

INFLUÊNCIA AFRICANA NO POVOAMENTO DOS AÇORES: O CONTRIBUTO DA GENÉTICA

MANUELA LIMA*

RESUMO

A caracterização genética da população açoriana actual fornece um contributo importante para o conhecimento acerca da presença africana nos Açores. Neste artigo são sintetizados os principais resultados dos trabalhos de investigação acerca da influência africana na população actual dos Açores, tendo por base dois sistemas genéticos monoparentais (DNA mitocondrial e cromossoma Y), estudados pelo grupo de Epidemiologia e Genética Humana do Centro de Investigação de Recursos Naturais (CIRN), da Universidade dos Açores. Globalmente, o conjunto de linhagens mitocondriais encontradas nos Açores tem o seu contributo mais importante a partir de populações europeias. Marcas não-europeias estão, todavia, presentes nesta população: o grupo Oriental exhibe a maior concentração de variantes de populações não europeias (cerca de 25%), maioritariamente Africanas (18,2%); no grupo Central a influência não europeia está reduzida a 15%, dos quais apenas 5% são relativos a populações africanas. O grupo Ocidental, por seu turno, exhibe o contributo mais baixo de linhagens não europeias (6,5%), as quais todavia, se referem exclusivamente a variantes africanas. A análise dos marcadores do cromossoma Y, por seu turno, revelou que as linhagens masculinas mais representadas nos Açores são de origem europeia, tal como seria expectável. As linhagens do cromossoma Y que ocupam o segundo lugar em frequência pertencem ao haplogrupo E, um haplogrupo complexo, que inclui variantes africanas e não africanas; os valores que este haplogrupo atinge

* Professora associada com agregação Centro de Investigação de Recursos Naturais (CIRN) / Departamento de Biologia, Universidade dos Açores, mlima@uac.pt.

nos Açores são semelhantes aos determinados para Portugal Continental. Um estudo detalhado do haplogrupo E permitiu detetar a presença de sub-haplogrupos Norte africanos, que comprovam a influência do Norte de África no povoamento dos Açores. Para além disso, a frequência do haplogrupo E3a, uma linhagem masculina típica das populações subsarianas, embora reduzida, corresponde à mais elevada encontrada numa população Portuguesa, o que suporta uma maior integração dos escravos negros na população dos Açores relativamente àquela que deverá ter ocorrido no continente português ou na Madeira.

1. INTRODUÇÃO

A origem dos povoadores constitui um aspecto de grande destaque no contexto dos estudos acerca da história dos Açores. De entre os vários contributos não portugueses referidos nas fontes históricas, destacaremos, no contexto deste trabalho, o contributo africano, manifesto na presença de escravos (negros e “mouriscos”) (Matos, 1989). A presença de escravos originários do Norte de África e de África subsariana nos Açores é amplamente referida pelos historiadores, existindo várias reminiscências da mesma, quer nos costumes, quer, ainda, na antroponímia e poesia popular (ver, por exemplo, Costa, 1989; Frutuoso, 2005; Matos, 1989). As evidências disponíveis até ao momento, obtidas com base em fontes históricas, confirmam a presença ancestral, em várias ilhas dos Açores, de um número considerável de escravos africanos (Gomes, 1997; Lima *et al.*, 2004; Mesquita, 2005; Gregório, 2007). Os registos históricos acerca desta presença são, todavia, escassos e ainda não foram estudados de modo a permitir uma análise detalhada desta problemática. A análise genética da variabilidade presente na população actual dos Açores pode contribuir para a clarificação do impacto deste grupo particular na história e dinâmica do seu povoamento destas ilhas, na medida em que permite determinar até que ponto os contributos descritos pelas fontes históricas deixaram as suas marcas na actual população dos Açores (Lima, 2008).

No presente trabalho faz-se a revisão, de um modo muito sintético, dos principais resultados da investigação desenvolvida e publicada por investigadores do grupo de Epidemiologia e Genética Humana (coordenado pela autora), relativos à abordagem genética da questão relativa ao contributo africano no povoamento dos Açores. Uma versão um pouco mais detalhada dos vários estudos aqui sintetizados pode ser encontrada em Lima (2008), artigo que constituiu a base de trabalho para o presente texto. Para o leitor da área da Genética, sugere-se a consulta directa dos vários artigos da especialidade que vão sendo referidos ao longo do texto de Lima (2008).

2. GENÉTICA E COMPREENSÃO DA ORIGEM E DINÂMICA DAS POPULAÇÕES: CONCEITOS-BASE

Do genoma humano, que abarca a totalidade da informação presente no DNA (ácido desoxirribonucleico, uma macro-molécula pertencente à classe dos ácidos nucleicos), faz parte a informação existente no núcleo das nossas células. O genoma “nuclear” encontra-se compactado em 46 cromossomas, estruturas complexas das quais faz parte o DNA. Um cariótipo humano normal é constituído por 44 cromossomas não sexuais (autossomas) e dois cromossomas sexuais (heterocromossomas), assim designados por serem os que definem o sexo. No homem o par de cromossomas sexuais é o XY e na mulher o XX. Para além da informação contida no DNA que se encontra no núcleo das células, o genoma humano engloba ainda a informação presente numa pequena molécula circular, designada de DNA mitocondrial (mtDNA). O mtDNA, tal como o próprio nome indica, encontra-se nas mitocondrias, organelos responsáveis por várias funções, entre as quais a pela produção da energia celular.

O Projecto do Genoma Humano, iniciado nos Estados Unidos em 1990, e a partir do qual se produziu, em 2001, o primeiro “rascunho” da sequência do genoma humano, permitiu avanços relacionados com o conhecimento do nosso genoma; sabemos hoje, por exemplo, que dele fazem parte cerca de 23 000 genes (Gingeras, 2007). Uma parte do DNA constituinte do GH contém a informação necessária para fabricar vários tipos de moléculas indispensáveis à célula (DNA “codificante”); a maior parte do DNA é, contudo, “não codificante”, o que significa, de um modo simplificado, que não é directamente responsável pela manifestação de características (designadas na terminologia da genética por fenótipos). É precisamente esta a componente do DNA que acumula a maior variabilidade, um facto compreensível de pensarmos que tal variabilidade estará, pelo menos teoricamente, isenta de potenciais consequências nefastas, (uma vez que, não contém informação com implicações no fenótipo). Pela maior diversidade acumulada são normalmente as zonas não codificantes as usadas nos estudos de diversidade das populações humanas.

Os dois sistemas genéticos considerados mais informativos nos estudos de variabilidade genética e origem das populações humanas são o DNA mitocondrial e uma porção do genoma nuclear presente apenas nos homens: o cromossoma Y. O DNA mitocondrial, já acima referido, conquistou uma posição de destaque no estudo da história evolutiva humana, por ser uma molécula pequena, tecnicamente mais simples de estudar, e apresentar uma taxa de evolução elevada, implicando que um número considerável de variantes esteja normalmente presente nas várias populações. Para além disso o mtDNA é herdado apenas por

via materna, não estando sujeito aos mecanismos de recombinação (troca de informação genética entre cromossomas de origem materna e paterna, aquando da formação das células sexuais). A variação no mtDNA é da responsabilidade de alterações (designadas de mutações), que se acumulam ao longo do tempo e que são transmitidas apenas pelas mulheres. A região do mtDNA habitualmente usada nos estudos populacionais é uma região não codificante, designada de “hipervariável”. A análise da variação nesta região permite a definição de “haplótipos” do mtDNA, isto é, combinações de certas variantes genéticas; esses haplótipos, por seu turno, agrupam-se em conjuntos mais estáveis, designados de “haplogrupos”.

Tal como, anteriormente, referido o cromossoma Y é parte integrante do genoma nuclear humano. Contendo apenas 38 genes (Strachan & Read, 2004), este cromossoma forma com o cromossoma X, nos indivíduos do sexo masculino, um “par imperfeito”. A grande maioria da informação contida no cromossoma Y é passada intacta de pai para filho, contrastando com o que se passa nos autossomas. À medida que se estabelecem linhagens paternas, derivadas a partir de um ancestral comum, acumulam-se mutações que podem ser estudadas e que definem combinações de variantes (“haplótipos” do cromossoma Y), bem como grupos de combinações, ou “haplogrupos”, à semelhança do que acontecia no DNA mitocondrial.

Apesar de intrinsecamente distintos, ambos os sistemas genéticos anteriormente referidos (mtDNA e cromossoma Y), habitualmente designados como monoparentais possibilitam estabelecer uma espécie de “genealogia molecular”: a variação no DNA mitocondrial de um determinado indivíduo será idêntica à encontrada na sua mãe, avó, bisavó, trisavó, e assim sucessivamente. Assim, também, a variação encontrada no cromossoma Y de um determinado homem será idêntica à do seu pai, avô, bisavô, etc, a não ser que ocorram mutações. Um facto crucial para os estudos acerca da origem das populações humanas, usando os sistemas genéticos monoparentais, é que se torna possível estabelecer uma associação entre determinadas variantes de ambos os sistemas e os locais, ao nível de grandes zonas geográficas, onde ocorreram ancestralmente essas variações. Tal permite o estabelecimento da designada “filogeografia” de uma população, na qual os haplogrupos podem ser classificados como tipicamente africanos, europeus ou asiáticos, por exemplo, fornecendo, assim, informação importante quanto à composição da população em que ocorrem. Pelo próprio tipo de transmissão existente nos sistemas genéticos monoparentais supramencionados, a análise do mtDNA fornece uma versão que não é necessariamente idêntica à relatada a partir de marcadores do cromossoma Y. E assim sendo, não é de prever que os resultados obtidos usando cada um destes sistemas sejam coincidentes; as filogenias reconstruídas a partir do cromossoma Y podem ser muito diferentes das cons-

truídas usando dados do mtDNA, nomeadamente, como resultado de práticas de acasalamento influenciadas pela cultura.

Demonstrada a importância dos estudos genéticos torna-se, todavia, importante realçar que os mesmos são retrospectivos, ou seja, estuda-se a população actual para tentar inferir acerca da constituição da população fundadora, sabendo-se que existem inúmeros factores que podem condicionar uma transposição linear do presente para o passado. Face ao exposto, a interpretação de eventos históricos (tal como o contributo africano para o povoamento dos Açores, objecto deste trabalho) com base nos padrões genéticos actuais pode ser, facilmente, enviesada por acontecimentos posteriores. Por esse motivo, os estudos de genética não substituem mas sim complementam a informação histórica, geográfica e cultural, de modo a permitir uma aproximação tão rigorosa e completa quanto possível à história das populações.

3. ESTUDOS GENÉTICOS E PRESENÇA AFRICANA NO POVOAMENTO DOS AÇORES

3.1. LINHAGENS FEMININAS: RESULTADOS DOS ESTUDOS DE DNA MITOCONDRIAL

Na amostra total de 146 indivíduos de origem açoriana estudados por Santos e colaboradores (Santos *et al.*, 2003) detectaram-se todos os haplogrupos considerados como tipicamente europeus. No que se refere a contributos não europeus, haplogrupos Africanos (U6, M1, L1, L2 e L3), bem como um haplogrupo frequente no Próximo Oriente (N1b) foram identificados. Globalmente, os resultados obtidos confirmaram o carácter de miscigenação da população dos Açores, indo ao encontro dos dados históricos que referem a contribuição de indivíduos de várias origens para o povoamento das ilhas.

No que concerne o contributo africano, uma análise por ilha permite destacar os seguintes aspectos:

- a) No grupo Oriental, no qual foi identificada a maioria dos haplogrupos europeus, foram também detectadas frequências relativamente elevadas de linhagens não europeias, nomeadamente africanas;
- b) No grupo Central foram identificados todos os principais haplogrupos europeus. As linhagens Africanas (M1, L1) e do Próximo Oriente (N1b) apresentam, no grupo Central, frequências muito reduzidas.

c) O grupo Ocidental exibe uma distribuição muito atípica de haplogrupos.

De modo a determinar a proporção de miscigenação existente na população dos Açores foram definidos por Santos *et al.* (2003) três grupos populacionais principais: Europa, Próximo Oriente/Judeus e África. A partilha de linhagens com as populações de referência permitiu estabelecer valores mínimos de influência de cada um dos grupos anteriormente referidos (Figura 1).

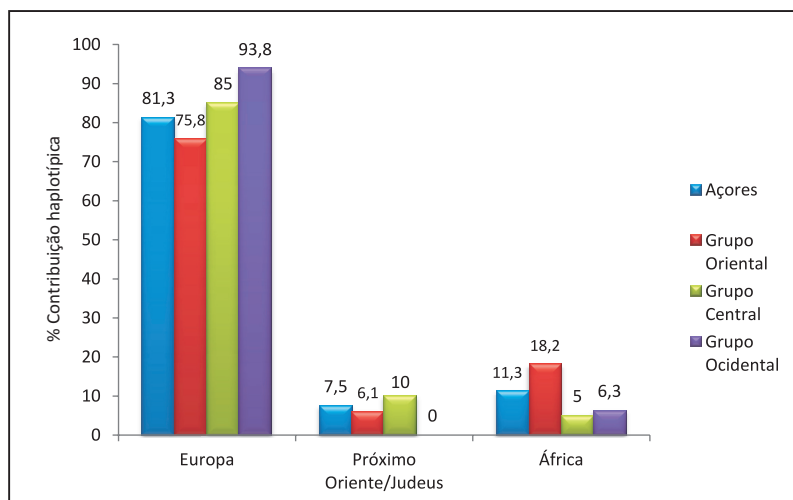


Figura 1. Contribuição de populações parentais para a população dos Açores (In SANTOS *et al.*, 2003). Os valores referem-se à percentagem de haplotipos diferentes que são partilhados.

A análise da Figura 1 permite confirmar o facto de o conjunto de linhagens do DNA mitocondrial encontrado nos Açores ter o seu contributo mais importante a partir de populações europeias. Algumas diferenças entre grupos de ilhas são de assinalar: a) O grupo Oriental exibe a maior concentração de contributos de populações não europeias (cerca de 25%), maioritariamente Africanas (18,2%); b) No grupo Central a influência não europeia está reduzida a 15%, dos quais 10% são relativos à partilha com populações do Próximo Oriente/Judaicas e apenas 5% com populações africanas; c) O grupo Ocidental exibe o contributo mais baixo de linhagens não europeias (6,5%), que se referem, exclusivamente, a variantes africanas.

3.2. LINHAGENS MASCULINAS: RESULTADOS DO CROMOSSOMA Y

Montiel e colaboradores (2005) estudaram 185 indivíduos das várias ilhas

relativamente a vários marcadores do cromossoma Y. Globalmente os resultados obtidos foram os seguintes:

- a) As linhagens masculinas mais representadas nos Açores são de origem europeia (55,1% do total de linhagens pertencem ao sub-haplogrupo R1(xR1b3f), que está incluído no haplogrupo R1, considerado o mais frequente em populações europeias);
- b) O haplogrupo E, não incluindo o seu subgrupo E3a, é o segundo mais frequente nos Açores, estando representado por 13% dos cromossomas estudados. Este é um haplogrupo complexo, que inclui variantes africanas e não africanas e cujos valores observados para os Açores são semelhantes aos determinados para Portugal Continental. Num trabalho colaborativo com o nosso grupo, Fernando *et al.* (2005), ao analisarem 145 indivíduos de origem açoriana, detectaram variantes africanas do tipo subsariano, pertencentes ao sub-haplogrupo E3a. Este sub-haplogrupo está limitado a África subsariana, onde está amplamente distribuído e é frequentemente o mais representado;
- c) A frequência do haplogrupo J (8,6%), frequente no Médio-Oriente, bem como em vários grupos de origem judaica, é semelhante à encontrada para Portugal Continental. Outros haplogrupos presentes nos Açores são o G (3,2%) e o L (1,1%). Enquanto o primeiro apresenta uma distribuição europeia, o segundo foi encontrado na Índia.

A frequência consideravelmente elevada do haplogrupo E nos Açores (cerca de 13%, como foi já referido), no seio do qual estão várias linhagens tipicamente africanas, levou ao interesse em estudar, de um modo mais detalhado, os cromossomas que contêm essa variante. Uma vez que o haplogrupo E(xE3a) é heterogéneo, como se disse, podendo conter variantes africanas e não africanas, um estudo mais aprofundado das linhagens africanas presentes na população dos Açores foi empreendido pelo nosso grupo. O estudo de Neto e colaboradores (Neto *et al.*, 2007) baseou-se na informação de 6 marcadores do cromossoma Y e incidiu, especificamente, sobre a amostra de indivíduos pertencentes ao haplogrupo E. Os principais resultados obtidos estão sintetizados no Quadro 1.

Quadro 1. Principais sub-haplogrupos dentro do haplogrupo E (cromossoma Y) encontrados numa amostra de 42 indivíduos pertencentes ao haplogrupo E, na população dos Açores (adaptado de Neto *et al.*, 2007).

Sub-haplogrupo	Frequência(%)	Distribuição sub-haplogrupo
E3b1a	47,2	Europa, Médio-Oriente, Norte de África
E3b1b	28,6	Noroeste Africano, Península Ibérica (freq. Baixas)
E3a	7,2	África subsariana
Outros	17	-

Dentro do haplogrupo E, a frequência elevada do sub-haplogrupo E3b1b foi interpretada como reflectindo a influência do Norte de África no povoamento dos Açores. Não foi possível, a partir do trabalho efectuado, inferir se estas linhagens chegaram aos Açores directamente do Norte de África, ou se foram trazidas de Portugal Continental. A linhagem E3a representa, como foi já indicado, uma linhagem particularmente importante na história do povoamento dos Açores, uma vez que é típica das populações subsarianas. Apesar do valor encontrado para este sub-haplogrupo ser reduzido (7,2% do haplogrupo E e 0,9% da amostra total), é de assinalar que corresponde à mais elevada encontrada numa população Portuguesa. No arquipélago da Madeira, por exemplo, no qual a presença de escravos é referida nas fontes históricas, não foram encontradas linhagens pertencentes a este haplogrupo (Gonçalves *et al.*, 2005). Haplogrupos do cromossoma Y tipicamente Africanos são reportados para o Continente Português numa frequência muito baixa, apesar de se saber que muitos escravos Africanos foram trazidos para a Europa entre os séculos XV a XVIII, o que denota que os cruzamentos entre mulheres europeias e homens africanos seriam extremamente raros. No entanto, e no que se refere às linhagens femininas em Portugal, cerca de 10% são africanas, o que indica que os cruzamentos entre homens europeus e mulheres negras teriam sido muito mais comuns. Nos Açores, a frequência de linhagens subsarianas masculinas, apesar de reduzida, é superior à encontrada em Portugal Continental, suportando uma maior integração dos escravos nesta população.

BIBLIOGRAFIA

- COSTA, F. C. (1989). Etnologia dos Açores, 1º vol., p. 420. Câmara Municipal de Lagoa, S. Miguel.
- FERNANDO, O. , P. MOTA, M. LIMA, C. SILVA, R. MONTIEL, A. AMORIM & M.J. PRATA (2005). Peopling of the Azores Islands: data from the Y-chromosome. *Human Biology*, 77(2): 189-199.
- FRUTUOSO, G. (2005). Saudades da Terra. Instituto Cultural de Ponta Delgada, Ponta Delgada, S. Miguel.
- GINGERAS, T. R. (2007). Origin of phenotypes: Genes and transcripts. *Genome Research*, 17: 682-690.
- GOMES, F. (1997). A Ilha das Flores: da Redescoberta à actualidade (Subsídios para a sua História). Câmara Municipal das Lages das Flores, Flores.
- GONÇALVES, R., A. FREITAS, M. BRANCO, A. ROSA, A. FERNANDES, L. ZHIVOTOVSKY, P. HUNDERHILL, T. KIVISILD & A. BREHM (2005). Y-chromosome lineages from Portugal, Madeira and Azores record elements of a Sephardim and Berber ancestry. *Annals of Human Genetics*, 69: 443-454.
- GREGÓRIO, R. (2007). Escravos e libertos da ilha Terceira na primeira metade do século XVI. In Avelino de Freitas de Meneses e João Paulo Oliveira e Costa (coord.) - O Reino, as ilhas e o mar oceano: estudos em homenagem a Artur Teodoro de Matos. Centro de História de Além-Mar, Universidade Nova de Lisboa / Universidade dos Açores, Lisboa / Ponta Delgada, vol. II, pp.443-459.
- LIMA, M., C. SANTOS, C. SILVA, C. BETTENCOURT, E. LABELLE & F. M. MAYER (2004). A Influência Africana no Povoamento dos Açores: Resultados Preliminares de um estudo Biodemográfico e Genético. *VII Congresso Asociación de Demografía Histórica*, Granada, Espanha, 1-3 Abril (Abstract).
- LIMA, M. (2008). Povoamento e história demográfica dos Açores: o contributo da Genética. *Boletim do Núcleo Cultural da Horta*, 17: 227-241.

- MATOS, A. T. (1989). Origem e Reminiscência dos Pocadores das ilhas Atlânticas. In: *Actas do Congresso Internacional Bartolomeu Dias e a sua Época*, Universidade do Porto, Porto.
- MESQUITA, M. (2005). Escravos em Angra no século XVII. *Arquipélago-História*, II Série, vol.9: 209-230.
- MONTIEL, R., C. BETTENCOURT, C. SILVA, C.SANTOS, M. J. PRATA & M. LIMA (2005). Analysis of Y-chromosome variability and its comparison with mtDNA variability reveals different demographic histories between Islands in the Azores Archipelago. *Annals of Human Genetics*, 69:1-10.
- NETO, D., R. MONTIEL, R., C. BETTENCOURT, C. SANTOS, M.J. PRATA & M. LIMA (2007). The African Contribution to the Present-Day Population of the Azores Islands (Portugal): Analysis of the Y chromosome Haplogroup E. *American Journal of Human Biology* 19(6):854-60.
- SANTOS, C., M. LIMA, R. MONTIEL, N. ANGLÉS, L. PIRES, A. ABADE & M. P. ALUJA (2003). Genetic structure and origins of peopling in the Azores Islands (Portugal): the view from mtDNA. *Annals of Human Genetics*, 67(5): 433-456.
- STRACHAN, T. & A. P. READ (2004). *Human Molecular Genetics*. Garland Science, New York.