



FABIO CHALUB
Universidade Nova
de Lisboa
chalub@fct.unl.pt

ADÃO E EVA NOS NOSSOS GENES

Somos todos irmãos! Esta frase pacifista ilustra uma realidade genética: tomos nós descendemos de ancestrais comuns. Adão, o pai de todos os pais, e Eva, a mãe de todas as mães, estão marcados em nossos genes. No entanto, eles nem precisam de se ter conhecido, pois ninguém disse que descendemos de um único casal, muito menos que eles eram os únicos seres humanos vivos. Novas estimativas sobre quando viveram estes nossos antepassados ilustres lançam novas luzes sobre a evolução humana.

João tem dois pais; os seus pais têm, cada um, dois pais; os seus avós também. Quando retornamos n gerações para trás, encontramos 2^n antepassados do João. Nuns míseros 1000 anos, o João tem mais antepassados do que toda a população atual da Terra. Alguma coisa seriamente errada tem de haver neste argumento. A resposta é simples: muitos caminhos levam à mesma pessoa. Ou seja, por vezes o avô materno da avó paterna da mãe também é o pai de algum outro antepassado. E não precisa sequer de ser da mesma geração, pois este conceito não é rígido.

Se considerarmos também a Maria, que nem conhece o João, o raciocínio é parecido. Mas há um ingrediente a mais: quando recuamos no tempo, mais e mais antepassados da Maria serão também antepassados do João. Um, ou alguns deles, é conhecido como MRCA (antepassado comum mais recente, na sigla em inglês). Para dois irmãos, os MRCA são o pai e a mãe. Para primos, os avós. Para quaisquer duas pessoas, existe um MRCA, caso contrário teríamos a indicação de que a linhagem humana foi criada duas vezes, o que não parece ter sido o caso. (De facto, também há um antepassado comum entre um dono e o seu cão, mas isto fica para outra crónica.)

Populações inteiras podem ter um MRCA, mas neste caso é muito difícil encontrar toda a linhagem passada. O que podemos fazer é estimar o tempo em que este ancestral existiu. É agora que a situação fica mais interessante. O nosso ADN é

constituído por 23 pares de cromossomas. Destes, 22 são conhecidos como autossomas e um par é formado pelos cromossomas sexuais. Cada um dos elementos dos autossomas é idêntico na sua estrutura (não necessariamente no seu conteúdo), assim como dois livros com o mesmo número de páginas e capítulos, mas um sobre física e outro sobre biologia. No entanto, o par sexual pode ser bastante distinto. As mulheres têm dois cromossomas X, enquanto os homens têm um X e Y. (O nome deriva da sua forma aproximada.) Os únicos cromossomas que recebemos na íntegra dos nossos pais são os sexuais. Os outros, antes da divisão celular, sofrem um processo conhecido como *cross-over*, que faz com que recebamos do nosso pai autossomas que têm origem parcialmente na nossa avó paterna e parcialmente no nosso avô paterno. No entanto, cada homem tem um cromossoma Y que recebeu integralmente do seu pai, e portanto do seu avô paterno, e do pai deste, formando o que é conhecido como a *patrilíneagem*.

Cada um dos dois cromossomas X de uma mulher pode ter vindo do pai ou da mãe. Desta forma ele não permite reconstruir a *matrilíneagem*. No entanto, todas as nossas células têm uma pequena organela, conhecida como *mitocôndria*, que possui um DNA próprio (provavelmente resquício de uma existência autónoma no passado), chamado DNAm. Recebemo-las todas da nossa mãe. Desta forma, podemos reconstruir a *matrilíneagem*.

Porém, tanto o cromossoma Y, passado de pai para filho, como o DANmt, passado de mãe para filhos, não são necessariamente iguais nas duas gerações. Um processo fundamental para toda a vida tal como a conhecemos é a mutação: a possibilidade de um trecho do ADN sofrer uma alteração. Esta ocorre numa taxa pequena, da ordem de 1 alteração por cada milhão de unidades do ADN (chamadas bases) na comparação entre pai e filho. No entanto, supondo esta taxa constante e medindo o número de alterações entre o cromossoma Y de duas pessoas, podemos estimar quando viveu o seu antepassado comum por parte de pai. O mesmo ocorre com a linhagem materna.

É importante realçar que a estimativa depende crucialmente de conhecermos a velocidade com que as mutações ocorrem. Muitas causas, incluindo a espécie, a exposição a raios solares, agentes químicos, etc., podem fazê-la variar. Para termos uma boa estimativa, procuramos pedaços do ADN que em condições de laboratório tenham taxas aproximadamente constantes. Em geral, isto se encontra nas partes do ADN que não codificam proteínas (e cuja função não é de todo compreendida).

Juntando as ideias acima, podemos estimar a época passada em que viveu o nosso antepassado materno e aquela em que viveu o nosso pai comum. O hipotético antepassado masculino é conhecido como o "Adão do cromossoma Y", enquanto a grande mãe de todos nós é a "Eva mitocondrial".

É evidente que a terminologia associada evoca imagens bíblicas, como se houvesse um casal humano original do qual todos descendemos. Nem por isso. Não há grande evidência de que Adão e Eva se tenham conhecido. De facto, as estimativas de há quanto tempo cada um destes nossos (meu e do leitor) antepassados existiu são bastante díspares: cerca de 100.000 anos para o Adão; 300 milénios para Eva. T tamanha discrepância era explicada por uma maior pressão da seleção natural sobre os homens, fazendo com que a evolução seja mais rápida no cromossoma Y do que no DNAmt (há mais homens sem filhos, há mais homens com muitos filhos, apesar de – como consequência da população humana ser dividida quase meio a meio – a média de filhos tanto para homens como para mulheres ser aproximadamente a mesma).

Um novo trabalho, envolvendo 11 investigadores nos Estados Unidos e em França, vem no entanto desafiar estas ideias [1]. As novas estimativas, usando relógios moleculares aperfeiçoados, indicam uma sobreposição dos intervalos em que possivelmente Adão e Eva existiram. Desta forma, a conclusão é a de

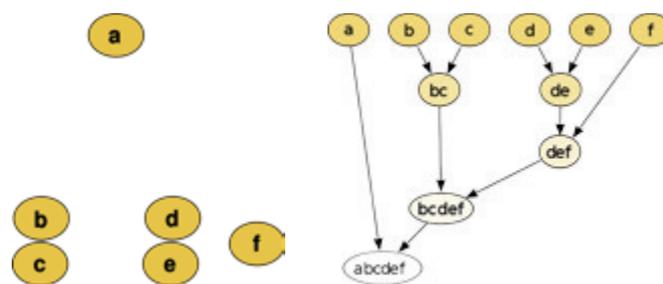


Figura 1: Seis pontos num gráfico representando seis diferentes indivíduos; a sua distância euclideana (ou seja, aquela medida com uma régua) representa a sua distância de Hamming (o número de diferenças nas sequências de ADN). Agrupando-os por proximidade, chegamos ao cladograma à direita. Inicialmente juntamos b com c e d com e; a seguir, o resultante desta última junção com f e assim por diante até obtermos o MRCA. Fonte:Wikimedia Commons.

que, afinal, as pressões de seleção natural sobre homens e mulheres não são tão distintas assim. Adão deve ter existido entre 120 e 156 mil anos atrás e Eva entre 99 e 148 mil anos. Considerando o tempo médio de vida humana, é fácil ver que mesmo assim a probabilidade de eles se terem conhecido é microscópica – lembrem-se de que ainda não havia Facebook, nem companhias aéreas; o número de conhecidos de cada ser humano pré-histórico era diminuto; além do mais, e por outras razões, podemos ter uma razoável certeza de que a população humana nunca foi de apenas duas pessoas.

Como foi feito este trabalho: inicialmente colheu-se amostra de ADN de nove populações humanas "primitivas" (que estiveram em isolamento até recentemente, não tendo ainda o seu ADN se misturado significativamente com os de outras populações). Além disso, foi necessário fazer uma estimativa do relógio molecular. Como em ciência dificilmente uma área do conhecimento vive sozinha, estimativas arqueológicas foram usadas para as populações das Américas. Estima-se, e confia-se com base em fortes evidências, que a migração da Ásia para as Américas começou há cerca de 15 mil anos e seguiu um rápido caminho costeiro. Desta forma, a divergência genética encontrada entre os ameríndios permitiu estimar a taxa de mutação. Usando o mesmo valor para toda a humanidade, os números acima foram concluídos.

É importante notar que se a estimativa da primeira colonização humana das Américas estiver errada, então mudam as estimativas de ancestralidade de Adão e Eva, mas não o facto de que estes intervalos têm uma boa concordância.

Por trás de toda esta análise há muita matemática. Um primeiro ponto importante é perceber como, a partir dos dados brutos, é possível construir a árvore evolutiva

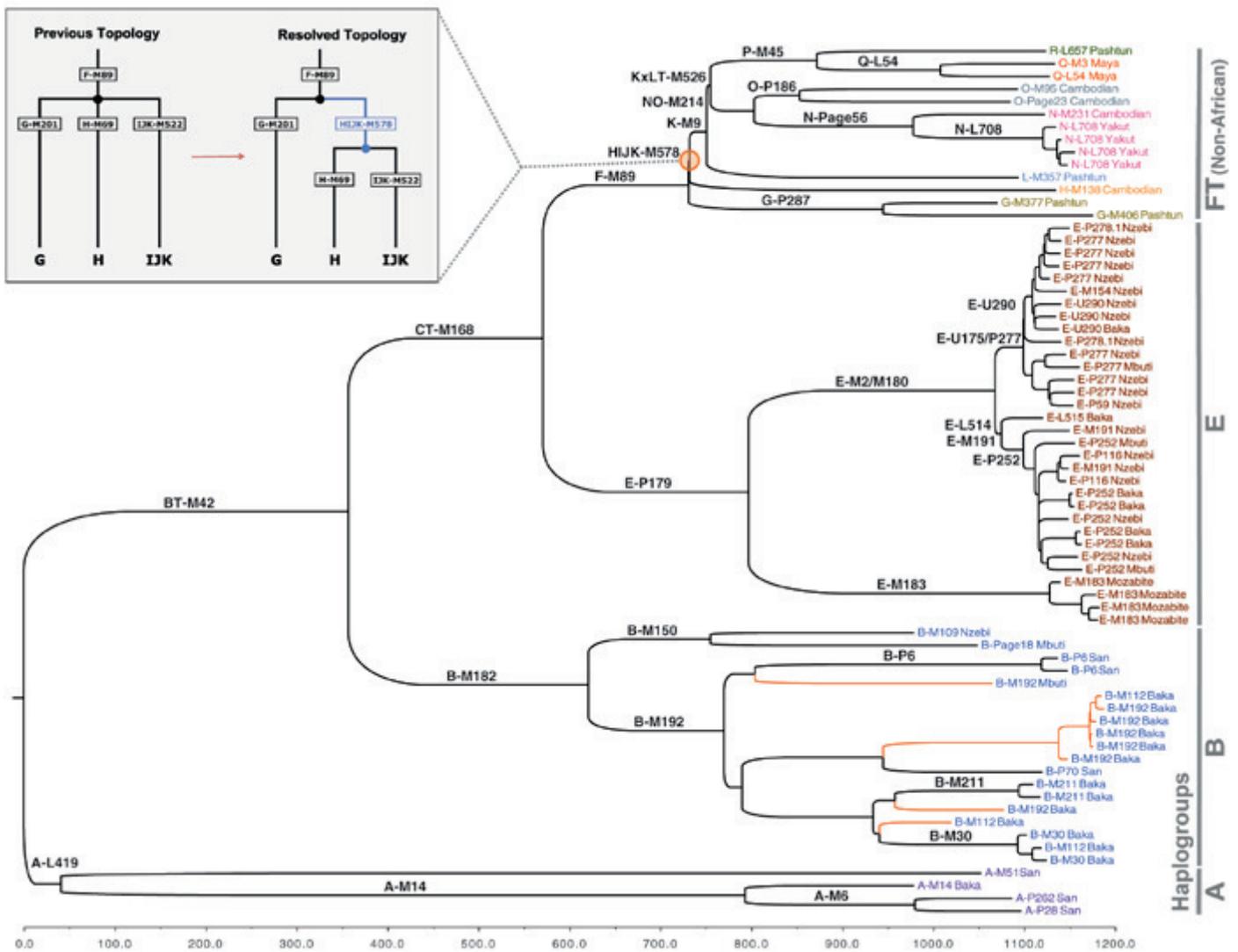


Figura 2: Cladograma obtido para os 69 indivíduos do sexo masculino de nove populações distintas investigadas. Note que ao escolher três indivíduos quaisquer e considerando que a distância entre eles é dada pelo tempo que as suas linhagens divergiram, então estes estão nos vértices de um triângulo isósceles. Figura gentilmente cedida pelos autores do artigo, em particular G. D. Poznik.

(cladograma). Quando comparamos duas sequências (como as de ADN), a sua distância é medida pela quantidade de pontos não idênticos. Isto é conhecido como métrica de Hamming. No entanto, para construir o cladograma, é preciso converter estes dados no que é conhecido como uma ultramétrica, uma forma de medir distâncias onde todo o triângulo é isósceles. Não há uma maneira única de converter uma na outra, e um exercício clássico em evolução é mostrar como os algoritmos de conversão são sensíveis aos dados (incluir ou excluir uma informação pode mudar completamente o resultado). É importante lembrar que existe uma única árvore da vida correta, o problema é saber qual é. Veja a figura 1 para uma exemplificação e a figura 2 para os resultados obtidos nos grupos pesquisados.

Uma outra área importante da matemática profundamente relacionada com esta análise é a da teoria da coalescência, um

ramo da probabilidade particularmente útil em genética populacional e biologia evolutiva. Esta foi criada há poucas décadas e continua com desenvolvimento ativo. O seu objetivo é estimar o quanto é preciso andar para trás no tempo de forma a que a população *coalesça* (se junte) num único indivíduo. Quando a seleção natural tem um papel importante, isto é particularmente difícil de se calcular.

REFERÊNCIAS

[1] G. David Poznik, Brenna M. Henn, Muh-Ching Yee, Elzbieta Sliwerska, Ghia M. Euskirchen, Alice A. Lin, Michael Snyder, Lluís Quintana-Murci, Jeffrey M. Kidd, Peter A. Underhill, Carlos D. Bustamante. "Sequencing Y Chromosomes Resolves Discrepancy in Time to Common Ancestor of Males Versus Females" Science Vol. 341 no. 6145 pp. 562-565 (2 de agosto de 2013).