

A ORIGEM DO *HOMO SAPIENS* *SAPIENS*: UMA QUESTÃO AINDA NÃO ESCLARECIDA

Diogo Meyer

RESUMO: Quando e onde teriam se originado os humanos modernos aos quais atribuímos o nome de *Homo Sapiens Sapiens*? Respostas para estas questões são buscadas na análise de genes de populações vivas e no estudo de fósseis. Entretanto, estudos genéticos e paleo-anropológicos tem sido utilizados para sustentar modelos radicalmente diferentes sobre o local e a data de origem da nossa espécie. Este artigo apresenta as posições conflitantes e as técnicas utilizadas para fundamentá-las.

UNITERMOS: Antropologia Evolutiva - Origem do *Homo sapiens sapiens* - Antropologia Genética - Paleontologia.

O estudo¹ da evolução do homem busca inserir a espécie à qual pertencemos na história evolutiva dos seres vivos, visando determinar quando e onde teríamos começado a nos transformar na espécie que somos hoje, além de compreender os processos evolutivos envolvidos nessa transformação.

As questões sobre as nossas origens podem ser estendidas indefinidamente para trás no tempo, uma vez que a compreensão de fenômenos como o próprio surgimento da vida são respostas para explicar como os homens e as demais espécies que habitam ou já habitaram a Terra puderam se originar. Vê-se portanto que é necessário para os cientistas circunscreverem uma série de etapas do

processo de transformação das espécies e a estes se dirigir com uma metodologia adequada para a sua investigação.

Uma das etapas à qual diversos grupos de pesquisadores vem se dedicando é o estudo da transformação de *Homo erectus* em *Homo sapiens*. Os *Homo erectus* são geralmente aceitos como os hominídeos a partir dos quais os *Homo sapiens* se originaram (para uma oposição a esta visão ver Clarke, 1990). Esta visão se fundamenta em aspectos morfológicos e temporais das relações entre os fósseis de *Homo erectus* e *Homo sapiens sapiens*: os *Homo erectus* antecedem os *Homo sapiens sapiens* no registro fóssil por mais de um milhão de anos. Além disso, há uma série de fósseis anteriores ao surgimento dos primeiros registros de *Homo sapiens sapiens* que são denominados "formas de transição", pois apresentam morfologias intermediárias entre *erectus* e *sapiens*. Os humanos atuais

1 - Este trabalho foi elaborado graças à bolsa de mestrado concedida pela CAPES ao autor. Agradeço ao Dr. João S. Morgante e ao Dr. Walter A. Neves pelas críticas e revisão do texto.

seriam portanto descendentes dos *Homo erectus*, porém permanece a controvérsia sobre *quando e onde* teriam se originado.

Os dois principais modelos para explicar a origem de *Homo sapiens sapiens* são freqüentemente denominados de **monogênese africana** (ou "out of Africa") e **multi-regional**.

Os proponentes do modelo "out of Africa" acreditam que a transformação de *Homo erectus* em *Homo sapiens sapiens* ocorreu na África, a cerca de 200.000 anos atrás. Essa transformação não teria ocorrido em nenhuma outra região do planeta. A distribuição atual de nossa espécie é então associada ao êxodo dos *Homo sapiens sapiens* da África para as outras regiões do mundo, onde gradualmente substituíram as populações arcaicas com as quais se deparavam. A diversidade biológica que hoje encontramos ao comparar diferentes populações humanas seria consequência de uma divergência posterior que ocorreu entre as populações de diferentes localidades.

O modelo **multi-regional** sugere que a transformação de *Homo erectus* em *Homo sapiens sapiens* não foi um processo que ocorreu apenas na África. Pelo contrário, teria ocorrido "multi-regionalmente", em vários locais da Terra. A data aceita para a existência de um ancestral comum a todos os humanos vivos também é bastante diferente segundo este modelo: algo entre 800.000 a 1.000.000 de anos atrás, justamente a época em que os *Homo erectus* deixavam a África e colonizavam outras regiões do mundo. A diversidade genética e morfológica dos homens, que para os proponentes do modelo "out of Africa" tem uma origem recente, posterior à origem e à dispersão de *Homo sapiens sapiens* pela Terra, passa a ser explicada de uma maneira radicalmente diferente.

Para os multi-regionalistas, a diversidade genética e morfológica atualmente presente em nossa espécie (freqüentemente referida como diferenças raciais) deve ser remetida aos múltiplos processos de origem do *Homo sapiens sapiens* que ocorreram independentemente, em diferentes regiões da terra. Associado a cada evento de suposta especiação² estariam se originando as diferentes raças que hoje povoam a Terra.

Apesar de proporem explicações radicalmente diferentes sobre o local e o tempo da origem da diversidade de nossa espécie, ambos os modelos se apóiam tanto em resultados obtidos por abordagens paleontológicas como em dados genéticos. Portanto o que está em jogo não é um confronto entre paleontólogos e biólogos moleculares, mas sim uma divergência acentuada na maneira de ler tanto os registros fósseis quanto os dados genéticos sobre a diversidade existente entre e dentro de populações vivas.

OS DADOS GENÉTICOS

Desde a década de 60 dados genéticos estão sendo utilizados para reconstruir a história do homem. Isto é possível pois variações entre genes de diferentes pessoas são herdadas, permitindo detectar a existência de grupos que compartilham genes, além de outros que diferem geneticamente. Estes dados podem ser úteis para inferirmos a trajetória evolutiva de nossa espécie.

Como marcadores para o estudo da diversidade genética foram utilizados desde dados de polimorfismos protéicos, isto é, informações sobre como proteínas variam entre indivíduos de diversas populações (Cavalli-Sforza et al 1988,

2 - o processo de originação de uma nova espécie.

por exemplo), até polimorfismos de seqüências de genes (ou seja, informações sobre como seqüências de DNA variam entre indivíduos) (Cann et al 1987; Vigilant et al 1991; Cavalli-Sforza et al, 1986).

Recentes estudos genéticos têm servido para reforçar as hipóteses dos cientistas que acreditam numa origem única, recente e africana para a nossa espécie (Cann et al, 1987; Vigilant et al, 1991). Estas pesquisas se baseiam na comparação de seqüências de DNA mitocondrial³ de indivíduos de diversas populações. Tal comparação revela a existência de diferenças entre seqüências de DNA de diferentes indivíduos, raramente havendo duas pessoas que apresentem genes idênticos, nem mesmo as que pertencem a uma mesma população. O DNA mitocondrial é utilizado para estes estudos evolutivos devido à sua grande variabilidade; outros genes humanos variam pouco e geralmente são encontrados em uma forma idêntica nas diferentes populações, não sendo útil para um estudo comparativo. Além disso, o DNA mitocondrial não recombina com outras moléculas, podendo, portanto, ser utilizado para datações moleculares absolutas sem o risco de ser uma "mistura" de informações de diferentes procedências.

As diferenças entre as seqüências de DNA são utilizadas para propor uma hipótese sobre as relações de parentesco, ou filogenéticas, existentes entre as populações estudadas. Uma maneira através da qual as relações filogenéticas podem ser sondadas é através da construção de uma árvore filogenética que relaciona as populações vivas entre si. Esta árvore pode ser construída

aplicando o princípio da *parcimônia* aos dados genéticos disponíveis. A árvore mais parcimoniosa é aquela que relaciona as diferentes seqüências de DNA de tal maneira que permite explicar a origem da diversidade observada através do menor número possível de *passos evolutivos* (neste caso isto equivale a dizer *alterações genéticas*).

Chegou-se assim a uma árvore da história das transformações do DNA mitocondrial que sugere haver duas grandes unidades às quais podemos remeter toda a diversidade hoje encontrada. Um desses grupos compreende as populações africanas sub-saharianas e o outro abrange todas as outras populações do mundo. Estes estudos também demonstraram que a diversidade genética entre os membros do grupo africano é extensa (Cann et al 1987; Vigilant et al, 1991), freqüentemente maior do que a diversidade genética observada em comparações interpopulacionais e sistematicamente maior do que qualquer outra variação intra-populacional. A leitura que emerge desses resultados é que a população africana existe há mais tempo e que pode, portanto, acumular mais mutações.

A abordagem genética permite ainda uma datação absoluta do último momento em que todos os indivíduos que tiveram os seus genes amostrados possuíram um ancestral comum. Isto é feito baseando-se na lógica do "relógio molecular". O raciocínio do relógio molecular postula que genes acumulam mutações a uma taxa constante, por exemplo acumulando cerca de três mutações a cada milhar de anos que passa. Conseqüentemente a divergência observada entre genes de duas espécies deve ser proporcional ao tempo pelo qual os genes vêm acumulando mutações. Quanto mais tempo passar, mais diferenças haverá entre os genes

3 - informações genéticas presentes no interior das mitocôndrias, as organelas responsáveis pelo suprimento energético de nossas células.

de diferentes populações ou espécies. Este relógio pode então ser *calibrado* da seguinte forma: uma espécie cuja seqüência de DNA mitocondrial é conhecida e que apresenta um registro paleontológico que permite-nos afirmar quando ela divergiu de nossa espécie (por exemplo o chimpanzé tem seus genes mitocondriais comparados com os dos humanos). A quantidade de diferenças detectadas acumularam desde que humanos e chimpanzés divergiram evolutivamente, à cerca de 4 milhões de anos. Chega-se assim a uma *taxa* que expressa como se dá o acúmulo de mutações por unidade de tempo, nos genes mitocondriais. Aceitando que esta taxa é constante para diferentes populações pode-se então inferir, a partir do nível de divergência genética apresentado entre duas populações, a quanto tempo elas divergiram uma da outra.

Os dados mais recentes deste tipo de abordagem sugerem que o ancestral comum aos humanos atuais viveu entre 166.000 a 249.000 anos atrás (Vigilant et al 1991).

Este conjunto de dados genéticos é utilizado para sustentar que a população africana foi a primeira a se diferenciar em *Homo sapiens sapiens*, que isto ocorreu há cerca de 200.000 anos e que toda a diversidade genética encontrada hoje em genes mitocondriais é resultante de alterações ocorridas em moléculas de DNA mitocondrial descendentes de uma "molécula mãe" africana. Uma importante implicação dessa interpretação dos dados genéticos é que os aderentes do modelo "**out of Africa**" não acreditam ter havido mistura de genes dos *Homo sapiens sapiens* que deixaram a África com as populações arcaicas com as quais se depararam, em outras regiões do mundo.

Uma série de oposições são feitas às bases genéticas que sustentam

o modelo "**out of Africa**". Se, por um lado, a ausência de recombinação devido ao modo de herança materno constitui uma vantagem do DNA mitocondrial para estudos evolutivos, por outro lado isto trás possibilidades de erros. Por serem transmitidos apenas através das linhagens maternas, genes mitocondriais tem uma maior probabilidade de serem perdidos na história evolutiva do que genes nucleares: "O DNA mitocondrial de humanos vivos pode facilmente ser reflexo de uma desconhecida (e impossível de conhecer) quantidade de perdas em linhagens sem filhas, ao invés de um processo de substituição sem mistura" (Wolpoff & Thorne, 1991).

Outra fonte de erros na interpretação dos dados genéticos é a própria metodologia empregada para inferir as histórias evolutivas das populações em estudo. Dados genéticos são geralmente usados para gerar filogenias através da utilização de *softwares* escolhidos. A utilização desses programas de computador apresenta o risco de poder gerar dados artefatuais, uma vez que os pesquisadores frequentemente não tem acesso ao tratamento matemático ao qual seus dados estão sendo submetidos. Templeton (1992) sugeriu que as filogenias obtidas até o momento através da análise dos dados de polimorfismo em DNA mitocondrial pelo programa PAUP (*Phylogenetic Analysis Using Parsimony*) são artefatuais e não refletem a maneira mais parcimoniosa de montar uma árvore filogenética para aqueles dados. Utilizando outra metodologia, a de *Nested Analysis*, outras filogenias são geradas, incompatíveis com o modelo "**out of Africa**".

A própria calibração dos relógios moleculares constitui outro tema envolto em discordâncias. A

datação absoluta, baseada na lógica do relógio molecular, tem como pré-requisito a aceitação que alterações em moléculas de DNA ocorram sob uma taxa constante, em diferentes linhagens evolutivas. Só assim estaríamos justificados em utilizar taxas estabelecidas para explicar a divergência entre humanos e chimpanzés, para a datação dos eventos de separação de populações humanas. Variações nas taxas de alterações genéticas comprometeriam as inferências feitas. Alterações no ritmo de evolução não são desconhecidas e portanto representam um problema para a utilização dessa abordagem (Lewin, 1990). Outro dado que recentemente começa a ser discutido e que terá que ser cuidadosamente analisado pelos que utilizarem DNA mitocondrial para estudos evolutivos é o fato da herança materna do DNA mitocondrial não ser tão rígida como se imaginava. Gyllenstem e colaboradores (1991) realizaram experimentos com duas espécies do gênero *Mus* (ratos) e verificaram que alguns indivíduos possuíam moléculas de DNA mitocondrial de origem paterna. A proporção dessas moléculas com relação às de origem materna era pequena (uma paterna para mil maternas) mas o suficiente para influenciar genealogias baseadas em DNA mitocondrial (Avisé, 1991).

Proponentes do modelo **multi-regional** estão gradualmente identificando mais dificuldades na utilização de dados genéticos para sustentar o modelo "out of Africa", mas seus principais trunfos ainda vêm da abordagem paleontológica.

OS DADOS PALEONTOLÓGICOS

Wolpoff e Thorne (1991) argumentam que o modelo "out of Africa" permite fazer uma série de previsões que podem ser testadas ao

analisarmos o registro fóssil. Um importante conceito dos defensores do modelo "out of Africa" é de que teria havido uma substituição de formas arcaicas do gênero *Homo* pelos *Homo sapiens* modernos vindos da África. Isto implicaria numa maior semelhança entre as formas viventes de diversas regiões do planeta com formas africanas arcaicas, das quais teriam se originado, do que com formas arcaicas locais, que teriam sido eliminadas sem deixar descendentes. Wolpoff e seus colaboradores testaram esta hipótese. Medidas craniométricas de populações de diferentes regiões da terra foram comparadas com materiais arcaicos de origem africana e com materiais fósseis das mesmas localidades. Para cada estudo comparativo, seis diferentes medidas cranianas foram confrontadas. Seus resultados indicam uma maior semelhança entre formas viventes com os fósseis locais do que com as formas arcaicas africanas. Este resultado sugere uma continuidade morfológica associada a cada região e não um processo de substituição a partir de um estoque africano, como prevê o modelo "out of Africa".

A análise detalhada de material Europeu também trouxe oposições ao modelo de origem africana. Fósseis Neandertais frequentemente apresentam uma estrutura específica associada à abertura do canal do nervo mandibular. Essa estrutura é uma pequena "ponte" óssea. Sua presença em Neandertais e em formas modernas de europeus ganha importância diante de sua raridade em espécimes africanos arcaicos, além de também ser rara em formas asiáticas. Isto sugere que as populações africanas que ocuparam a Europa e substituíram as formas arcaicas provavelmente não tinham essa característica o que significa que, para explicar sua presença em formas modernas, devemos supor que ela tenha se originado duas vezes, uma

entre Neandertais e outra nos descendentes do *Homo sapiens sapiens* vindo da África. Isto seria extremamente pouco parcimonioso e Wolpoff & Thorne (1991) sugerem que houve uma continuidade regional ou alternativamente uma hibridização entre as formas invasoras e as formas arcaicas locais, sendo que ambas as hipóteses entram em conflito com o modelo "out of Africa".

A continuidade morfológica através do tempo, descrita por multi-regionalistas é rebatida por Stringer (1990a,b). Esse pesquisador afirma que os estudos por ele realizados, com base em dados publicados sobre materiais Chineses da localidade de Dali (formas arcaicas de *Homo sapiens*), não demonstram haver semelhanças entre as formas modernas e as formas arcaicas daquela região. Pelo contrário, ele afirma que os dados sugerem uma semelhança maior entre os fósseis de Dali com materiais do Pleistoceno Médio (730-125 mil anos atrás) Africano (Bodo, Broken Hill) e Europeu (Petralona) do que com materiais modernos daquela mesma região, exatamente o oposto do que foi dito por Wolpoff.

Stringer afirma ainda que materiais que freqüentemente são interpretados como representativos de uma continuidade morfológica entre *Homo erectus* e *Homo sapiens* (como os materiais Chineses dos sítios de Yinkou e Dali, por exemplo) requerem descrições mais detalhadas, pois ao seu ver, estão sendo usados para sustentar idéias multi-regionalistas enquanto apontam exatamente o contrário.

A continuidade proposta pelo modelo **multi-regional** entre Neandertais e os *Homo sapiens sapiens* que supostamente os sucederam, provavelmente deixaria formas de transição no rico registro fóssil europeu e do oriente médio. Entretanto tais formas de transição não foram

encontradas. Além disso, uma comparação direta de Neandertais dessas regiões e materiais de *sapiens* que os sucederam indicam que os caracteres mais distintivos e característicos dos primeiros estão pouco representados nos segundos. Na África, em sítios arqueológicos que se estendem desde o sul (Florisbad) até o Norte (Omo Kibish), há evidências de morfologias intermediárias entre formas arcaicas de *Homo sapiens* e fósseis de *Homo sapiens sapiens*, coerente com o modelo "out of Africa".

Avanços na tecnologia de datação de material fóssil permitiram uma releitura da relação entre formas Neandertais e humanas modernas. Neandertais da Europa e do Oriente Médio eram geralmente vistos como ancestrais sobre formas humanas modernas. Datações feitas em 1987 de materiais do Oriente Médio, entretanto, colocaram os humanos modernos do sítio de Qafzeh (Israel) como precedendo formas Neandertais em até 40.000 anos. Estaríamos, portanto, diante de duas linhagens diferentes, os Neandertais presentes no oriente provavelmente provindo de uma migração de origem européia e os *sapiens sapiens* provindo da África. Entretanto novas datações em 1990 complicaram ainda mais esse quadro, colocando os Neandertais de Tabun (Israel) como contemporâneos dos humanos modernos de Skhul e Qafzeh (Israel).

Datações de materiais africanos também tem contribuído para sustentar o modelo "out of Africa". Restos fósseis de humanos modernos foram datados em Border Cave (África do Sul) em até 70.000 - 80.000 anos de idade (Grun et al, 1990). Materiais da foz do rio Klasies (África do Sul) foram datados de mais de 90.000 anos. Stringer (1990) conclui que "estes dados mostram que humanos modernos já podiam ser encontrados na África e

no Oriente Médio em períodos em que os neandertais ainda habitavam a Europa e o *Homo erectus* ainda habitava Java".

CONCLUSÃO

A análise de materiais fósseis tem permitido aos pesquisadores chegar a respostas diametralmente opostas, cada um buscando na análise morfológica dados que corroborem o modelo que buscam sustentar.

Surpreendentemente, dados genéticos têm se revelado igualmente suscetíveis a um viés subjetivo: a partir dos mesmos dados sobre diferenças genéticas pesquisadores alcançam respostas que sustentam hipóteses fundamentalmente diferentes, tanto no que diz respeito ao local, como à época da origem do homem moderno. Diante desse quadro não é possível ainda aceitar com segurança qualquer modelo sobre a origem do *Homo sapiens sapiens*. Se existe a possibilidade de respostas com bases mais sólidas emergirem num futuro próximo, tais respostas não surgirão necessariamente da descoberta de novos fósseis, ou da obtenção de mais dados genéticos. Avanços nos estudos sobre a genética do processo evolutivo, em nossa capacidade para utilizar dados genéticos para construir filogenias - ou até mesmo uma possível descoberta de sua inadequação para tais análises - terão grande impacto sobre a antropologia evolutiva. É possível que mudemos nossa interpretação do registro fóssil sem desenterrar nenhum novo material, bastando para isso alterar as noções sobre evolução morfológica. Mudanças conceituais e teóricas serão estimuladas por discussões entre proponentes de modelos antagônicos e os próximos anos prometem ser palco de intensos debates sobre a origem dos humanos modernos.

BIBLIOGRAFIA

- AVISE, J.C. 1991 - Matriarchal Liberation. *Nature* 352:192.
- CANN, R.L.; STONEKING, M. & WILSON, A.C. 1987 - Mitochondrial DNA and Human Evolution. *Nature* 325:31-36.
- CAVALLI-SFORZA, L.L., KIDD, J.R., BUCCI, C., BOWCOCK, A.M., HEWLETT, B.S. & FRIEDLANDER, J.S. 1986 - DNA Markers and Genetic Variation in the Human Species. *Cold Spring Harbor Symp. Quant. Biol.* 51:411-417.
- CAVALLI-SFORZA, L.L.; PIAZZA, A.; MENOZZI, P. & MOUNTAIN, J.L. 1988 - Reconstruction of Human Evolution: Bringing Together Genetic, Archaeological and Linguistic Data. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 85:6002-6006.
- CLARKE, R.J. 1990 - The Nduvu Cranium and the Origin of *Homo sapiens*. *Journal of Human Evolution*, 19:751-759.
- GRUN, R.; GEAUMONT, P. B. & STRINGER, C. 1990 - ESR Dating Evidence for Early Modern Human at Border Cave in South Africa. *Nature*, 344: 537-539.
- GYLLENSTEN, U. ; WHARTON, D. ; JOSEFESON, A. & WILSON, A.C. 1991 - *Nature* 353: 255-257.
- LEWIN, R. 1990 - Molecular Clocks Run Out of Time. *New Scientist*, 10 fevereiro 1990.
- STRINGER, C. B. & ANDREWS, P. 1988 - Genetic and Fossil Evidence for the Origin of Modern Humans. *Science*, 239: 1263-1268.
- STRINGER, C.B. 1990a. - The Asian Connection. *New Scientist*, 17 November
- STRINGER, C.B. 1990b. - The Emergence of Modern Humans. *Scientific American*, December 1990.
- TEMPLETON, A.R. 1992- The "Eve" Hypothesis: A Genetic Critique and Reanalysis. *American Anthropologist*, no prelo.
- VIGILANT, L.; STONEKING, M.; HARPENDING, H.; HAWKES, K. & WILSON, A.C. 1991 - African Populations and the Evolution of Human Mitochondrial DNA. *Science*, 253: 1503-1507.
- WOLPOFF, M. & THORNE, A. 1991- The Case Against Eve. *New Scientist*, 22 June 1991.