

# Genética e História do Povo Tupí<sup>1</sup>

Francisco M. Salzano<sup>2</sup>

## Resumo

Foram comparados os processos de evolução biológica e cultural, especialmente no que se refere à genética e à linguagem em Ameríndios. Após, foi feita uma revisão sobre a variabilidade genética do povo Tupí como investigada pela nossa equipe de pesquisadores, relacionando-a com a história de populações da Guiana Francesa, do Paraguai, do sul do Brasil, bem como de outras regiões do continente. É muito importante que haja uma integração entre dados biológicos e linguísticos, para a interpretação correta da evolução de grupos humanos.

Palavras-chave: Integração biologia-cultura, Genética e linguagem em Ameríndios, Guiana Francesa, Aché, Guaraní e Kaingáng.

## Abstract

The processes of biological and cultural evolution were compared, especially in relation to Amerindian genetics and language. Afterwards a review was made of Tupí genetic variability, as investigated by our research team, relating it especially to the history of French Guiana, Paraguayan, and southern Brazilian populations. The importance of an integration between biological and linguistic data for the correct interpretation of the evolution of human groups was emphasized.

Keywords: Biology-culture integration, Amerindian genetics and language, French Guiana, Aché, Guaraní and Kaingáng.

## 1. Evolução/Revolução

---

<sup>1</sup> Minhas pesquisas são financiadas pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio Grande do Sul.

<sup>2</sup> Departamento de Genética, Instituto de Biotecnologia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Caixa Postal 5053, CEP 91501-970 Porto Alegre, RS – E-mail: francisco.salzano@ufrgs.br

A vida na Idade Média (também chamada Idade das Trevas) não poderia ser mais monótona. O mundo teria sido criado por uma entidade divina em uma versão fixa e, portanto, as condições atuais seriam exatamente aquelas que teriam existido no início. O ato da Criação, ocorrido em sete dias, teria sido relativamente recente. As palavras de Deus, reproduzidas na bíblia, não poderiam ser questionadas. Opiniões divergentes seriam consideradas heréticas e seus portadores sujeitos aos tribunais da Inquisição.

Tudo isso mudou com a publicação, em 1859, da obra seminal de Charles Darwin (1809-1822) “A Origem das Espécies” (Darwin 1979). A natureza não tinha sido criada para nos servir; ao contrário, a espécie humana era apenas uma de uma multidão de outras entidades biológicas. Completava-se o processo iniciado por Nicolau Copérnico (1473-1543), de deslocamento do nosso planeta e de nós mesmos do centro do universo (Gottschall 2003).

Rasmus G. Winther (Winther 2008), filósofo que trabalha na Universidade da Califórnia em Santa Cruz, EUA, salientou que a teoria de Darwin abriu um espaço multidimensional e integrador para a biologia. Ele analisou três dimensões, cada uma com um par de polos desse espaço: 1. Padrão de explicação, com os seus polos de lei e narrativa explanatória; 2. Níveis de seleção (é bem conhecido que o fator primordial de mudança evolutiva, como postulado por Darwin, seria a seleção natural), com os polos organizmismo e hierárquico; e 3. Grau de diferença entre unidades do mesmo tipo, com os polos de pensamento variacional e essencialista.

O referido autor (Winther 2008) desenvolveu o conceito de **darwinismo sistêmico**, a partir de um paradigma composicional que integraria uma pluralidade de teorias matemáticas e biológicas envolvendo a auto-organização e a estrutura; a cladística (tipo de classificação dos seres biológicos distinguindo caracteres primitivos e derivados) e a história; e a genética evolucionária e a ação gênica. O enfoque seria dialético, com essas dicotomias aparentemente mutuamente exclusivas tornando-se em polos complementares e interpenetrantes. Essas relações já haviam sido abordadas anteriormente por Salzano (1995).

## 2. Evolução Biológica/Evolução Cultural

O que nos torna uma espécie única? A resposta é a **cultura**. Embora existam rudimentos de cultura em outras espécies, eles representam apenas um pálido reflexo da complexidade do processo existente no *Homo sapiens*. Este

processo, por sua vez, também sofreu uma evolução. Mas há muitas diferenças entre a evolução biológica e a cultural. Elas envolvem a unidade de herança, como essas unidades são transferidas, como se modificam e o impacto desta variação. Uma das diferenças mais marcantes entre os dois processos é a sua velocidade. As mudanças são muito mais rápidas na evolução cultural (Salzano 2008).

O desenvolvimento sociocultural depende de maneira crítica dos processos econômicos de produção. Karl Marx (1818-1883) foi um dos primeiros pensadores a apresentar um modelo de mudança cultural que considerava diferentes estágios na história humana. Darcy Ribeiro (1968) postulou oito revoluções tecnológicas: agrícola, urbana, do regadio, metalúrgica, pastoril, mercantil, industrial e termonuclear. Elas se desdobrariam em doze processos civilizatórios, que por sua vez se cristalizariam em dezoito formações socioculturais. O esquema seria multilinear, admitindo várias formas de transição e direções alternativas (detalhes em Salzano 1993). Em termos de revoluções, a eletrônica e a nanotecnologia devem agora ser adicionadas à lista original.

### **3. Genética e Linguagem em Ameríndios**

Na “Origem das Espécies” Darwin escreveu que “... um arranjo genealógico das raças humanas forneceria a melhor classificação das várias linguagens agora faladas em todo o mundo...”. O argumento, posteriormente elaborado por muitos pesquisadores, é o de que as populações e os indivíduos falantes que as compõem estão relacionados entre si por uma série de fissões, as quais podem ser relacionadas através de árvores genealógicas. Portanto, apesar da variação genética e da linguística serem independentes, elas potencialmente devem ser congruentes. Críticos deste enfoque têm salientado, no entanto, que nos grupos humanos existem, além de fissões, fusões; e a de que os modos de transmissão linguística e genética diferem: as linguagens são transmitidas tanto verticalmente (de genitores a seus filhos) como horizontalmente entre indivíduos não relacionados, esta última modalidade não ocorrendo na transmissão genética. Além disso, muitos linguistas consideram que, devido à rapidez da mudança linguística, é impossível estabelecer-se relações entre linguagens que divergiram há muito tempo (ver, por exemplo, Campbell 1997).

Apesar desses argumentos, tem havido muitas investigações que buscaram verificar a congruência entre esses dois padrões de variação; e uma avaliação

analítica no que se refere à coevolução linguística/genética em nativos da América Central e do Sul foi realizada por Hunley e cols. (2007). Esses autores consideraram a variação nas sequências da primeira região hipervariável do DNA mitocondrial (que ao contrário do nuclear, está localizado no citoplasma das células e se transmite sem recombinação exclusivamente através do citoplasma do óvulo materno). Foram analisados 1381 indivíduos de 17 populações nativas das Américas Central e do Sul e os padrões de variação observados examinados a partir de cinco classificações modeladas como árvores filogenéticas: (a) Modelo ilha, sem qualquer tipo de estrutura; (b) Classificação de Loukotka (1968); (c) Classificação de Greenberg, como representada por Ruhlen (1991); (d) Classificação de Campbell (1997); e (e) Classificação de Consenso, com a estrutura compartilhada pelas três classificações linguísticas. O primeiro modelo foi o que apresentou pior adaptação aos dados genéticos, indicando claramente a existência de estrutura. A melhor adaptação (congruência) ocorreu quando as características únicas externas (isto é, derivadas) das classificações linguísticas foram consideradas simultaneamente com as genéticas. O resultado, portanto, está de acordo com os dos linguistas que mantêm a posição de que linguagens separadas há muito tempo não podem ser comparadas de maneira eficiente.

Outro teste, para avaliar de que maneira os dados genéticos poderiam indicar qual de três classificações linguísticas seria a mais adequada, foi realizado por Salzano e cols. (2005). Foram consideradas as relações postuladas por Loukotka (1968), Greenberg (1987) e Rodrigues (1985 e estudos posteriores) quanto às quatro famílias linguísticas ameríndias mais importantes da América do Sul, Maipure, Karib, Jê e Tupí. Os dados envolveram 37 sistemas genéticos, 13 populações Maipure, 15 Karib, 5 Jê e 24 Tupí. Após a consideração de diversos testes de hipóteses e diferentes conjuntos gênicos, a proposta que obteve o melhor suporte genético foi a de Rodrigues, que postula uma maior similaridade entre Karib e Tupí, a língua Maipure apresentando-se como a mais diferenciada e a dos Jê ocupando uma posição intermediária entre a última e a dupla anteriormente citada.

## **4. Variabilidade Genética do Povo Tupí**

### **Fundamentos histórico-linguísticos**

A versão atualmente mais aceita (veja-se, por exemplo, Urban 1998) é a de que a origem da dispersão Tupí deve ser localizada entre os rios Madeira e Xingu, e que este processo de dispersão teria ocorrido entre três e cinco mil anos atrás. A expansão para o sul pode ter acontecido de maneira mais ou menos independente pelos antepassados dos Guaraní e dos Tupí e Tupínambá. Ao alcançarem o alto Rio Paraná e um ou mais de seus grandes afluentes, como o Rio Grande e o Tieté, houve uma separação entre os Tupí que permaneceram na região do alto Tieté e os Tupínambá que se dirigiram para o litoral, já após o ano 1000. É possível distinguir-se também um terceiro povo Tupí-Guaraní que teria migrado para o sul, encaminhando-se posteriormente para o noroeste, ingressando na atual Bolívia (Rodrigues 2003).

Urban (1998) caracteriza essas expansões não como um processo gradual, mas seguindo um padrão de explosões e radiações a partir de centros. Isto condicionaria que línguas muito distantes poderiam acabar se revelando como muito relacionadas; exemplo: o Chiriguano da Bolívia e o Potiguara da costa norte do Brasil.

## **O microcosmo da Guiana Francesa**

A Guiana Francesa, situada no extremo norte da Amazônia, constitui-se em modelo muito apropriado para estudos microevolucionários. A estreita região costeira é constituída por solo arenoso flanqueado por áreas pantanosas, enquanto o resto do país é coberto pela floresta tropical. Quando os primeiros europeus chegaram lá no século 16, encontraram grupos numerosos de ameríndios que somavam 17 tribos no século 18. Posteriormente, houve um processo depopulacional acelerado devido a doenças epidêmicas e outras causas, restando atualmente apenas cinco tribos relativamente não-aculturadas.

A colonização da área por Ameríndios ocorreu nos primeiros séculos de nossa Era. Os grupos litorâneos Kalí'na (Karíb) e Palikúr (Maipure) foram os primeiros a entrar na região, cerca de 800-900 DC. A colonização Tupí-Guaraní (Emerillon, Wayampí) ocorreu um século e meio após (aproximadamente em 1400), as duas tribos seguindo rotas diferentes.

Nosso grupo vem estudando essas tribos há vários anos, utilizando como grupos externos outra população Karíb vizinha, os Apalaí-Wayána do Amapá, e uma tribo de língua Maipure, os Matsiguenga da região centro-norte do Peru (Mazières e cols. 2007, 2008, 2009, não publicado). Os resultados

obtidos até agora incluem 12 sistemas de grupos sanguíneos e protéicos; o sequenciamento do primeiro segmento hipervariável do DNA mitocondrial; oito marcadores bialélicos (só com duas alternativas de variação) e 17 microssatélites (repetições adjacentes do DNA, conhecidas pela sigla STR ou “short tandem repeats”) do cromossomo Y; e 15 STRs dos cromossomos autossômicos (não-sexuais). Verificou-se: 1. A clara distinção dos Emérillon com relação aos demais, com toda probabilidade devido à extrema redução populacional que sofreram no passado; 2. Diferenças acentuadas entre os dois grupos de língua Maipure (Matsiguenga e Palikur), sugerindo forte diferenciação genética ocorrida durante a migração desses povos dos Andes ao norte amazônico; e 3. Uma curiosa relação entre os Wayampí com os Apalaí, Palikur e Kali’na, que se manifesta quando se consideram os marcadores autossômicos, mas não com os do cromossomo Y, sugerindo fluxo gênico através das mulheres, mas não dos homens.

### **Um grupo de língua Tupí muito peculiar, os Aché**

Os Aché (também chamados Guayakí) do Paraguai são um dos poucos grupos caçadores-coletores da atualidade. Na época do contato com não-indígenas eles foram descritos como tendo pele, olhos e cabelos claros, barba, calvície e características asiáticas marcantes. Esses traços morfológicos realmente ocorrem, mas eles se misturam com outros traços mais comumente encontrados em Ameríndios.

A origem deste grupo tem sido objeto de muita fantasia, mas mais recentemente foram levantadas duas hipóteses: (a) Eles seriam remanescentes dos Caaigua (um “povo da floresta” usualmente identificado como Jê); ou (b) Teriam sido um grupo Guaraní fugitivo que se havia refugiado na floresta e que teria perdido totalmente seus hábitos agriculturalistas.

Nosso grupo vem também desenvolvendo estudos entre eles há muitos anos, e a literatura que os descreveu foi revisada por Callegari-Jacques e cols. (2008). Os dados incluem 48 marcadores genéticos e as duas hipóteses indicadas foram sujeitas a um teste estatístico sofisticado. A fração de herança Tupí obtida situou-se entre 60% e 65% sugerindo, portanto, forte influência Jê, de 35%-40%. A simples adoção de uma linguagem Tupí por um grupo Jê não explicaria esses resultados; a hipótese mais provável seria a incorporação de indivíduos Jê capturados em conflitos armados, um traço cultural geral marcante dos grupos Tupí-Guaraní.

## **Análises genômicas**

Quando o número de características genéticas consideradas é muito grande, ou inclui todo o patrimônio genético de uma espécie (genoma), fala-se em análises genômicas, não genéticas.

Dois estudos neste nível foram realizados por nosso grupo envolvendo populações que falam línguas Tupí-Guaraní. O primeiro (Salzano & Callegari-Jacques 2006) examinou 404 microssatélites e haplótipos (arranjos específicos de uma região cromossômica) considerando de 2 a 9 sítios em 17 locos (posição específica de um gene). Dois grupos Tupí foram estudados, os Suruí (da família Tupí-Mondé) e os Karitiána (da família Arikém do tronco Tupí). Eles foram comparados com os de outra tribo sul-americana, duas da América Central/do Norte e com representantes de grupos étnicos dos três continentes: Han (Ásia), Yorubá (África) e Europa (franceses e dinamarqueses). Os Suruí e Karitiána puderam ser classificados como grupos irmãos na árvore filogenética obtida, diferenciando-se dos outros de acordo com a geografia (primeiro a outra população Ameríndia da América do Sul, depois as das Américas Central e do Norte, posteriormente os asiáticos e europeus, a população mais diferenciada sendo a dos Yorubá). A variabilidade genética, por outro lado, refletiu a estrutura populacional das populações Ameríndias. Os Maias (um dos grupos das Américas Central/do Norte estudados), que representam uma população enorme, apresentam variabilidade muito maior do que os Suruí e Karitiána, grupos pequenos que sofreram depopulação acentuada após o contato com não-indígenas.

O outro estudo (Wang e cols. 2007) incluiu um número ainda maior de regiões genéticas (678 microssatélites autossômicos) investigados em 422 indivíduos de 24 populações nativas das Américas do Norte, Central e do Sul. Entre elas havia quatro de fala Tupí, os já mencionados Aché, Suruí e Karitiana, bem como os Guaraní do sul do Brasil. As relações entre eles, obtidas através de uma árvore filogenética, agrupava Aché (Guayakí) com Suruí (Mondé), formando um grupo irmão com os Karitiána (Arikém). Os Guaraní apareceram em um clado (grupo monofilético) diferente.

## **O panorama no sul do Brasil**

Marrero e cols. (2007) analisaram a variabilidade da primeira região hipervariável do DNA mitocondrial em três subgrupos Guaraní do sul do

Brasil (Ñandeva, Kaiowá e Mbyá), comparando-a com a presente em duas localidades de Kaingáng e situando tanto o primeiro quanto o segundo conjunto em um contexto mais amplo dessa variabilidade, em 10 outras tribos Tupí-Guaraní e sete Jê. Relacionaram a variabilidade interpopulacional observada com o possível tempo de origem dessas famílias linguísticas (5.000 para Tupí-Guaraní; 3.000 para Jê) e chegaram à conclusão de que as três parcialidades Guaraní deveriam ter se separado há pelo menos 1.800 anos AP, enquanto as duas populações Kaingang teriam se dividido há apenas 207 anos atrás.

### **Visão através de alguns sistemas genéticos especiais**

O genoma humano apresenta muitas sequências repetidas e uma classe de repetições muito frequente (cerca de 11% do genoma), as inserções Alu, introduzidas há muito tempo atrás; Alu é simplesmente a abreviatura da bactéria a partir da qual foi extraído o material necessário à sua identificação. Battilana e cols. (2006) investigaram a variação em 12 dessas inserções em 330 nativos sul-americanos, siberianos e da Mongólia. Entre eles havia seis populações de língua Tupí. As relações entre elas incluíram, em um clado, os Aché, Suruí e Zoró; dentro do mesmo agrupamento, mas em ramo separado, os Cinta Larga, enquanto os Guaraní deviam ter-se separado antes e os Gavião apresentavam-se como os mais diferenciados neste sistema.

Já Callegari-Jacques e cols. (2007) investigaram outra região genética, um conjunto gênico chamado de beta-globina, um dos responsáveis pela formação da hemoglobina, o pigmento que dá a cor vermelha ao nosso sangue. É um conjunto (haplótipo) que considera simultaneamente a variação em cinco sítios genéticos. Entre as 33 populações consideradas (28 de nativos da América do Sul, 1 da América Central e 2 da América do Norte) havia 11 de falantes Tupí: Aché, Asuriní, Awá-Guajá, Gavião, Guaraní, Parakanã, Suruí, Urubú-Ka'apór, Wayampí, Zo'é e Zoró. Não foi feita uma análise separada deste conjunto com os outros, mas a correlação observada entre as distâncias genéticas e linguísticas ajustadas com relação à geografia forneceu um valor de apenas 9%, não significativo.

O foco do estudo de Santos e cols. (2009) foi a Amazônia. Onze STRs foram estudados considerando 11 tribos e 526 indivíduos. Entre as tribos, oito eram de falantes Tupí (Awá-Guajá, Gavião, Parakanã, Suruí, Urubú-Ka'apór, Wayampí, Zoé e Zoró). Como havia apenas dois de língua Karíb e um de Jê,

a análise da variação interlinguística ficou prejudicada. Mas foi observada uma homogeneidade muito grande em todo o grupo amazônico, a estruturação entre eles parecendo decrescer de acordo com uma distância geográfica linear e alcançando valores nulos ou negligenciáveis ao redor de 300 km.

## 5. Mensagem Final

Apenas através de um enfoque evolucionário é possível compreender-se de maneira integral os padrões de variação tanto de características biológicas quanto culturais. A coevolução entre línguas e traços genéticos tem sido avaliada em Ameríndios por muitos pesquisadores e é feita breve revisão a respeito, bem como examinados estudos sobre a genética e a história de grupos Tupí desenvolvidos por nosso grupo de pesquisa. A interdisciplinaridade deve ser a regra para respondermos às indagações – de onde viemos, o que somos, e para onde vamos – como formuladas há cem anos atrás pelo célebre pintor francês Paul Gauguin (1848-1903).

## Referências

- Battilana, J. *et al.* (14 coauthors). 2006. *Alu* insertion polymorphisms in Native Americans and related Asian populations. *Annals of Human Biology*, 33:142-160.
- Callegari-Jacques, S.M.; S.G. Crossetti; F.B. Kohlrausch; F.M. Salzano; L.T. Tsuneto; M.L. Petzl-Erler; K. Hill; A.M. Hurtado; M.H. Hutz. 2007. The  $\beta$ -globin gene cluster distribution revisited – patterns in Native American populations. *American Journal of Physical Anthropology*, 134:190-197.
- Callegari-Jacques, S.M.; K. Hill; A.M. Hurtado; L.T. Rodrigues; C.H.D. Bau; F.M. Salzano. 2008. Genetic clues about the origin of Aché hunter-gatherers of Paraguay. *American Journal of Human Biology*, 20:735-737.
- Campbell, L. 1997. *American Indian languages: the historical linguistics of Native America*. New York: Oxford University Press.
- Darwin, C. 1979. *A Origem das espécies*. São Paulo: Hemus.
- Gottschall, C.A.M. 2003. *Do mito ao pensamento científico. A busca da realidade, de Tales a Einstein*. São Paulo: Atheneu.

- Greenberg, J.H. 1987. *Language in the Americas*. Stanford: Stanford University Press.
- Hunley, K.L.; G.S. Cabana; D.A. Merriwether; J.C. Long. 2007. A formal test of linguistic and genetic coevolution in Native Central and South America. *American Journal of Physical Anthropology*, 132:622-631.
- Loukotka, C. 1968. *Classification of South American Indian languages*. Los Angeles: Latin American Center, University of California.
- Marrero, A.R.; W.A. Silva-Junior; C.M. Bravi; M.H. Hutz; M.L. Petzl-Erler; A. Ruiz-Linares; F.M. Salzano; M.C. Bortolini. 2007. Demographic and evolutionary trajectories of the Guarani and Kaingang Natives of Brazil. *American Journal of Physical Anthropology*, 132:301-310.
- Mazières, S.; A. Sevin; F. Bonnet; E. Crubézy; F.M. Salzano; G. Larrouy. 2007. Genetic studies in French Guiana populations: synthesis. *American Journal of Physical Anthropology*, 132:292-300.
- Mazières, S.; E. Guitard; E. Crubézy; J.-M. Dugoujon; M.C. Bortolini; S.L. Bonatto; M.H. Hutz; E. Bois; F. Tiouka; G. Larrouy; F.M. Salzano. 2008. Uniparental (mtDNA, Y-chromosome) polymorphisms in French Guiana and two related populations – implications for the region’s colonization. *Annals of Human Genetics*, 72:145-156.
- Mazières, S.; A. Sevin; S.M. Callegari-Jacques; E. Crubézy; G. Larrouy; J.-M. Dugoujon; F.M. Salzano. 2009. Population genetic dynamics in the French Guiana region. *American Journal of Human Biology*, 21:113-117.
- Ribeiro, D. 1968. *O processo civilizatório*. Rio de Janeiro: Civilização Brasileira.
- Rodrigues, A.D. 1986. *Línguas brasileiras. Para o conhecimento das línguas indígenas*. São Paulo: Edições Loyola.
- Rodrigues, A.D. 2003. Aspectos da história das línguas indígenas da Amazônia. In: M.S. Simões (org.), *Sob o signo do Xingu*. Belém: Universidade Federal do Pará, p. 37-51.
- Ruhlen, M. 1991. *A guide to the world’s languages*. Stanford: Stanford University Press.
- Salzano, F.M. 1993. *Biologia, cultura e evolução*. 2ª. edição. Porto Alegre: Editora da Universidade Federal do Rio Grande do Sul.
- Salzano, F.M. 1995. *Evolução do mundo e do homem: liberdade ou*

- organização?* Porto Alegre: Editora da Universidade Federal do Rio Grande do Sul.
- Salzano, F.M. 2008. Somos únicos? *Biologia, cultura e humanidade. Scientific American Brasil*, 6(71):65-71.
- Salzano, F.M. & S.M. Callegari-Jacques. 2006. Amerindian and non-Amerindian autosome molecular variability – a test analysis. *Genetica*, 126:237-242.
- Salzano, F.M.; M.H. Hutz; S.P. Salamoni; P. Rohr; S.M. Callegari-Jacques. 2005. Genetic support for proposed patterns of relationship among Lowland South American languages. *Current Anthropology*, 46(Supplement):S121-S129.
- Santos, S.E.B.; E. Ribeiro-Rodrigues; A.K.C. Ribeiro-dos-Santos; M.H. Hutz; L. Tovo-Rodrigues; F.M. Salzano; S.M. Callegari-Jacques. 2009. Autosomal STR analyses in Native Amazonian tribes suggest a population structure driven by isolation by distance. *Human Biology* (in press).
- Urban, G. 1998. A história da cultura brasileira segundo as línguas nativas. In: M.C. Cunha (org.), *História dos índios no Brasil*. São Paulo: Companhia das Letras, p. 87-102.
- Wang, S. *et al.* (26 coauthors). 2007. Genetic variation and population structure in Native Americans. *PLoS Genetics*, 3:2049-2067.
- Winther, R.G. 2008. Systemic darwinism. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 105:11833-11838.