólogos, antropólogos, biólogos e linguistas para reconstruir esta história que é tão importante para entendermos nossa origem.

PALAVRAS-CHAVE Origem humana. Povoamento dos continentes. Evolução.

THE GREAT HUMAN FAMILY TREE

ABSTRACT The human history can be depicted as a large family tree connecting individuals and populations by means of their ancestors that existed during 8,000 generations (or 200,000 years) of our species. Our ancestors left fossils and artifacts from the past, beyond transmitting countless physical and cultural characteristics to their descendants today, which are evidence used by archaeologists, anthropologists, biologists and linguists to reconstruct this important history for understanding our origin.

KEYWORDS Human origin. Peopling of the continents. Evolution.

* Professor Titular do Departamento de Biologia Geral, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG)

E-mail: fsantos@icb.ufmg.br

Recebido em 17/10/14. Aprovado em 03/12/2014.

Introdução

A origem da espécie humana pode ser investigada cientificamente por meio da análise minuciosa de inúmeras evidências físicas obtidas de fósseis, restos arqueológicos, ossos e moléculas. A história evolutiva nos revela os primeiros 3,5 bilhões de vida neste planeta sem qualquer espécie que poderíamos reconhecer como “inteligente” até o aparecimento do *Homo sapiens*. Há pelo menos 6 milhões de anos, uma população de primatas do noroeste da África se dividiu em duas linhagens que passaram a evoluir independentemente: a primeira continuou no ambiente da floresta tropical e originou os chimpanzés de hoje, e a segunda se adaptou a outros ambientes mais abertos, nas savanas do leste africano, e resultou, há 200 mil anos, na espécie *Homo sapiens* (Jobling et al., 2013). Esta antiga população africana deu origem a todos os povos atuais. Portanto, apenas 8.000 gerações de humanos (considerando um tempo de geração de 25 anos para nossa espécie) foram suficientes para a ocupação de todos os continentes e o acúmulo de uma grande diversidade genética entre as populações humanas.

A espécie humana, o *Homo sapiens*, é apenas uma entre as mais de 8 milhões de espécies estimadas pela Ciência (Mora et al., 2011) que, além de outras peculiaridades, consegue refletir sobre suas próprias origens. O conhecimento da história natural de nossa espécie nos aproximou dos outros seres vivos que também resultaram dos 3,5 bilhões de anos de evolução biológica no planeta Terra (Santos; Dias, 2013). O homem moderno “emerge” há 200 mil anos na África e posteriormente povoou a Ásia, a Oceania e o Novo Mundo (Jobling et al., 2013). Essa espécie de primata inteligente¹ ocupou muitos ambientes e lugares distantes na pré-história sem utilizar a escrita ou fundar cidades e com muito poucas manifestações culturais da humanidade atual. Além disso, estamos aparentemente sozinhos, sem outra espécie competidora que seja equivalente do ponto de vista intelectual ou ecológico, apenas nos últimos 28 mil anos (Krings et al., 1997). Nos últimos milênios, principalmente a partir do início do sedentarismo e da agricultura, há 12 mil anos (Gross et al., 2013), nossa espécie seguiu

1. Nota do autor: Definido aqui como uma espécie com grande capacidade cerebral (~1400 cm³) e intelectual que permite a reflexão sobre sua própria existência.

o atalho rápido da evolução cultural em um ritmo que ultrapassa os limites intelectuais de um humano comum, dependente de uma vida em sociedade que dita as “regras do jogo”. Somos uma espécie peculiar de primata descendente de uma linhagem que sobrepujou todos os seus adversários diretos, que também dominavam de forma similar o ambiente ao seu redor. Desvendar esse passado evolutivo também pode ser útil para entender o nosso presente e vislumbrar o futuro da humanidade.

O homem entre os Primatas

O *Homo sapiens* é uma espécie de antropoide (macaco) da ordem Primata, que inclui espécies de dois grandes grupos taxonômicos (infraordens): os Strepsirrhini (lêmures, lórisés e gálagos) e os Haplorrhini (tarsos e antropoides). Os primatas antropoides possuem várias características compartilhadas como cérebro desenvolvido, face pequena com olhos projetados para frente, dedos oponíveis e unhas nas mãos e nos pés que possibilitam agarrar, duas mamas, capacidade para ficar ereto entre outras (Williams et al., 2013).

Em 1863, Thomas Huxley fez a primeira obra dedicada exclusivamente à evolução da espécie humana, apresentando vários dados relativos à relação de ancestralidade comum com outros primatas (figura 1). Posteriormente, em 1871, Darwin publicou suas

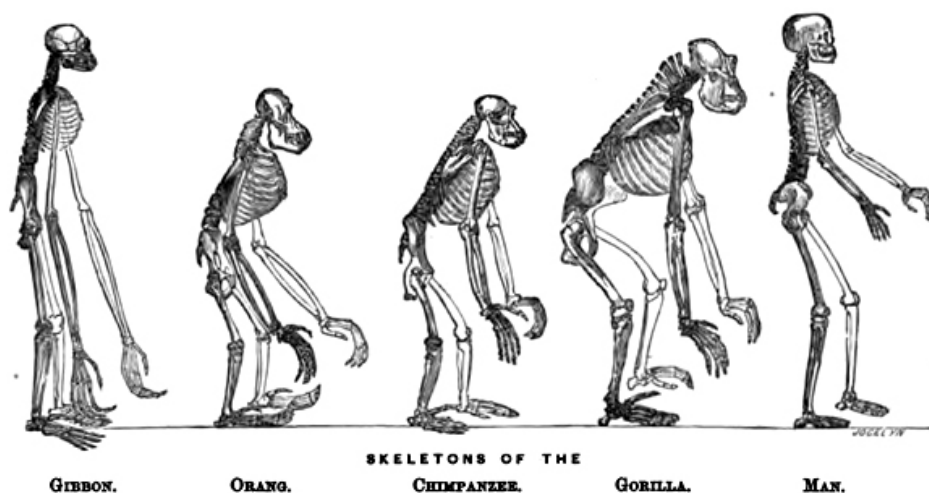


FIGURA 1 – Comparações de esqueletos dos grandes macacos sem cauda. Figura extraída do livro “Evidências do lugar do homem na Natureza” (HUXLEY, 1863). Os esqueletos representados não estão em escala proporcional ao tamanho de cada espécie.

análises no livro “A ancestralidade humana”, no qual deduziu: “... como estas duas espécies (chimpanzé e gorila) são consideradas os parentes mais próximos do homem, isto torna muito mais provável que nossos primeiros ancestrais teriam vivido também na África”. Nesse momento, não era conhecido cientificamente nenhum fóssil da linhagem humana, mas, como veremos, a dedução que Darwin elaborou no século XIX foi amplamente corroborada por dados fósseis, morfológicos e genéticos.

A genealogia de primatas representada na figura 2 ilustra a história de diversificação e os tempos estimados de divergência entre as espécies existentes da família Homínidae. Inúmeras evidências comportamentais, morfológicas, fisiológicas, bioquímicas e genéticas corroboram o parentesco mais próximo entre homens e chimpanzés (compartilham um ancestral comum mais recente) do que um destes com o gorila ou orangotango (Jobling et al., 2013). Na figura 2, também está demarcada a parte da genealogia em que se encontram os homínídeos fósseis. Ressalta-se que todos já descobertos são mais relacionados à linhagem humana do que aos chimpanzés.

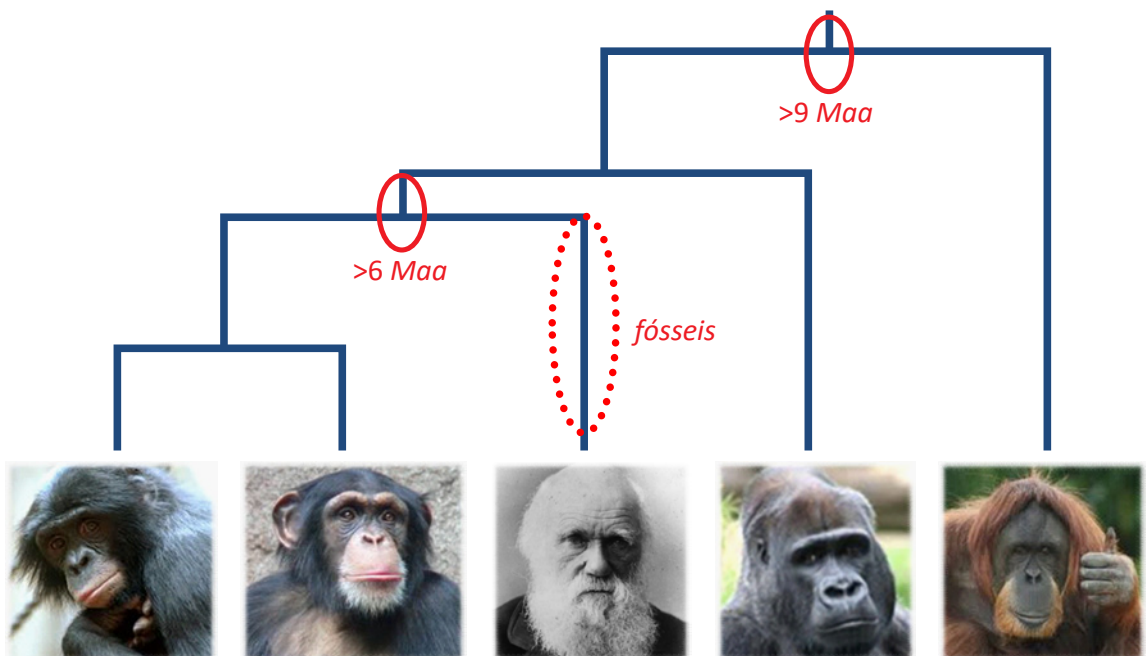


FIGURA 2 – História de diversificação evolutiva (filogenética) dos homínídeos, ressaltando-se os tempos de separação entre algumas linhagens (elipses fechadas) e a ocorrência de fósseis relacionados com a linhagem humana (elipse pontilhada). As espécies representadas (da esquerda para direita) são: duas espécies de chimpanzé (*Pan paniscus* e *Pan troglodites*), homem (*Homo sapiens*), gorila (*Gorillagorilla*) e orangotango (*Pongo pygmaeus*).

Paleoantropologia

A pesquisa paleoantropológica é de grande importância para o estudo da ancestralidade humana devido à grande riqueza de evidências fósseis (milhares de registros de mais de 20 espécies) e à sua ligação direta com o passado de nossa espécie (Robson; Wood, 2008). Vários homínidos ancestrais diretos ou relacionados ao nosso passado evolutivo foram e estão sendo descobertos a todo o momento. A curiosidade sobre nossas origens é a principal motivação para tantos achados fósseis.²

Como mencionado anteriormente, há muito mais fósseis relacionados proximalmente à nossa espécie do que qualquer outra linhagem de primata (figura 2). Isso se relaciona com o fato de a linhagem humana ter-se diferenciado das demais espécies de primatas pela ocupação dos mais diversos ambientes, dos desertos às montanhas, dos trópicos aos ambientes polares, o que não se deu com nossos “primos”, como os chimpanzés e os gorilas, que até hoje permanecem na floresta equatorial africana. O domínio da floresta equatorial chuvosa não é propício à fossilização. Em ambientes mais secos, como savanas, desertos e cavernas, a formação de fósseis é muito mais provável. Essa diferença de ocupação de *habitat* explica a descoberta de fósseis relacionados à nossa espécie, enquanto as linhagens ancestrais dos chimpanzés e dos gorilas não deixaram fósseis preservados para detalhar seu passado.

Há mais de 20 espécies fósseis descritas que estão relacionadas com a linhagem humana, como ancestrais diretos ou espécies que compartilham ancestrais recentes conosco. Essas espécies antigas (figura 3) apresentam muitas características derivadas que são compartilhadas com o homem moderno, mas inexistentes nos chimpanzés e em outros primatas. Muitas características do esqueleto, por exemplo, estão associadas à adaptação ao bipedalismo, incluindo estruturas modificadas na coluna, bacia, crânio, membros e pés, que são exclusivas da linhagem humana, isto é, existem apenas nesses fósseis e no homem moderno (Robson; Wood, 2008).

Vários fósseis da linhagem humana foram descobertos (figura 3), todos datados nos últimos 7 milhões de anos (Robson; Wood, 2008). De todos os fósseis encontrados na África, aqueles que estão mais provavelmente relacionados à nossa ancestralidade direta são das espécies: *Sahelanthropus tchadensis* (figura 3a) de ~6,5 milhões de anos atrás (*Maa*), *Australopithecus afarensis* (figura 3c) de 4,5 a 3,5 *Maa*, *Homo habilis* (figura 3f) de 2 a 1,8 *Maa* e *Homo erectus* (figura 3g e 3h) de 1,8 a 0,2 *Maa*.

2. *Nota do autor:* A pesquisa em paleoantropologia é também movida pela disputa entre cientistas por fama e reconhecimento internacional, recebendo uma quantidade significativa de financiamento, principalmente na África, o berço antigo da humanidade.

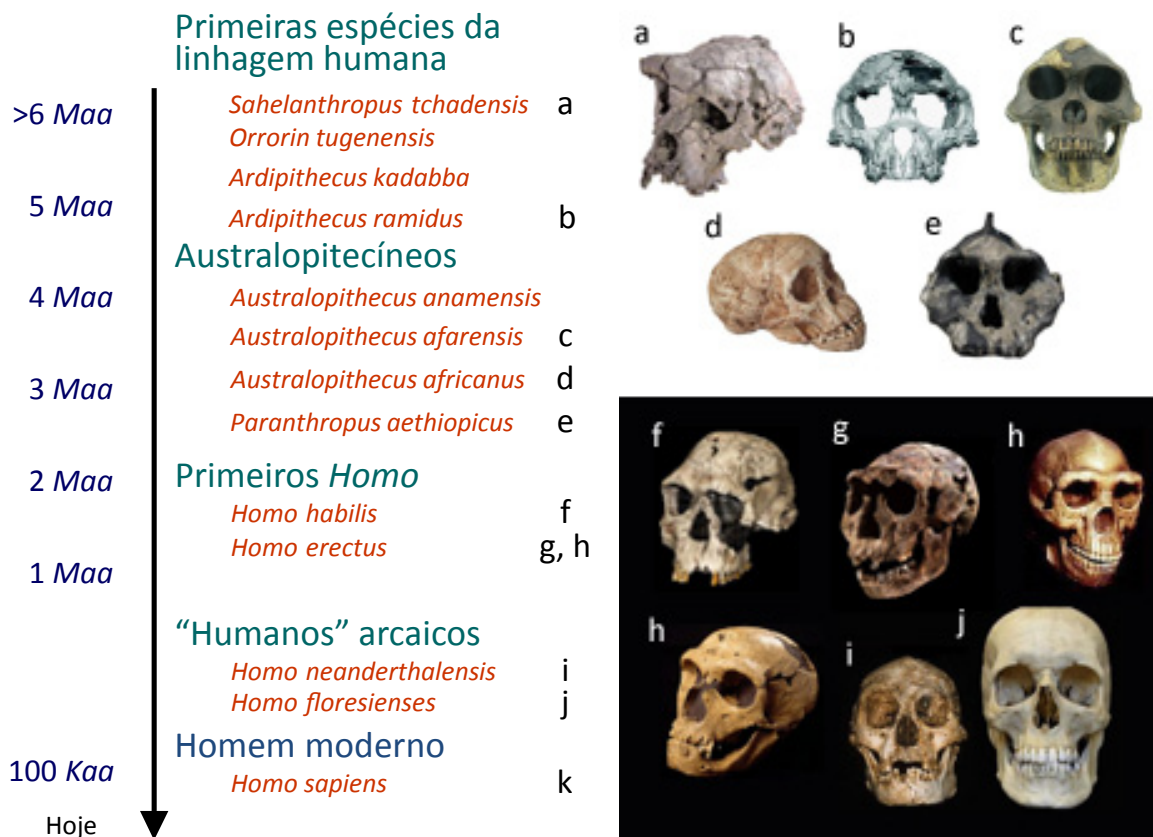


FIGURA 3 – Restos fossilizados de algumas espécies da linhagem humana. Várias espécies se diversificaram nos últimos 7 milhões de anos, após a separação entre a linhagem humana e a dos chimpanzés. Algumas espécies, como o *Orrorin tugenensis* e o *Ardipithecus kadabba*, são conhecidas por apenas alguns fragmentos ósseos, sem crânio preservado.

A descoberta do homem de Toumai, *Sahelanthropus tchadensis* (figura 3a), causou inicialmente uma grande controvérsia. Trata-se do fóssil de uma espécie que vivia na transição entre floresta e savana (atual Chade, África) e que sugere uma divergência mais antiga entre as linhagens do homem e dos chimpanzés (~7Maa). Essa espécie apresenta uma estrutura modificada na base do crânio, que é indicativa de uma postura ereta, uma adaptação característica da nossa linhagem, sugerindo o *S. tchadensis* como ancestral direto de toda a linhagem humana. No entanto, novas escavações e estudos comparativos estão sendo executados para investigar detalhadamente essa questão.

Outro provável ancestral direto da espécie humana é o *Australopithecus afarensis*, também conhecido como Lucy (figura 3c). Essa espécie viveu no período de 4 a 3 Maa e foi o primeiro esqueleto completo de homínídeo antigo encontrado na África (Quênia).

Apesar de ter um cérebro do tamanho parecido ao de um chimpanzé (~400 cm³), os ossos da bacia, da coluna vertebral, do crânio e dos pés indicam uma postura ereta. O bipedalismo configura característica marcante e fundamental para toda a linhagem humana, possibilitando a diferenciação inicial de nossa linhagem em relação à dos chimpanzés, desmistificando a ideia, do início do século XX, de que o cérebro (a inteligência) seria a diferença primária e direcionadora da evolução humana em relação aos seus parentes primatas mais próximos.

A linhagem humana foi muito mais diversa no passado. Análises comparativas das estruturas corporais de inúmeras espécies fósseis indicam que muitas delas não devem ser nossos ancestrais diretos, apesar de terem ancestrais comuns mais recentes conosco do que com os chimpanzés. *Paranthropus aethiopicus* (figura 3e), *P. boisei* e *P. robustus* (figura 4) possuem, por exemplo, estruturas únicas que indicam uma especialização ao nicho alimentar: as espécies do gênero *Paranthropus* têm adaptações a hábitos vegetarianos que favorecem o aproveitamento de diversos alimentos vegetais, incluindo grãos e tubérculos muito duros. Como nossa espécie não herdou essas adaptações aos hábitos vegetarianos estritos, além de outras características ósseas, as espécies do gênero *Paranthropus* são excluídas da nossa ancestralidade direta. As várias espécies da linhagem humana do passado provavelmente se diversificaram com relativo sucesso porque tinham algumas adaptações-chave como bipedalismo e inteligência, mas por causa da competição por nichos alimentares, tenderiam a especializar-se em recursos não utilizados pelas espécies equivalentes.



FIGURA 4 – Réplicas dos crânios de duas espécies fósseis de homínídeos do gênero *Paranthropus*: à esquerda *P. robustus* (2Maa) e à direita *P. boisei* (2,3 Maa). Essas espécies vegetarianas possuem ancestrais comuns com a nossa espécie, mas não são nossos ancestrais diretos.

A existência de inúmeras espécies de hominídeos bípedes, muitos deles coexistindo na mesma época e local, e similarmente inteligentes (figura 5), nos traz reflexões sobre o passado de nossa linhagem e nossa existência atual. A linhagem humana, que se divergiu do chimpanzé pelo menos há 6 milhões de anos, ocupou ambientes diferentes da floresta equatorial, sendo muito bem sucedida evolutivamente. Com o aumento do cérebro e a diversificação de espécies, principalmente a partir de 2 *Maa* com as primeiras espécies do gênero *Homo*³, houve uma provável especialização a nichos particulares, com o uso cada vez mais importante do intelecto para a obtenção de recursos alimentares como na caça e coleta, na fuga de predadores e para a vida em sociedade. Há 40 mil anos (*Kaa*) os Neandertais (*Homo neanderthalensis*) já conviviam com os *Cro-Magnon* (*Homo sapiens*, homem moderno que veio da África). No entanto, há 28 mil anos, pela ausência de fósseis de neandertais na Europa, infere-se a sua extinção no Velho Mundo. Já, há 13 mil anos, também se extinguiu o Homem de Flores (*H. floresiensis*) na Indonésia, sem registro de contato com o *H. sapiens*. As evidências fósseis e alguns registros arqueológicos

3. Nota do autor: Existe uma grande discussão sobre a taxonomia do gênero *Homo*. A espécie *H. habilis* é frequentemente incluída no gênero *Australopithecus*, e o *Homo erectus* tem sido subdividido em inúmeras outras espécies (HOLLOX et al., 2013).

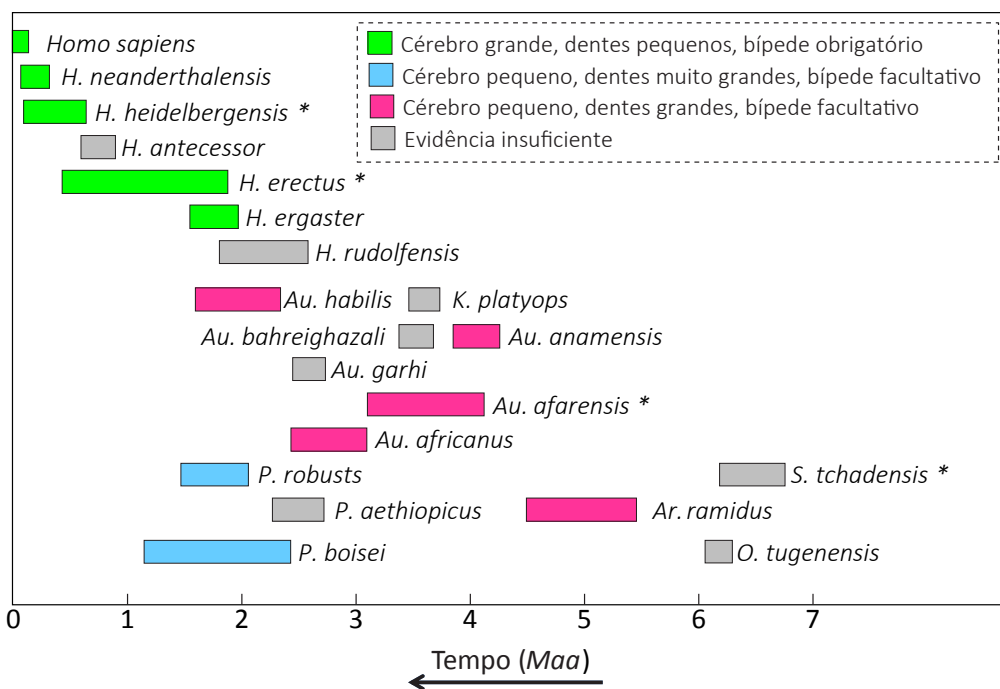


FIGURA 5 – Cronologia da ocorrência de espécies da linhagem humana encontradas nos últimos 7 milhões de anos (do Mioceno ao Holoceno). Várias espécies de hominídeos bípedes coexistiram em determinados momentos, mas apenas uma espécie em cada período (as mais prováveis estão marcadas com *) pode se encaixar na linhagem ancestral direta do homem anatomicamente moderno.

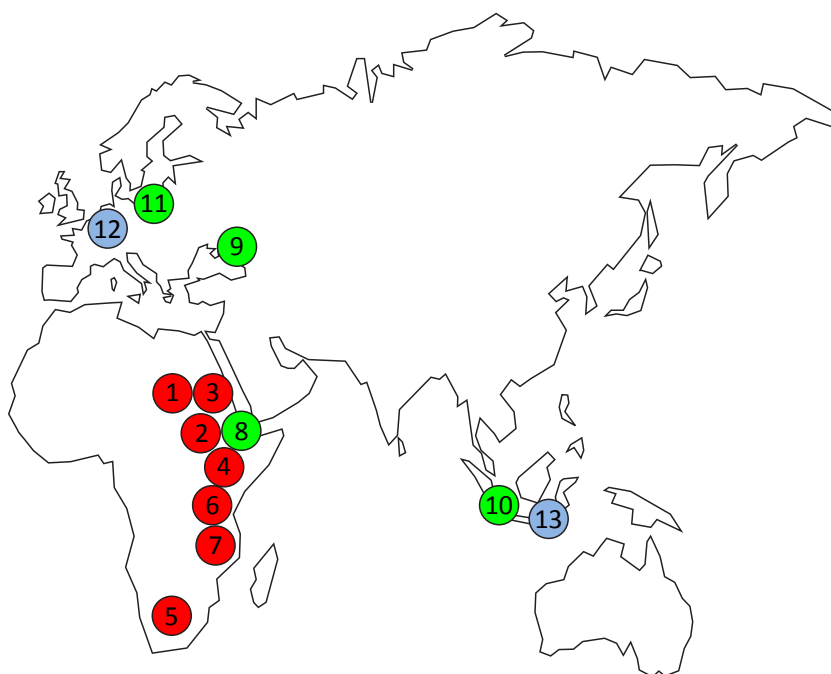


FIGURA 6 – Mapa de ocorrência de algumas espécies fósseis da linhagem humana descritas para os últimos 7 milhões de anos. Em vermelho, espécies exclusivamente africanas - 1: *Sahelanthropus tchadensis* de ~6,5 Maa, 2: *Orrorin tugenensis* de ~5,5 Maa, 3: *Ardipithecus ramidus* de 4 a 3 Maa, 4: *Australopithecus afarensis* de 3 a 2 Maa, 5: *Au. africanus* de 3 a 2 Maa, 6: *Paranthropus robustus* de 2 Maa, 7: *Homo* (ou *Australopithecus*) *habilis* de 2 a 1,8 Maa -; em verde as espécies (ou complexos de espécies) que foram encontradas tanto na África quanto Eurásia - 8: *Homo erectus* de 1,8 a 0,2 Maa, 9: *H. ergaster* de 1,8 a 1,6 Maa, 10: *H. javanensis* de 1,4 Maa, 11: *H. heidelbergensis* de 800 a 200 Kaa - e em azul, espécies derivadas de variantes de *Homo erectus* na Europa e na Indonésia - 12: *H. neanderthalensis* de 200 a 28 Kaa, 13: *H. floresiensis* de 23 a 13 Kaa.

indicadores de um comportamento social similar entre essas espécies sugerem uma potencial competição interespecífica por recursos obtidos pelo uso do intelecto e da cognição do meio ambiente. Essa competição pode ser exemplificada em tempos mais recentes pelas disputas registradas por território e outros recursos entre populações humanas no período histórico, quando populações indígenas foram aniquiladas (ou quase) por populações dominadoras (conquistadores).

Entre os hominídeos fósseis conhecidos, todos são encontrados exclusivamente na África entre 7 e 1,8 Maa. A partir de 1,8 Maa, algumas variedades de *H. erectus* (*H. ergaster*, *H. heidelbergensis*, *H. antecessor* etc), com volumes cerebrais acima de 850 cm³, passaram também a ser encontradas na Europa e Ásia (figura 6). Isso situa a África como centro de origem e diversificação dos primeiros hominídeos, mas também demonstra uma história de dispersão fora da África em diferentes momentos, a partir de 1,8 Maa.

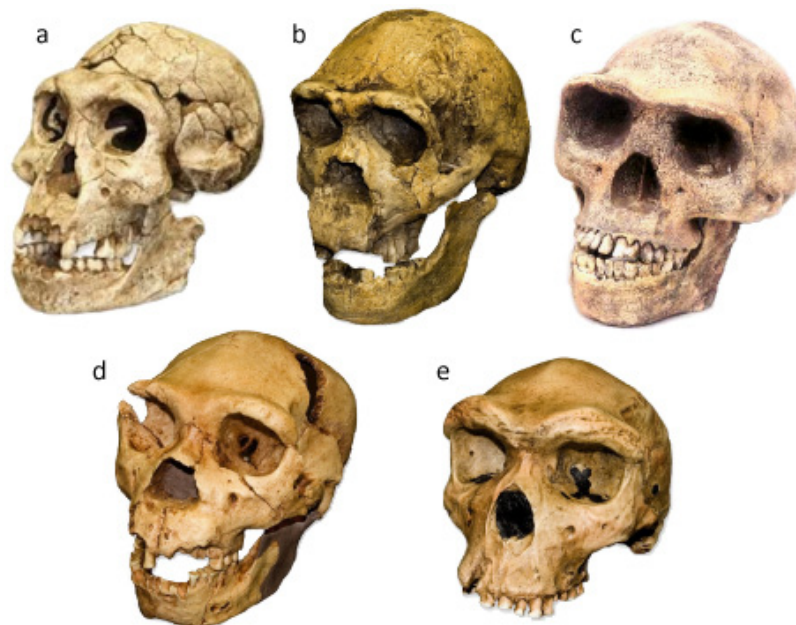


FIGURA 7 – O que chamamos genericamente de *Homo erectus* é atualmente considerado um complexo de espécies que representam diferentes variedades temporais e geográficas: a) *H. ergaster* de 1,8 Maa de Dmanisi, Georgia, Europa; b) *H. ergaster* de 1,7 Maa de Koobi Fora, Quênia, África; c) *H. pekinensis* de 700 Kaa de Zhoukoudian, China, Ásia; d) *H. heidelbergensis* de 350 Kaa de Atapuerca, Espanha, Europa; e) *H. rhodesiensis* de 300 Kaa de Kabwe, Zâmbia, África.

A paleoantropologia considera, atualmente, *Homo erectus* um complexo de várias espécies, portando cérebros grandes e nomes diferentes, abrangendo fósseis de 2 Maa a 200 Kaa que ocuparam diferentes partes da África, Ásia e Europa (figura 7). As formas mais antigas da África e da Europa são muitas vezes chamadas de *Homo ergaster*, possuindo cérebros um pouco menores (~900 cm³) do que as formas mais recentes, tal como o *Homo heidelbergensis* da Europa (~1190 cm³) ou o *Homo rhodesiensis* (~1230 cm³) da África (figura 7). Por causa dos tamanhos dos cérebros que se superpõem aos tamanhos encontrados atualmente em alguns humanos modernos⁴, esses *H. erectus* mais recentes já foram chamados de *H. sapiens* arcaicos, juntamente, por exemplo, com o *Homo neanderthalensis* da Europa e do Oriente Médio.

O complexo de espécies do *Homo erectus* está no cerne da discussão sobre a origem do homem moderno, o *Homo sapiens* (figura 8). Nessa discussão, também está sempre presente o homem de Neandertal, que para a maior parte dos pesquisadores seria descendente do *H. erectus* europeu ou *H. heidelbergensis*, mas não seria ancestral

4. Nota do autor: O cérebro humano moderno varia entre 1000 e 1900 cm³

direto do homem moderno (*H. sapiens*). Para uma minoria de pesquisadores defensores do modelo multirregional de origem do *H. sapiens*, o homem de Neandertal seria o ancestral do moderno homem europeu, assim como outras variedades de *H. erectus* da Ásia seriam ancestrais dos homens modernos asiáticos.

Independentemente da interpretação do registro fóssil acerca da origem do homem, todos os pesquisadores aceitam que o homem anatomicamente moderno (*Homo sapiens*) apareceu inicialmente na África. Os fósseis mais antigos de *H. sapiens* são encontrados no rio Omo, na Etiópia, e foram datados ao redor de 190 Kaa (figura 8). Esses crânios recuperados demonstram todas as características presentes no homem moderno, embora apresentem ossos mais robustos e cérebros maiores do que a média atual. Recentemente, estudos paleoantropológicos demonstraram que a espécie humana apresentou uma redução de até 10% da massa cerebral nos últimos 10 mil anos, hoje com média de 1350 cm³ (LIU et al., 2014). Os maiores volumes cerebrais registrados estão na espécie do homem de Neandertal (*H. neanderthalensis*), de 80 a 30 Kaa, com média de 1450 cm³, e entre os *H. sapiens* da Europa (homem de Cro-Magnon), de 30 a 20 Kaa, que possuíam média de 1500 cm³ de cérebro.

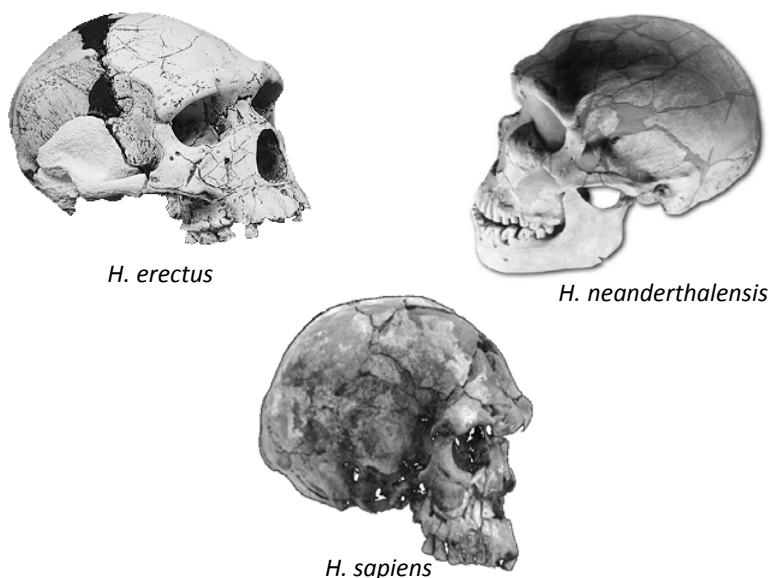


FIGURA 8 – A origem do homem anatomicamente moderno (*Homo sapiens*) remonta a 190 Kaa no vale do rio Omo da Etiópia (nordeste da África). Esses indivíduos possuíam cérebro maior do que a média atual e várias características morfológicas compartilhadas com o homem de hoje. Acima, um crânio de *H. sapiens* da Etiópia de 160 Kaa é comparado com um *H. erectus* africano de 500 Kaa e o *H. neanderthalensis* europeu de 100 Kaa, espécies essenciais para a compreensão da origem da espécie humana.

A origem do homem moderno

Nossa espécie é de origem recente, não mais do que 200 mil anos, fato corroborado por vários estudos de genética e paleoantropologia. No tocante ao homem moderno, levando-se em conta todas as populações atuais, considera-se que ele pertence à espécie *Homo sapiens*, também conhecida pelos paleoantropólogos como “homem anatomicamente moderno”. Alguns raros pesquisadores sustentavam a ideia de que os homens atuais deveriam ser considerados uma raça ou subespécie, o *Homo sapiens sapiens*, pois acreditavam que o homem de Neandertal seria outra raça extinta recentemente, o *Homo sapiens neanderthalensis*. No entanto, dados arqueológicos, paleoantropológicos e estudos genéticos atuais mostram para uma separação bem antiga entre essas duas linhagens, que, embora tenham convivido por 5.000 anos na Europa, não se hibridizaram de maneira significativa. Portanto, essas duas linhagens de homínidos são atualmente consideradas, na nomenclatura científica, duas espécies distintas, *Homo sapiens* e *Homo neanderthalensis*.

A história da nossa espécie é objeto de investigação de várias disciplinas que se baseiam nos vestígios deixados pelos humanos no passado. Como vimos no tópico anterior, a paleoantropologia descobriu uma série de evidências fósseis que foram úteis para demonstrar a origem africana da linhagem humana, mas também dispomos atualmente de várias outras evidências que se complementam para detalhar um pouco mais essa história, principalmente no que diz respeito à origem de nossa espécie e como ela povoou todos os continentes. Assim, evidências de arqueologia, genética e linguística se somam aos dados de antropologia física (morfologia e paleoantropologia) para a reconstrução histórica do passado de nossa espécie.

No entanto, a origem do homem moderno, ou seja, a transição de *Homo erectus* para *Homo sapiens*, é questão mais debatida nesses estudos multidisciplinares. Há dois modelos diferentes que interpretam as evidências disponíveis de formas distintas quanto à origem da espécie humana, embora ambas considerem a África o berço da humanidade. O modelo Multirregional (ou fora da África antiga) indica que a espécie *H. sapiens* se originou dos vários *H. erectus* e dos seus descendentes, que já estavam na Ásia e Europa há até 1,8 milhão de anos. O modelo Fora da África Recente (ou da substituição) considera que o homem moderno se originou há apenas 200 mil anos, na África, exclusivamente do *H. erectus* africano (Jobling et al., 2013).

O modelo Multirregional enuncia que esses homens anatomicamente modernos teriam surgido paralelamente em distintos pontos do planeta, originados das populações de *Homo erectus*, que desde 1,8 *Maa*, teriam dispersado da África para Ásia e Europa (figura 9). Nesse modelo, a anatomia moderna também surgiu ao redor de 190 *Kaa* na África, mas isso não marcaria a origem de nossa espécie, que seria mais antiga, ao redor de 1,8 *Maa*, quando os fósseis desses hominídeos eram conhecidos como *Homo erectus*. Os defensores desse modelo reivindicam que todas as populações de *Homo erectus* situadas na África, Ásia e Europa teriam desenvolvido, ao longo do tempo, um cérebro maior e características anatômicas modernas comuns porque havia um alto fluxo gênico entre as populações dos distintos continentes. Para o modelo Multirregional, o homem de Neandertal não teria sido extinto e substituído pelo homem moderno, mas seria seu ancestral imediato, mais especificamente, ancestral dos europeus modernos.

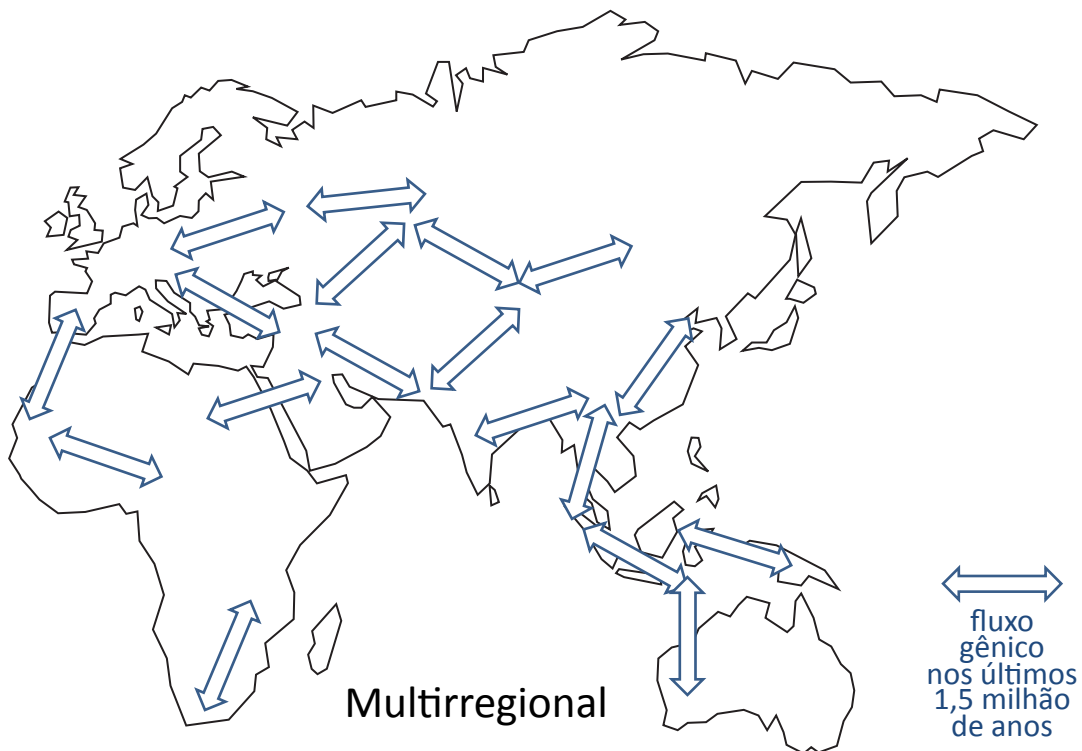


FIGURA 9 – Modelo Multirregional para a origem do homem moderno. As populações nativas de cada continente se originaram das linhagens de *Homo erectus* que estavam em cada local e evoluíram como uma única espécie por causa de um grande fluxo gênico inter e intracontinental.

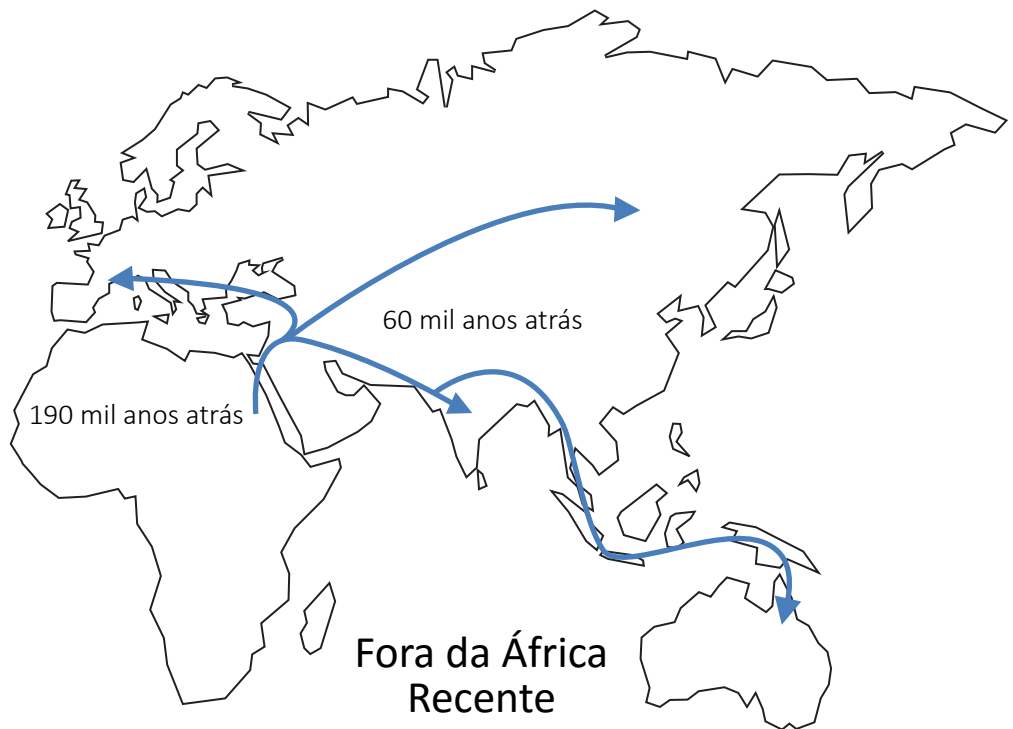


FIGURA 10 –Modelo Fora da África Recente para a origem do homem moderno. As populações nativas de cada continente se originaram da linhagem de *Homo erectus* africano há aproximadamente 200 mil anos, ocupando os demais continentes nos últimos 60 mil anos.

O *Homo sapiens* aparece no registro fóssil ao redor de 190 *Kaa* na Etiópia, nordeste da África. Esses ossos fósseis, principalmente crânios, são identificados por uma série de características anatômicas que, para a maioria dos paleoantropólogos, indica o aparecimento do homem anatomicamente moderno, e, por isso, nossa espécie é considerada muito recente em termos evolutivos (modelo Fora da África Recente - figura 10). Esse modelo enuncia que migrações de homens anatomicamente modernos saídos da África ocorreram a partir de 60 *Kaa*, culminando com o aparecimento do homem moderno na Europa (homem de *Cro-Magnon*) ao redor de 40 *Kaa*, quando foi contemporâneo do homem de Neandertal. Portanto, no modelo “Fora da África Recente”, os homens modernos substituem as populações dos descendentes de *H. erectus* que já habitavam também a Europa e a Ásia, tal como o Neandertal.

Evidências genéticas da evolução humana

Os vestígios investigados pela genética se encontram nos genomas das populações humanas que registram nosso passado na forma de variações de seqüências de DNA dos cromossomos. A análise dessas variações é usada para traçar as migrações das populações e a origem de nossa espécie. No entanto, os movimentos migratórios iniciados pelas explorações marítimas no final do século XV desencadearam um processo de miscigenação que foi altamente intensificado recentemente pelo uso de vários meios de transporte. Para a genética de populações, essas migrações representaram o aumento do fluxo gênico entre diferentes grupos étnicos de diferentes continentes, um fator que mascara o registro histórico preservado no genoma das populações formadas antes da Era Contemporânea. As populações indígenas (nativas ou aborígenes) se mantiveram relativamente isoladas por vários milênios após terem-se estabelecido nos cinco continentes durante nossa pré-história. As evidências atuais indicam que o povoamento dos continentes teria ocorrido durante os últimos 100 mil anos e se dado a partir da África, local de origem do homem anatomicamente moderno. Para desvendar o nosso passado no âmbito da genética histórica, faz-se necessário o estudo de variações no DNA de populações indígenas ou aborígenes que representam o legado genético dessa época anterior aos movimentos migratórios dos últimos 500 anos. Dessa forma, nos estudos genético-evolutivos, são analisadas, por exemplo, populações isoladas de Portugal e Inglaterra que representam os aborígenes da Europa ou de índios amazônicos e andinos, que são aborígenes das Américas. Embora não exista um registro histórico (escrito) de muitos movimentos migratórios antigos de nossa espécie, as evidências genéticas devem ser comparadas e complementadas com outros estudos da arqueologia, linguística, etnologia e paleoantropologia.

Atualmente, muitas evidências genéticas da evolução humana se baseiam em marcadores genéticos uniparentais que reconstróem a história das linhagens maternas (Cann *et al.*, 1987), representadas pelas variantes de DNA mitocondrial (DNAmt), e das linhagens paternas, com dados de variações do cromossomo Y (Santos *et al.*, 1996). Essas linhagens são segmentos de DNA transmitidos ao longo das gerações, que não sofrem influência da recombinação, pois são regiões efetivamente haploides, isto é, possuem uma única cópia (Y), ou único tipo (DNAmt), por genoma, ao contrário dos

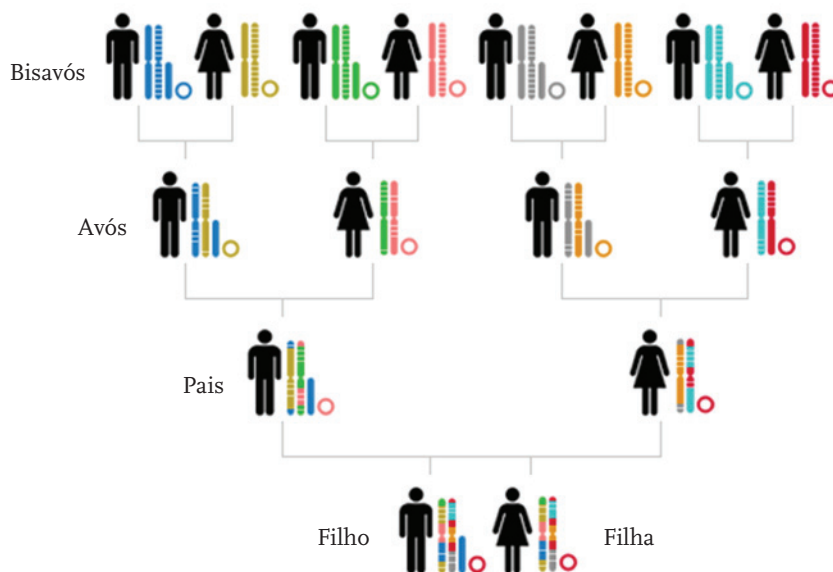


FIGURA 11 – Herança cromossômica através de quatro gerações: estão ressaltados os marcadores biparentais (pares cromossômicos maiores encontrados em homens e mulheres), uniparentais paternos (cromossomo Y que é menor e encontrado somente nos homens) e maternos (DNA mitocondrial, representado por um círculo e é encontrado nos homens e mulheres, mas herdados apenas das mães). Os autossomos (cromossomos biparentais maiores) podem sofrer recombinação a cada geração, ilustrados aqui com diferentes cores definidas na geração dos bisavós. A geração atual (filho e filha) apresentam autossomos compostos de fragmentos de diferentes cores, que representam a recombinação entre cada par autossômico (cromossomos 1 ao 22) a cada geração. O cromossomo Y e o DNA mitocondrial são herdados de apenas um dos pais (pai e mãe, respectivamente) em cada geração, sem recombinação.

pares cromossômicos de 1 a 22. Conseqüentemente, esses segmentos de DNA são herdados de apenas um dos genitores: o cromossomo Y é sempre herdado do pai pelos filhos, e o DNA mitocondrial é sempre herdado da mãe pelos filhos e filhas (figura 11). Por essas características, as linhagens do Y e DNAm_t acumulam variações genéticas sequencialmente ao longo das gerações, uma propriedade que possibilita, por exemplo, o mapeamento de rotas migratórias e determinação do local de origem de nossa espécie. Além disso, sabendo-se que haverá mais mutações quanto mais gerações se passarem, pode-se fazer uma datação da origem dessas linhagens e, conseqüentemente, inferir uma data aproximada da origem da nossa espécie. As linhagens maternas (matrilinhagens) e linhagens paternas (patrilinhagens) podem contar histórias distintas, mas complementares sobre a evolução do homem moderno.

As análises de linhagens uniparentais começam com a caracterização das variações (mutações) em diferentes posições do Y e do DNAm, que são conhecidas como alelos. A combinação de vários alelos em diferentes posições do DNA é conhecida como haplótipo, que determina um tipo específico de cromossomo Y ou DNAm. Esses haplótipos correspondem a indivíduos, e cada população pode ser então definida por um conjunto de haplótipos. A genética de populações utiliza-se da relação genealógica entre os haplótipos e de sua distribuição nas populações de diferentes regiões do planeta para traçar a pré-história humana, elucidando as rotas migratórias até nossa origem mais remota.

O grupo do Dr. Alan Wilson, do Havaí, nos EUA, publicou há 3 décadas o primeiro estudo célebre com linhagens maternas em evolução humana. A análise do DNAm de populações indígenas de todos os continentes indicou uma origem africana e recente (menos de 200 mil anos) para a nossa espécie, estudo que ficou conhecido como a busca da “Eva” mitocondrial (Cann; Stoneking; Wilson, 1987). Posteriormente, com o estudo de variações do cromossomo Y humano em populações nativas humanas, vários grupos confirmaram nossa origem africana recente, ao redor de 150 *Kaa*, hipótese chamada metaforicamente de “Adão” genético (Santos *et al.*, 1996). Ambas as linhagens paternas e maternas se complementaram, indicando uma origem recente para a nossa espécie na África (figura 12).

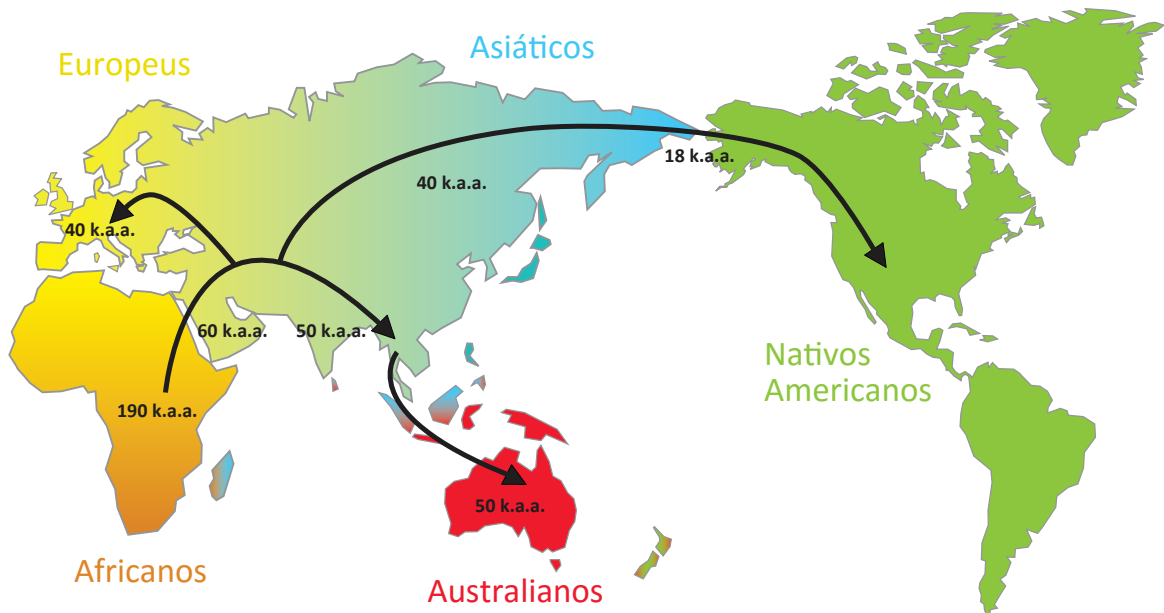


FIGURA 12 – Mapa das migrações humanas mostrando a origem do homem na África há ~200 mil anos, com posterior povoamento dos demais continentes a partir da África, iniciado há 60 mil anos.

Outro estudo recente do Projeto Genográfico (www.genographic.com) gerou e analisou dados de genomas mitocondriais completos em várias populações nativas africanas (Behar *et al.*, 2008). Nesse estudo, foi reafirmada a origem da espécie humana na África, ao redor de 190 mil anos atrás, provavelmente no nordeste africano, próximo da Etiópia. Esse estudo também demonstrou que pelo menos 2/3 de toda a história do homem moderno se deu exclusivamente na África (entre 190-60 *Kaa*), espalhando-se para os demais continentes apenas nos últimos 60 mil anos (figura 12). Esse e vários outros estudos genéticos também demonstram um momento crucial na história da humanidade, quando, ao redor de 65 *Kaa*, houve um grande declínio populacional que quase levou nossa espécie à extinção. As análises genéticas de reconstrução paleodemográfica sugerem que toda a população humana do final do Pleistoceno foi reduzida a apenas mil indivíduos (Hollox *et al.*, 2013). Alguns pesquisadores consideram como possíveis causas as mudanças climáticas abruptas do Pleistoceno e a explosão do supervulcão Toba, na Indonésia. A erupção do Toba, há ~70 mil anos, teria coberto o céu de cinzas por uma década ou mais, o que produziu um “inverno vulcânico” e afetou drasticamente várias espécies animais e vegetais no Velho Mundo, colocando a espécie humana à beira da extinção.

Análise de genomas antigos

Outra abordagem recente da genética, a arqueologia molecular, tem possibilitado o estudo do DNA de alguns fósseis não mineralizados e bem preservados em ambientes frios e secos, e solos congelados, por exemplo. Nesses primeiros estudos, utilizou-se o DNA antigo, ainda preservado, em ossos de homens de Neandertal para gerar sequências de DNAm, mas, em estudos mais recentes, sequências parciais do genoma nuclear foram também gerados. Os Neandertais eram provavelmente muito inteligentes, com o cérebro em média maior do que o dos humanos atuais. O *Homo neanderthalensis* é normalmente considerado uma espécie com evolução separada da nossa, pelo menos dentro do modelo Fora da África Recente. Isso significa que os homens de Neandertal não seriam nossos ancestrais diretos, mas contemporâneos dos ancestrais de europeus (os *Cro-Magnon*). No entanto, para a Teoria Multirregional, menos aceita, o homem de Neandertal seria ancestral direto das populações do homem moderno que

hoje habitam a Europa. Portanto, estudos de DNA do homem de Neandertal podem revelar detalhes importantes para compreender qual dos modelos de origem do homem moderno é mais adequado.

Analisando ossos antigos, foi possível recuperar e sequenciar o DNAmt de três exemplares de Neandertal. Esse primeiro estudo do grupo do Dr. Svante Paabo da Alemanha (Krings *et al.*, 1997) demonstrou que o Neandertal não se encaixava como possível ancestral direto, mas, sim, como um grupo de indivíduos de uma linhagem separada do homem moderno há mais de 500 mil anos (figura 13). Inúmeros estudos de genomas antigos foram publicados nos últimos dois anos, inclusive a análise de genomas completos de Neandertais (Sankararaman *et al.*, 2014; Prüfer *et al.*, 2014) e de outra linhagem da Sibéria, proximamente relacionada aos Neandertais, chamada de Denisovanos (Meyer *et al.*, 2012). As análises desses genomas antigos demonstraram que ocorreu alguma hibridização interespecífica entre o homem moderno e as linhagens de Neandertal e Denisovanos, provavelmente na região do Oriente Médio e Ásia Central, ao redor de 100 mil anos atrás. Isso resultou em um legado genético de menos de 4% de alelos derivados de outras espécies no genoma dos homens modernos, encontrados principalmente nas populações nativas (indígenas) de regiões de fora da África subsaariana.

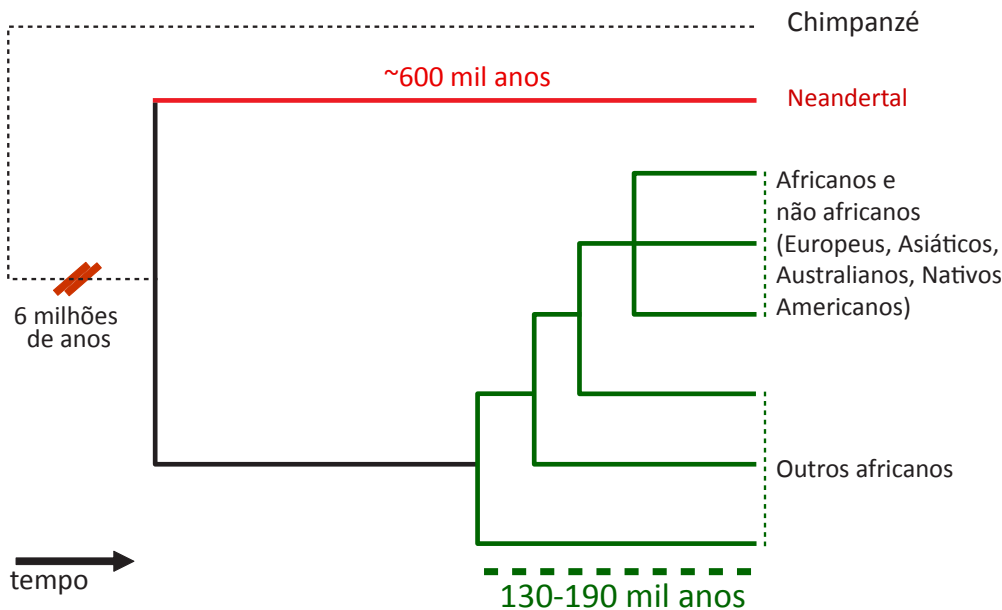


FIGURA 13 – Relação genealógica (filogenia) do DNAmt do Neandertal em relação à espécie humana. Esses dados indicam uma separação antiga dos homônios modernos (verde) e da linhagem neandertal (vermelho), sugerindo que os europeus não sejam descendentes diretos dos neandertais.

A identificação de algumas variações gênicas derivadas de Neandertais e Denisovanos levou a vários novos estudos e questionamentos do tipo: por que não há mais genes de Neandertais entre os indígenas europeus já que os humanos modernos conviveram entre 40 e 28 *Kaa* na Europa? Uma possível explicação é que essas linhagens já tinham isolamento reprodutivo completo nesse período, mas não em épocas anteriores a 100 *Kaa*. Outros estudos recentes indicaram que provavelmente esses genes de Neandertais e Denisovanos persistiram porque tiveram alguma importância adaptativa, como as variantes relacionadas à adaptação ao frio na Ásia e Europa (Meyer *et al.*, 2012; Prufer *et al.*, 2014). No entanto, essas conclusões ainda são preliminares e muitas novidades devem surgir ainda nesta década.

Diferenças biológicas entre populações continentais na espécie humana

As diferenças biológicas encontradas entre os vários povos da Terra são marcantes e foram utilizadas no passado para a atribuição de indivíduos a distintas “raças” humanas. Um estudo do fim do século XIX feito pelo alemão Ernest Haeckel, cientista com um grande viés lamarckista⁵, sugeria a existência de 12 “raças” humanas derivadas de uma população originada no “Paraíso”, para ele, próximo às ilhas Maldivas no Oceano Índico.

5. *Nota do autor:* Lamarck utilizava a ideia Aristotélica da *Scala Naturae*, que classifica populações e espécies em níveis hierárquicos de superioridade.

Em biologia evolutiva, sistemática e taxonomia, o termo “raça” é uma subdivisão da espécie, equivalente ao termo subespécie, embora nos processos de seleção artificial e domesticação de animais, raças veterinárias podem ter inúmeros outros significados. A “raça” na biologia evolutiva resulta de processos de divergência populacional, principalmente por seleção natural e deriva genética. Esse termo é mais apropriadamente aplicado a populações (ou grupos) geograficamente restritas que possuem um isolamento reprodutivo significativo em relação a outras populações. Portanto, “raças” biológicas surgem no caminho da especiação, sendo muitas vezes reconhecidas como espécies incipientes (ou quasi-espécies). Espécies silvestres, que possuem subespécies (raças) bem definidas, têm geralmente origem muito antiga (milhões de anos), com populações apresentando grande divergência genética acumulada durante várias gerações de isolamento. Nas espécies reconhecidas de acordo com o conceito biológico de

espécie, essa diferenciação de subespécies deve resultar no início da formação de algumas barreiras reprodutivas. Esse é o caso do chimpanzé, espécie que é dividida em três subespécies (raças), que, à primeira vista, para nós são muito semelhantes (Templeton, 2013). Outras divisões populacionais claras são também encontradas entre os gorilas e os orangotangos, mas não na espécie humana. Entre nossa espécie e o chimpanzé, ou entre o chimpanzé e o gorila, o isolamento reprodutivo é completo, e espera-se que algumas dificuldades reprodutivas apareçam entre subespécies de primatas, gerando um fenômeno deletério chamado de depressão exogâmica. No entanto, não há qualquer indício de que existam barreiras reprodutivas entre quaisquer indivíduos de populações humanas nativas (indígenas, não miscigenadas) de diferentes continentes.

Com o avanço do projeto genoma humano (e outras espécies de macacos) e a descrição de muitas variações de sequências, verificou-se que a nossa espécie, o *Homo sapiens*, tem variabilidade genética muito menor do que as outras espécies de grandes macacos, principalmente o chimpanzé. Isso reflete o fato de que o homem moderno surgiu em um tempo mais recente (~200 mil anos atrás) do que os demais macacos, e, portanto, pouca variabilidade foi acumulada em nossa espécie, resultando em menor divergência genética entre as populações. A divergência em nossa espécie pode ser analisada observando-se a partição da variabilidade genética em diferentes níveis: dentro das populações ou individual, entre as populações e entre os grupos geográficos/continentais, que seriam as supostas “raças” (figura 14). Para todos os dados genéticos utilizados, observa-se em média uma grande variabilidade interindividual, uma menor variabilidade interpopulacional e uma variabilidade insignificante entre grupos continentais (indígenas) na espécie humana (Templeton, 2013). Esses dados indicam que não há divergência suficiente (significativa) para identificar raças biológicas (subespécies) na espécie humana, tal como existe, por exemplo, nos chimpanzés, uma linhagem antiga (mais de 1 milhão de anos), cuja divergência entre populações e agrupamentos geográficos é muito maior e significativa (figura 14), embora os chimpanzés estejam restritos a uma floresta africana e a espécie humana esteja distribuída por todos os continentes.

De qualquer maneira, nossa espécie tem algumas características compartilhadas entre indivíduos nativos (indígenas) de cada continente. Muitas dessas características são diferenças aparentes entre continentes, que refletem a ocupação de regiões do

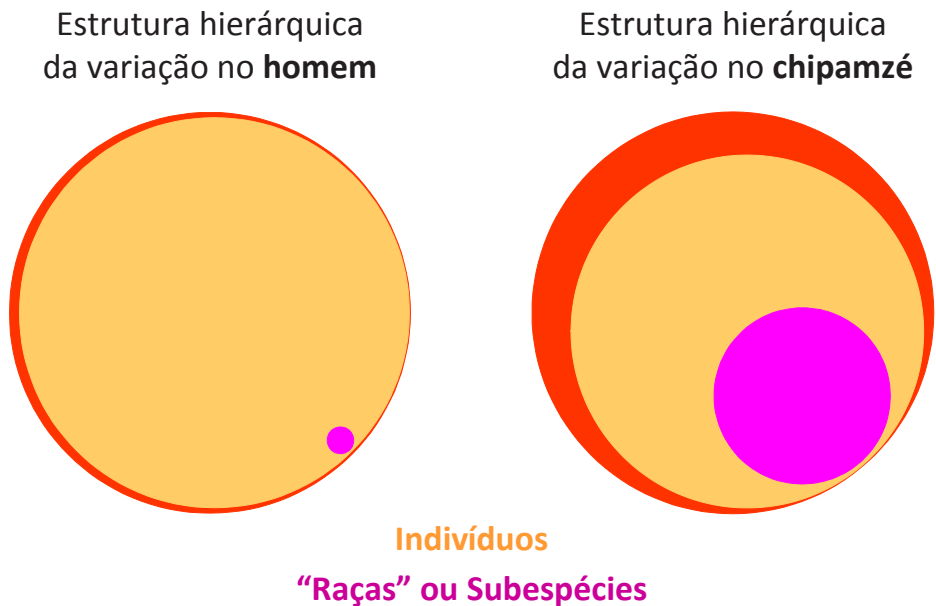


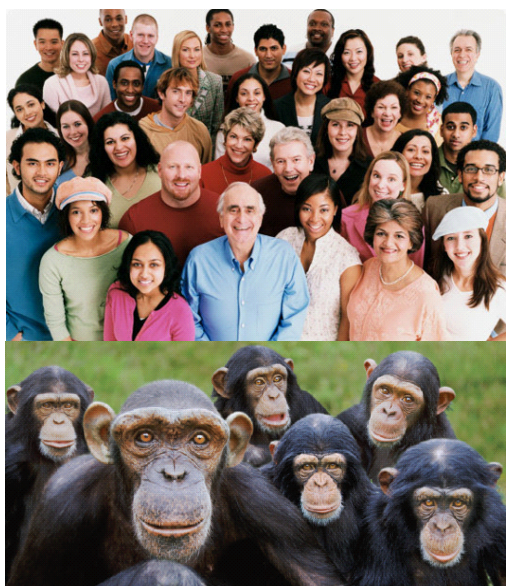
FIGURA 14 – Hierarquia das diferenças genéticas no homem e no chimpanzé, ressaltando a porcentagem das variações que ocorre entre indivíduos (laranja) e entre “raças”, agrupamentos geográficos ou subespécies (púrpura). A diversidade genética total está representada como o círculo maior em vermelho.

globo, com clima, relevo, umidade e fontes de alimentos diferentes. Isso se deve principalmente às migrações humanas nos últimos 60 mil anos, quando alguns de nossos ancestrais deixaram a África (Templeton, 2013). Variações neutras ou adaptativas sutis foram fixadas em diferentes povos continentais, tais como a pigmentação da pele com mais melanina, que confere proteção à radiação solar, ou com menos melanina, que favorece a síntese de mais vitamina D na pele, em situações de pouca iluminação solar. Esse tipo de variação adaptativa não é tão aparente nos grandes macacos (chimpanzés, gorilas e orangotangos) justamente porque o ambiente onde vivem é relativamente homogêneo, a floresta tropical, o que os deixam sujeitos a pressões seletivas muito parecidas. Outras diferenças que notamos em nossa própria espécie se devem a aspectos psicológicos de reconhecimento do grupo (figura 15). Por isso ressaltamos desigualdades, mesmo que muito pequenas, na espécie humana.

O passado e o futuro da espécie humana

Nossa espécie possui uma rica evidência fóssil, que não é encontrada para as outras espécies de primatas. Isso porque ela foi sujeita a inúmeros estudos genéticos interpopulacionais e comparações genômicas com outras espécies vivas e extintas para compreensão da peculiar natureza humana. No início do século XXI, temos uma riqueza de detalhes sobre esse passado, que é muito mais complexo do que imaginávamos há menos de três décadas, e podemos vislumbrar um grande aumento desse conhecimento com as novas metodologias genômicas e análises computacionais que estão sendo desenvolvidas.

A curiosidade e o questionamento humano nos levam a investigar nossas origens que também nos ensinam sobre o que podemos esperar em nosso futuro. Somos a única espécie remanescente de uma linhagem de primatas bípedes que, por meio da inteligência, construiu um nicho único neste planeta. A análise detalhada desse passado de espécies diversas e relacionadas e das relações entre populações da espécie humana moderna sugere a existência exclusivista de uma espécie inteligente em sociedade, que depende da modificação artificial do ambiente ao seu redor, em prol de sua sobrevivência e reprodução. Cabe à sociedade utilizar esse conhecimento científico para ajudar a traçar um futuro que garanta o benefício coletivo da humanidade.



Existe uma grande diversidade aparente entre indivíduos da espécie humana, que é ainda maior, do ponto de vista genético, entre chimpanzés. As diferenças individuais são muito mais notáveis e reconhecidas entre os membros de uma mesma espécie.

Agradecimentos

Agradeço ao CNPq pela bolsa de pesquisa, aos colegas do Instituto de Ciências Biológicas da UFMG, pelas discussões, e à bióloga Betânia Sousa, pela revisão do texto final e sugestões.

Referências

- BEHAR, D. M. et al. The Dawn of Human Matrilineal Diversity. *American Journal of Human Genetics*, v. 82, p. 1130-1140, 2008.
- CANN, R. L.; STONEKING M.; WILSON A. C. Mitochondrial DNA and human evolution. *Nature*, v. 325, p. 31-36, 1987.
- DARWIN, C. *The Descent of man and selection in relation to sex*. Ed. John Murray, Londres, Reino Unido, 1871.
- GROSS, M. The paradoxical evolution of agriculture. *Current Biology*, v. 23, p. R667-R670, 2013.
- HUXLEY, T. H. *Evidence as to Man's place in nature*. Ed. Williams & Norwood. Londres, Reino Unido, 1863.
- JOBLING, M. et al. *Human Evolutionary Genetics*. Ed. Garland Science, New York, EUA, 2013.
- KRINGS, M. et al. Neandertal DNA sequences and the origin of modern humans. *Cell*, v. 90, p. 19-30, 1997.
- LIU, C. et al. Increasing breadth of the frontal lobe but decreasing height of the human brain between two Chinese samples from a Neolithic site and from living humans. *American Journal of Physical Anthropology*, v. 154, p. 94-103, 2014.
- MEYER, M. et al. A high-coverage genome sequence from an archaic Denisovan individual. *Science*, v. 338, p. 222-226, 2012.
- MORA, C. et al. How Many Species Are There on Earth and in the Ocean? *PLoS Biology*, v. 9, p. e1001127, 2011.
- PRÜFER, K. et al. The complete genome sequence of a Neanderthal from the Altai Mountains. *Nature*, v. 505, p. 43-49, 2014.
- ROBSON, S. L.; WOOD, B. Hominin life history: reconstruction and evolution. *Journal of Anatomy*, v. 212, p. 394-425, 2008.
- SANKARARAMAN, S. et al. The genomic landscape of Neanderthal ancestry in present-day humans. *Nature*, v. 507, p. 354-357, 2014.
- SANTOS F. R. et al. Worldwide distribution of human Y-chromosome haplotypes. *Genome Research*, v. 6, p. 601-611, 1996.

SANTOS, F. R.; DIAS, C. *Fascículo – Evolução*. Ed. CAED-UFMG, Belo Horizonte, Brasil, 2013.

TEMPLETON, A. R. Biological races in humans. *Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*, v. 44, p. 262-271, 2013.

WILLIAMS, B. A. et al. New perspectives on anthropoid origins. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, v. 107, p. 4797-4804, 2010.