

**INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA DE
SÃO PAULO – CAMPUS SÃO ROQUE**

ITALO FAZZANI

**O PRIMEIRO POVOAMENTO SUL-AMERICANO:
As sociedades humanas na pré-história da região do Parque
Nacional da Serra da Capivara (PI)**

**SÃO ROQUE – SP
2024**

ITALO FAZZANI

**O PRIMEIRO POVOAMENTO SUL-AMERICANO:
As sociedades humanas na pré-história da região do Parque
Nacional da Serra da Capivara (PI)**

Trabalho de conclusão de curso apresentado à banca examinadora do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de São Paulo como requisito para obtenção do título de licenciatura em ciências biológicas.

Orientador: Prof. Dr. Fernando Santiago dos Santos.

SÃO ROQUE - SP
2024

Dados de Catalogação

F298p Fazzani, Italo.

O primeiro povoamento sul-americano: As sociedades humanas na pré-história da região do Parque Nacional da Serra da Capivara (PI) / Italo Fazzani. 2024.

46 f. : il. color.

Trabalho de Conclusão de Curso (graduação) – Instituto Federal de Educação, Ciências e Tecnologia de São Paulo, Licenciatura em ciências biológicas.

Orientação: Prof. Dr. Fernando Santiago dos Santos.

1. mtDNA. 2. haplogrupo. 3. Ameríndios. I. O primeiro povoamento sul-americano.

CDD 570

ITALO FAZZANI

**O PRIMEIRO POVOAMENTO SULAMERICANO:
As sociedades humanas na pré-história da região do Parque
Nacional da Serra da Capivara (PI)**

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. Fernando Santiago dos Santos
Instituto Federal de São Paulo

Prof. Dr. Sandro José Conde
Instituto Federal de São Paulo

Prof. Dr. Marcio Pereira
Instituto Federal de São Paulo

Dedico este trabalho primeiramente a meus pais, que lutaram e trabalharam para me fornecer a melhor educação e qualidade de vida que podiam. A família Fazzani/Fasano, que sempre estiveram ao meu lado em meus anos de vida, me fornecendo muitas inspirações de vida, em especial destaco meu tio, Dr. Roberto Fasano Neto, que me guia nos caminhos científicos dès da minha infância. Também gostaria de citar “os meninos do RPG” amigos de infância que sempre me apoiam e posso contar em qualquer dificuldade. Para finalizar agradeço imensamente, ao Prof. Dr. Fernando Santiago dos Santo, nele encontrei um mestre, alguém em quem me inspiro e admiro profundamente, me espelho profissionalmente, um humano de eximia qualidade.

AGRADECIMENTOS

O desenvolvimento deste trabalho de conclusão de curso incluiu a ajuda de muitas pessoas, dentre quais agradeço:

Ao meu professor orientado Prof. Dr. Fernando Santiago dos Santos, que acompanhou pontualmente o tempo de produção do trabalho, fornecendo todo auxílio necessário para elaboração e conclusão do projeto.

Aos professores do curso de Licenciatura em Ciências Biológicas do IFSP, que através de seus ensinamentos permitiram que eu pudesse hoje estar concluindo esta pesquisa.

“Essa é a primeira escrita, eram povos que tinham tradições, que tinham crenças, nós escrevemos tudo que nós sentimos, eles então gravavam desta maneira, só que tinha um código, e esse código se perdeu com esses povos”

(Niède Guidon)

RESUMO: O objetivo deste estudo é compreender melhor as rotas migratórias da primeira colonização das Américas, a partir dos dados arqueológicos do Parque Nacional da Serra da Capivara e de dados genéticos dos haplogrupos humanos. Ou seja, estudando a morfologia dos fósseis e datando os resquícios humanos tendo uma primeira visão da possível origem dos povos Ameríndios, por fim tabelar os haplogrupos humanos de origem materna (mtDNA) dos nativos de diversas tribos nas Américas, tendo uma comparação que deixe mais claro a origem destes povos nas Américas.**

PALAVRAS-CHAVE: mtDNA, haplogrupo e Ameríndios.

ABSTRACT: The objective of this study is to better understand the migratory routes of the first colonization of the Americas, based on archaeological data from the Serra da Capivara National Park and genetic data from human haplogroups. In other words, studying the morphology of fossils and dating the human remains, having a first view of possible origin of the Amerindian peoples, finally table the human haplogroups of maternal origin (mtDNA) of natives of different tribes in the Americas, Having a comparison that naked the origin of these peoples in the Americas clearer.

KEY WORDS: mtDNA, haplogroup and Amerindians.

LISTA DE SIGLAS OU ABREVIATURAS

Cal. AP	Calibragem antes do presente
FUMDHAM	Fundação Museu do Homem Americano
sciELO	Scientific Eletronic Library Online
DNA	Deoxyribonucleic acid (Acido desoxirribonucleico)
ADN	Acide désoxyribonucléique
mtDNA	DNA mitocondrial
SNP	Polimorfismo de nucleotídeo único
Afr	África
As	Ásia
NA	Norte América
Oce	Oceania
DC	Depois de Cristo
Ky BP	Kiloyears before presente (quiloanos antes do presente)

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	12
2. MATERIAL E MÉTODOS	16
3. O POVOAMENTO AMERICANO: UMA PERSPECTIVA DOS HAPLOGRUPOS HUMANOS	17
3.1 A TEORIA DA DISPERSÃO COLONIAL	17
3.2 DNA MITOCONDRIAL DOS HAPLOGRUPOS INDÍGENAS	21
3.3 POSSIBILIDADE DE ANÁLISE DO DNA MITOCONDRIAL DOS FÓSSEIS DO PARQUE NACIONAL SERRA DA CAPIVARA	23
4. DIVERSIDADE MORFOCRANIANA DOS FÓSSEIS HUMANOS DO PARQUE NACIONAL SERRA DA CAPIVARA	25
5. O SER HUMANO NAS AMÉRICAS, UMA HISTÓRIA DE 50.000 ANOS	28
6. RESULTADOS E DISCUSSÃO	30
6.1 DISPERSÃO GÊNICA.....	30
6.1.1 ASIÁTICO-SUL	38
6.1.2 ASIÁTICO/INDÍGENA OCEÂNICO	38
6.1.3 INDÍGENA OCEÂNICO-SUL.....	38
6.1.4 INDÍGENA OCEÂNICO-SUL/NORTE	39
6.1.5 INDÍGENA VARIÁVEL-SUL/CENTRO	39
6.1.6 INDÍGENA VARIÁVEL-NORTE.....	39
6.1.7 INDÍGENAS VARIÁVEL ASIÁTICO-SUL	41
6.2 ROTAS MIGRATÓRIAS DENTRO DA AMÉRICA	41
7. CONSIDERAÇÕES FINAIS	43
8. REFERÊNCIAS	44

1. INTRODUÇÃO

O mundo em seu estado atual se encontra em uma disputa multipolar de poder político e econômico, e em específico no novo mundo¹ temos uma hegemonia econômica e militar dos países do norte, com os países do Centro e do Sul sendo subdesenvolvidos (Guimarães, 2008).

Inegavelmente os países desenvolvidos com sua hegemonia influenciam mundialmente a cultura, economia, política, ciência e assim por diante (Sant'anna, 1998). A ciência, apesar de seu caráter metodológico, possui paradigmas difíceis de serem quebrados, muito disso se deve a influências culturais nos resultados de pesquisas, principalmente quando envolvem caráter histórico-social.

No final do século XX a teoria predominante e que hoje em dia é muito difundida nas escolas de arqueologia é o modelo da cultura de Clóvis. Um modelo linear que dogmatiza a ideia do primeiro povoamento americano (Erlandson, 2014). Este modelo postula que os primeiros habitantes das américas vieram da Sibéria para o Alasca (Figura 1), povo de origem mongol-asiática, atravessando o estreito de Bering no final da era do gelo² (Prasciunas, 2008).

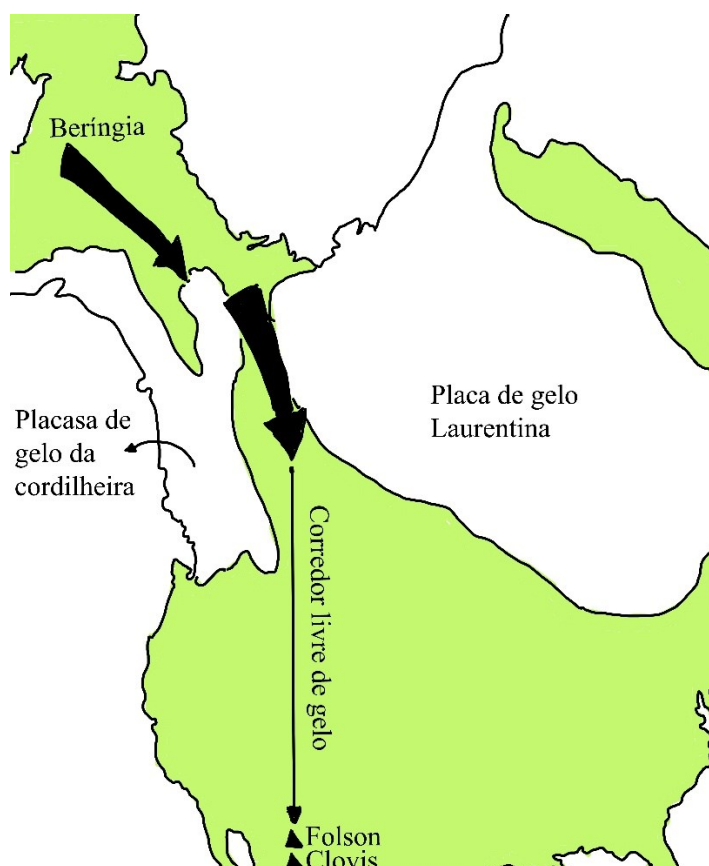


Figura 1 – Mapa do estreito de Bering (Beríngia) e o corredor livre de gelo, aproximadamente 13 mil anos atrás. Fonte: Arte feita usando *Photoshop*® com dados arqueológicos de Haynes, 1964 e Heintzman et al. 2016.

¹ O termo “novo mundo” se refere ao continente americano.

² Se refere a um período glacial, que começou a 115.000 anos e acabou a 11.000 anos atrás, entre os períodos Pleistoceno e Holoceno.

Esse agrupamento humano vindo da Ásia estaria acompanhando uma grande rota de caçada, que os levariam aos grandes “corredores livres de gelo”³ (Prasciunas, 2008). Essa hipótese se tornaria predominante em 1926, quando um artefato de pedra lascada foi encontrado próximo de Folsom, e em 1932 confirmações da teoria quando artefatos (possivelmente pontas de flechas) foram encontrados no sítio arqueológico Blackwater Draw, próximo a Clóvis e datados por C¹⁴ Cal. AP (Datação radiocarbônica do C¹⁴ - já AP vem da palavra “Before Present”, que é uma calibragem de datação radiocarbônica, definindo “Anos Antes do Presente” sendo esse “presente” o ano de 1950 DC, logo cal. AP quer dizer que segue a calibragem de anos antes deste presente) (Haynes, 1999).

Este projeto arqueológico foi coordenado por Edgar B. Heward, apoiado pela Academia de Ciências Naturais da Philadelphia e do Museu da Universidade da Pensylvania e grande apoio financeiro do Carnagie Institution de Washington DC (Dias, 2019). Esse grande apoio e investimento no projeto permitiu a datação da abertura dos corredores livres de gelo, e a datação de outros diversos artefatos do sítio arqueológico, nenhuma datação era prévia aos 13-12.000 anos AP (Haynes, 1964).

Com as datações atuais, principalmente em sítios da América do Sul, essa teoria perde força, não tendo sua inviabilização como uma rota migratória, mas sim como povo pioneiro das Américas, porém essa teoria deixa graves resquícios nas escolas arqueológicas, a partir dela temos a dogmatização de um ponto de vista linear das rotas migratórias humanas, a ideia onde um único povo daria origem a todos outros povos da América, derivando tecnologia, cultura e a linguagem, esse conceito que se mantém vivo devido a viés ideológico promovendo desvalorização e discussões infundadas referente a conhecimentos das novas rotas migratórias dos povos tradicionais americanos, uma vez que a América tem diversos possíveis centros de origem populacional (Erlandson, 2014).

No Brasil temos um importante sítio arqueológico, localizado na Serra da Capivara, que traz pesquisas com descobertas inovadoras no cenário da arqueologia. A Serra da Capivara (Figura 2) é uma área que cobre parte dos municípios São Raimundo Nonato, Coronel José Dias, João Costa e Brejo do Piauí no Piauí (PI).

O Parque Nacional Serra da Capivara, fundado em 1979, ocupa grande parte deste território (Barros, et al., 2012). Destacando-se em sua geomorfologia um front de cuesta⁴ (Figura 3) que se estende por mais de 50 km, dividindo em um pedimento a sudeste e uma chapada a noroeste (Barros et al., 2012).

Atualmente o clima é semiárido (classificação Köppen), com vegetação de caatinga, os dados paleoambientais indicam momentos muito mais úmidos no final do Pleistoceno e início do Holoceno (Lourdeau, 2019). As diversidades físico-químicas deste ambiente preservaram grandes indícios arqueológicos. Centenas de sítios que abrigavam pinturas rupestres nos paredões areníticos do front de cuesta, escavações arqueológicas iniciadas em 1970 tinham o objetivo de contextualizar essas produções gráficas (Guérin et al., 1993). Porém as escavações encontraram muitos registros além das pinturas como fósseis e objetos manufaturados. Pelas suas datações colocaram em xeque a teoria mais aceita pela comunidade científica naquele momento, já que os resultados indicavam vestígios humanos que passam dos 30.000 anos antes do presente (Guidon, 2006). Outro dado importante são os dados

³ Leste das montanhas rochosas do Canadá, onde o degelo daria espaço a grandes áreas habitáveis na América do Norte por volta de 13 mil anos atrás.

⁴ Relevo em que colina e montes tem um declive não simétrico, sendo suave de um lado e íngreme do outro.

genéticos dos povos nativos Sul-Americanos, que diferentemente dos nativos Norte-Americanos, que indicam uma origem Mongol-Asiática, indicam uma origem Oceânica-Asiática (Silva, 2021; Strauss et al., 2018). Essa nova temática de pesquisa renova a problemática do primeiro povoamento Sul-Americano.

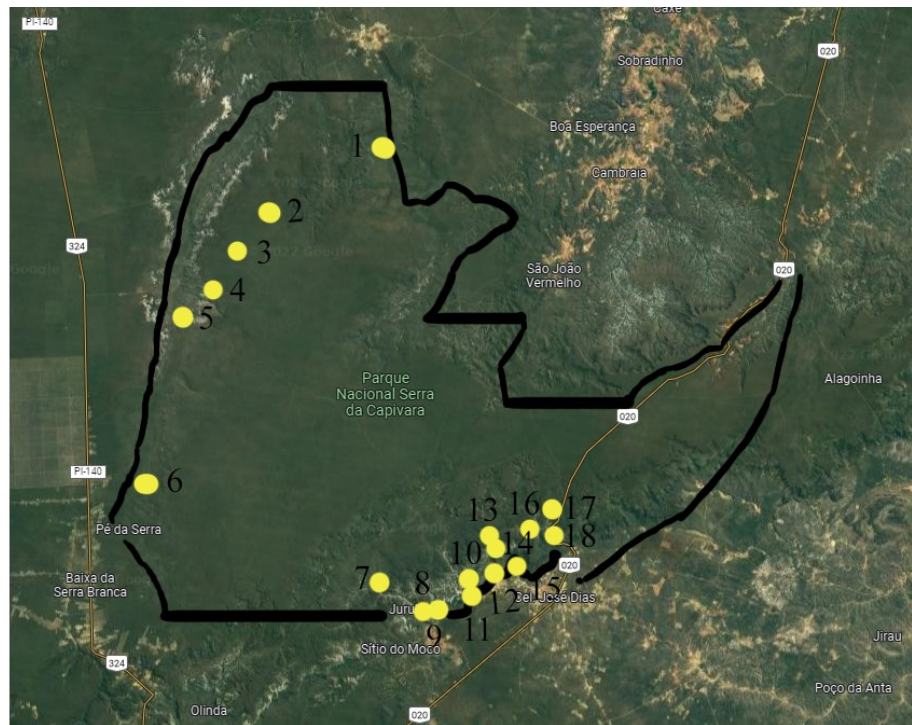


Figura 2 – Mapa dos principais sítios arqueológicos da Serra da Capivara. A linha preta indica os limites do parque. Legenda: 1 = Morcegos; 2 = Pau Doia; 3 = Inharé; 4 = Pica-Pau; 5 = Vento; 6 = João Leite; 7 = Perna; 8 = Ema do Sítio do Brás; 9 = Zé Luis; 10 = Coqueiros; 11 = Cera do Elias; 12 = Pedra Furada; 13 = Caldeirão do Rodrigues; 14 = Fundo do Baixão; 15 = Sítio do Meio; 16 = Baixo das Cabaceiras; 17 = Deitado; 18 = Paraguai. Fonte: Satélite, fotografia retirada do *Google Earth*® e informações obtidas em Barros, et al. Delimitação e marcações feitas pelo *Photoshop*®.



Figura 3 - Front de cuesta na Serra da Capivara. O relevo com conformation inselbergs, separa a chapada (terreno mais plano) do pedimento (terreno mais tortuoso). Fonte: Barros, et al. (2012).

Desta maneira, o objetivo geral deste trabalho é baseado na comparação de dados publicados em pesquisas da FUMDHAM⁵ e cientistas da área, como Dr. Walter Neves e Dra. Niède Guidon, assim corroborar a ideia de um povoamento Sul-Americano pré-Holoceno⁶ vindo da Oceania, por volta de 30.000 a 50.000 anos atrás. Utilizando principalmente dados genéticos em comparação com os haplótipos humanos de linhagem materna para definir o ponto de origem, possivelmente sendo da melanésia, junto com análises morfocrânias em uma comparação fenotípica. Com a datação (C14 cal. AP) dos fósseis e resquícios antrópicos determinar a época em que os grupos viviam, definindo a pelo menos quanto tempo foi a migração desses povos para América do Sul. Contestando assim o dogma arqueológico, de um único centro de origem das populações nativas das Américas, de origem mongol-asiáticas.

⁵ Fundação Museu do Homem Americano.

⁶ Final do período antropoceno.

2. MATERIAL E MÉTODOS

O principal instrumento de estudo deste artigo são bibliografias revisadas sobre o tema, logo algumas ferramentas de busca de foram utilizadas como: Google acadêmico - <https://scholar.google.com>; SciELO - <https://www.scielo.br>; e PubMed - <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov>

Nestas ferramentas de busca foram utilizadas palavras-chave em três línguas para encontrar os artigos que fundamentariam a pesquisa, português (Brasil), pois existe uma grande quantidade de artigos publicados no Brasil sobre o tema estudado, considerando que temos grandes sítios arqueológicos, e importantes nomes na área de arqueologia como Niède Guidon e Walter Neves. Francês também foi uma língua selecionada para buscar referencias, levando em conta que universidades francesas são grandes investidoras em estudos arqueológicos no Brasil. Inglês foi a terceira língua utilizada para as pesquisas, considerando dois pontos muito importantes, a teoria confrontada por este trabalho (Teoria de Clóvis) é encontrada principalmente em inglês, e a maior parte dos artigos publicados ao redor do mundo são publicados em inglês:

Palavras-chave em português: Haplogrupos; DNA mitocondrial; Ameríndios; Serra da Capivara; Dispersão colonial e Primeiro povoamento americano.

Palavras-chave em francês: Haplogroupe; ADN mitochondrial; Amérindiens e Archéologie en Amérique du Sud.

Palavras-chave em inglês: Haplogroup; Human haplogroups; Mitochondrial DNA; Clovis first e First settlement of the Americas.

Dentro dos diversos resultados obtidos, duas teses de doutorado foram as principais revisadas, fundamentando muito este trabalho. A tese da Dra. Tatiana Ferreira de Almeida, “Análise da dispersão das populações nativas americanas: uma abordagem genética-fisiográfica” (2011), escolhido retratar amplamente a dispersão colonial no mundo e nas américas, e apresentar como os marcadores genéticos têm o potencial de nos contar parte de história humana através da hereditariedade, onde a autora compila a diversidade haplogenética dos nativos americanos através do DNA mitocondrial. E a tese da Dra. Juliana Alves da Silva, “Análise da variabilidade do DNA mitocondrial na população Brasileira” (2000), esta pesquisa foi selecionada, pois dentro deste artigo a pesquisadora constrói um grande banco de dados mapeando a variabilidade do DNA mitocondrial na população brasileira, e traz uma excelente divisão dos haplogrupos humanos do mundo pelo DNA mitocondrial.

Assim utilizando mapeamento genético dos descendentes remanescentes dos grupos indígenas brasileiros da região do Parque Nacional Serra da Capivara e ao longo das américas apresentados nos artigos analisados, e partindo de uma intersecção matemática com os dados genéticos dos haplogrupos humanos, gerando um cladograma evolutivos dos povos ameríndios, identificando o fluxo gênico, que permita identificar uma rota migratória plausível. Com as comparações das morfologias cranianas dos fósseis feito principalmente por Niède Guidon e Walter Neves, com o grupo de fluxo gênico, corroborar a possível rota migratória, utilizando os resquícios antrópicos datados por C14 Cal. AP nos artigos analisados, identificar a pelo menos quantos anos ocorreu a migração do fluxo gênico, também foram usadas ferramentas digitais para confeccionar as figuras e os resultados: *Photoshop*®, para edição de imagem e confecção de figuras; *Google Earth*®, para captar as imagens de regiões geográficas; *Winclada*®, para compilar a matriz de dados genéticos; *wTnT*®, para formular os possíveis cladogramas para análise.

3. O POVOAMENTO AMERICANO: UMA PERSPECTIVA DOS HAPLOGRUPOS HUMANOS

Os haplogrupos são ramos genealógicos do *Homo sapiens*. Cada filamento agrupa um conjunto de indivíduos com semelhantes perfis genéticos, possivelmente compartilhando um ancestral comum.

Abordaremos os haplogrupos de linhagem mitocondrial (DNA mitocondrial), observando uma linha de ancestralidade puramente materna. Esta linhagem de mtDNA (sigla que se refere ao DNA mitocondrial) pode nos informar a partir de seu fluxo nos indivíduos, como os grupos humanos se moveram pela terra. Agrupamentos humanos mais antigos possuem um fluxo gênico mais disperso, originando grupos mais jovens (Clair, 2020).

Os haplogrupos são determinados humanos pelo *single nucleotide polymorphism*⁷ (SNP). São pares de bases simples em uma única fita de DNA, a grande importância desses pares é devido a frequência de mutações e elevada variabilidade. Gênomicamente o SNP não possui muita utilidade, mas o que ele pode nos contar da história o atribui um importante significado antropológico e histórico (Almeida, 2011).

Vale ressaltar que existe a separação dos haplogrupos humanos pelo cromossomo Y, assim sendo uma linhagem puramente masculina e paterna, viés que não será adotado no decorrer da pesquisa, olhar a evolução humana pela linhagem paterna traz diferentes agrupamentos humanos, com nomenclaturas diferentes e únicas.

3.1 A teoria da dispersão colonial

O *Homo sapiens* ocupa diversas regiões do mundo, sendo uma espécie que apresenta uma grande eficiência em se adaptar a diversos ambientes (Almeida, 2011). Para entendermos a chegada do *Homo sapiens* nas américas, temos de analisar as dispersões que culminaram na ocupação das regiões do globo pelo homem moderno.

O provável centro de origem do *Homo sapiens* é no leste da África, região da Etiópia, onde o crânio de humano moderno mais antigo foi encontrado (McDougall, *et al.*). Esta evidência é reforçada quando observamos a distribuição da diversidade genética humana, tendo o ramo mais basal em análises filogenéticas na África (Almeida, 2011). As análises moleculares também demonstram uma progressiva diversidade dos grupos populacionais, conforme se afastam da África, possível consequência das migrações partindo do continente Africano para Europa, Oceania, Ásia até chegar às Américas (Handley, *et al.* 2007).

Podemos dividir a dispersão do *Homo sapiens* anatomicamente moderno em três grandes frentes migratórias de sucesso, com diversos pontos de dispersão. Primeira frente em 115 mil anos AP⁸, onde alcançaram a região da atual Israel (Figura 4) (Stringer, 2003).

⁷ Um polimorfismo de nucleotídeo único, é uma variação em uma única posição de uma sequência de DNA entre indivíduos.

⁸ Anos antes do presente



Figura 4 – Distância entre Etiópia e Israel. O primeiro movimento de dispersão humana o ser humano cruzaria da Etiópia até Israel, cobrindo uma distância de 2.373Km (considerando uma linha reta), essa rota migratória ocorreria 115mil anos atrás aproximadamente. Fonte: Mapeamento feita pelo *Google Earth*®.

A segunda frente migratória alcançaria a proporção sul eurasiática, até a Austrália, há pelo menos 85 mil anos AP (Figura 5) (Klein, 2005).

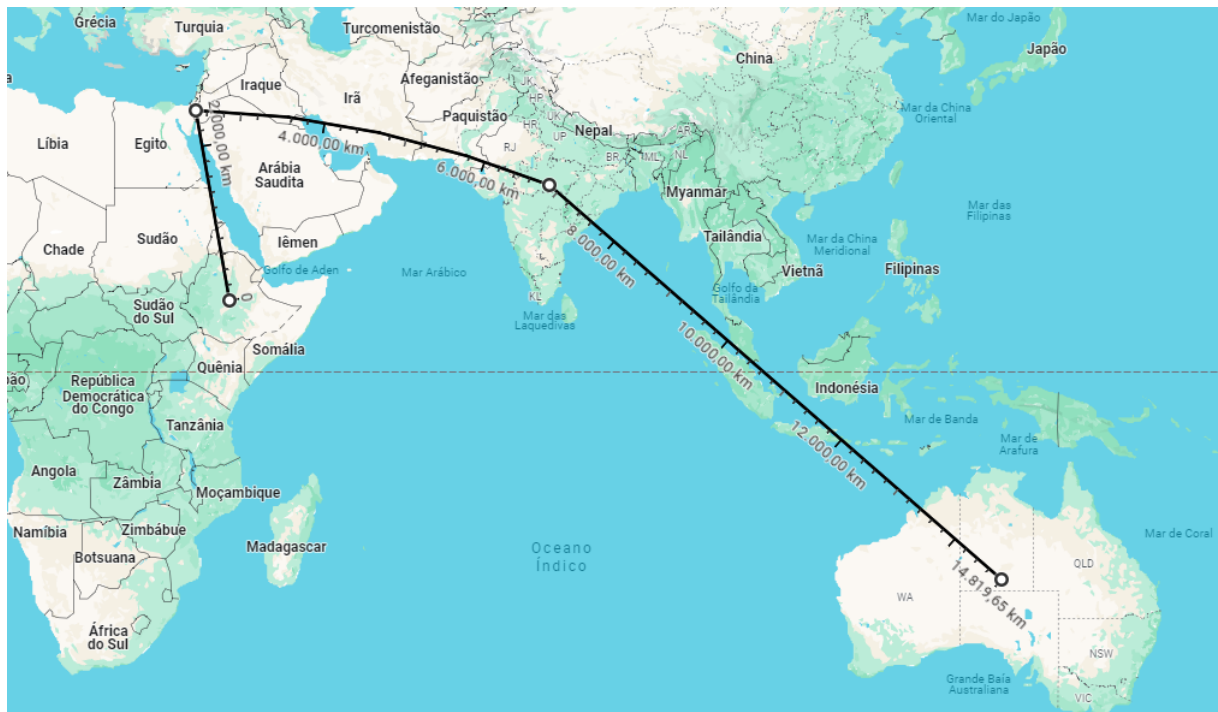


Figura 5 – Distância entre Israel, o ponto sul da Eurásia e a Austrália. O segundo movimento de dispersão humana o ser humano cruzaria de Israel até o Sul da Eurásia, cobrindo uma distância de 4.438Km (considerando uma linha reta) e do sul da Eurásia até a Austrália cobrindo uma distância de 7.961Km (considerando uma linha reta), cobrindo uma distância de totalizando 14.772Km. Essa rota migratória ocorreria 85mil anos atrás aproximadamente. Fonte: Mapeamento feita pelo *Google Earth*®.

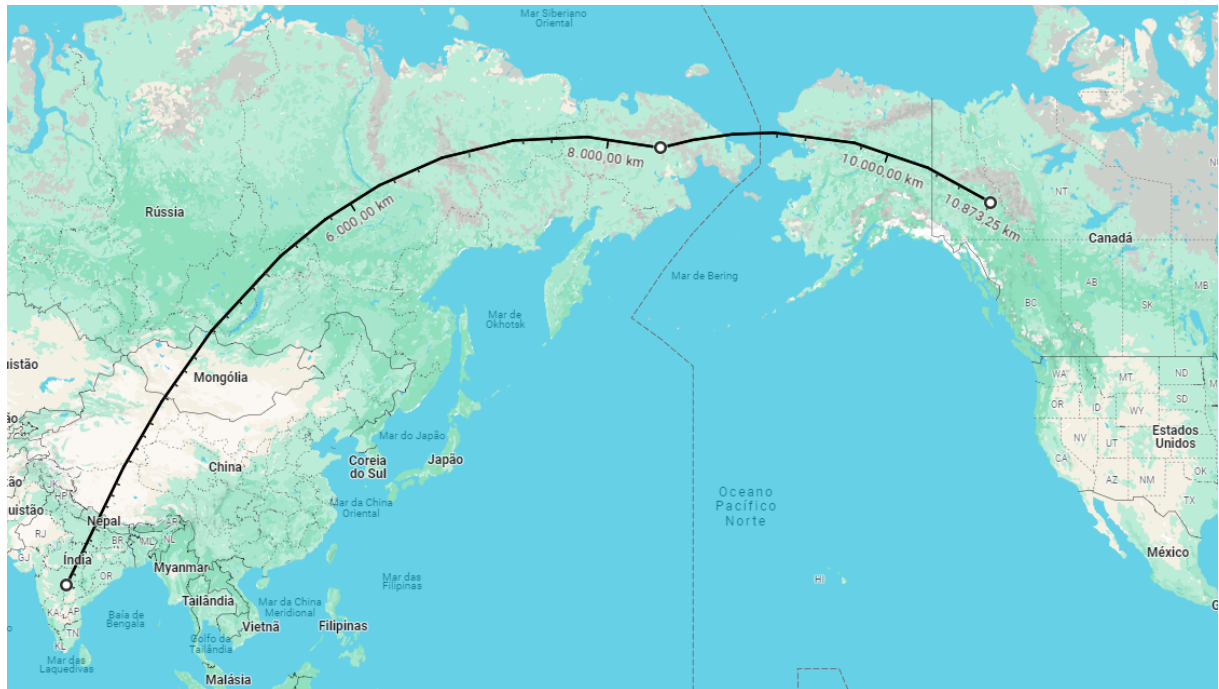


Figura 8 – Distância entre Índia, Mongólia, Sibéria e Canadá. O terceiro movimento de dispersão humana o ser humano cruzaria diversas regiões do globo migrando do Sul da Ásia até a Sibéria e chegando ao Canadá pela Beringia, em uma distância de 10.873Km (considerando uma linha reta). Essa rota migratória ocorreria 55mil anos atrás aproximadamente, mas apenas a 13mil anos atrás ocorreria o cruzamento do estreito de bering. Fonte: Mapeamento feita pelo *Google Earth*®.

Seguindo um sentido migratório quase convergente, temos a colonização da Ásia, começando pelo Sul. Não se tem uma conclusão precisa de quais rotas migratórias estruturaram a população humana local, mas duas rotas possuem grande força. Uma rota mais antiga vinda do sul da África, através do Mar Vermelho e ocupando a costa de Índia, e a outra pelo Norte através do Vale do Nilo. Após a colonização do Sul da Ásia, a região leste foi naturalmente sendo colonizada pelos deslocamentos posteriores das populações humanas que ali se estabeleceram (Stoneking e Delfin, 2010).

Este movimento culminaria no povoamento da Sibéria a pelo menos 27 mil anos (as datas não são claras, pois essa é a idade datada dos sítios arqueológicos da região, não condizente muito com o relógio molecular e alguns sítios americanos na teoria vigente) (Almeida, 2011). Na época pelo extremo nordeste asiático se tinha uma paisagem geográfica diferente, a Beríngia, unindo a região com a América do Norte (estrutura atualmente submersa) (Haynez, 1964).

Com o degelo, cerca de 13 mil anos AP, tornou a região em um refúgio com clima mais ameno, podendo ser habitado por populações de animais e plantas, em meio a paredões de gelo permanentes, viabilizando uma rota migratória humana (Heitzman *et al.*, 2016).

Estes dados criam um paradoxo arqueológico. O paredão de gelo que criaria um clima acolhedor, também seria uma barreira para estes grupos se deslocarem do noroeste das Américas para dentro do continente americano, e a essa população teria seus artefatos arqueológicos datados de por volta de 12 mil anos AP (Haynez, 1964). Gerando uma enorme controvérsia, já que no Brasil, o Parque Nacional da Serra da Capivara (PI) possui resquícios arqueológicos de pelo menos 30 mil anos AP, indicando a possibilidade de outra rota migratória para as Américas (Guidon, 1986).

3.2 DNA mitocondrial dos haplogrupos indígenas

Foram escolhidos como dados de análise de dispersão genética o mtDNA na região hipervariável (SNP) I e II, analisando assim uma linhagem puramente materna, e o banco de dados foi retirado da tese da Dra. Tatiana Ferreira de Almeida, orientada pelo Dr. Walter Nevez, “Análise da dispersão das populações nativas americanas: uma abordagem genética-fisiográfica” (2011) e da tese da Dr^a. Juliana Alves da Silva, orientada pela Dr. Vania Ferreira Prado, “Análise da variabilidade do mtDNA na população Brasileira” (2000).

O objetivo desta análise é compreender o fluxo *étnico* de origem dos nativos americanos presente no território brasileiro próximo a região do Parque Nacional da Serra da Capivara, a partir de um viés genético. Ressalto que a palavra “étnico” que está destacada no trecho anterior, denota um grupo com cultura própria, podendo ter características genéticas distintas, normalmente relacionada a localização geográfica. De acordo com Silva (2000, p.2, apud Templeton, 1999), do ponto de vista genético, “raça” não possui sentido lógico ou prático, quando aplicado à espécie humana.

O mtDNA foi escolhido para análise, pois de acordo com Stoneking *et al.* (1991), é um pequeno segmento capaz de apresentar muitos polimorfismos e mutações, normalmente relacionados a origens étnico-geográficas, isso é possível pois o mtDNA apresenta uma herança exclusivamente materna, associados a uma alta mutação, surgindo marcações continente-específicas de populações marcando mais de 100.000 anos de evolução.

Para comparação externa, os haplogrupos utilizados foram os de matrizes africanas, caracterizado como grupo L (código utilizado internacionalmente pela área de genética humana). Já os grupos de comparação direta são os grupos de comparação Asiáticos, divididos em dois grandes grupos, pela presença de ou ausência do grupo Ddel na posição 10394 do mtDNA (Silva, 2000). De forma geral os grupos asiáticos que possuem presença do grupo Ddel 10394 também possuem um grupo adjacente, Alul 10397, caracterizando o haplogrupo M, comum das populações do leste Asiático (Wallace, 1995). Considerando a teoria Clovis-first, os grupos indígenas das Américas deveriam conter um mtDNA de origem próxima aos grupos do leste asiático. Todavia, análises desses grupos indígenas encontraram genes comuns do Oriente Médio, sul e sudeste asiático e da Oceania e foram definidas como haplogrupos A, B, C e D (Quadro 1) (Almeida, 2011). Em alguns grupos indígenas, da região amazônica e nordeste brasileiro foram encontrados o haplogrupo do tipo X, curiosamente este grupo não é comum da população asiática (Silva, 2000).

A perda do sítio Ddel na posição 1715 que caracteriza o haplogrupo X, encontrada em tribos nativas da Amazônia, estranhamente a Ddel é uma endonuclease de restrição comum na população Europeia (Almeida, 2011), isso por muitos anos foi atrelado a miscigenação do povo europeu com povos indígenas, porém em 1999 Stoneking demonstrou a presença desse gene em populações pré-históricas norte-americanas, isso sugere simplesmente que o pool genético indígena norte-americano possui um ancestral comum com o povo europeu que antecede a invasão europeia na américas, mas a interferência da colonização europeia no pool genético dos povo remanescente tornam esses dados inconclusivos quando referidos aos povo nativos da América do Sul, já que não se tem análise genética dos fósseis sul-americanos (Silva, 2000).

Quadro 1 – Principais polimorfismos dos grupos africanos (Afr), asiáticos (As) e nativo-americanos (NA) retirada da tese de Silva (2000). Os números representam a posição do nucleotídeo de extremidade 5' de acordo com a sequência de referência, (+) e (-) indicam presença ou ausência do sítio.

Haplogrupo	Populações	Polimorfismos de mtDNA
L1	Afr	3592 (+) HpaI; 11641 (+) HaeIII
L2	Afr	3592 (+) HpaI; 16389 (+) HinfI; 16390 (-) AuaI
L3a	Afr	3592 (-) HpaI; 10394 (-) DdeI
L3b	Afr	3592 (-) HpaI ; 10084 (+) MboI
L3d	Afr	3592 (-) HpaI ; 8616 (-) MboI
L3d	Afr	3592 (-) HpaI ; 10084 (+) MboI
A	As e NA	663 (+) HaeIII
B	As e NA	Deleção de 9-bp (região V)
C	As e NA	13259 (-) HincII/ 13259
D	As e NA	5176 (-) AluI
X	NA	1715 (-) DdeI
E	As	7598 (-) HhaI
F	As	12406 (-) HpaI/HincII; 16517 (+) HaeIII
G	As	4830 (+) HaeII; 4830 (-) HhaI
M	As	10394 (+) DdeI; 10397 (+) AluI

Um dado que não se encontrava muito claro dentro do banco de dados dos haplogrupos humanos, são os grupos genéticos hipervariáveis do mtDNA dos povos aborígenes da Oceania, aprofundando na literatura se encontrou a obra de David J. Betty *et al.* E Antonio Torroni *et al.* (1996, 1993) que destacam um grupo materno comum do sudeste asiáticos com a população aborígene australiana, a deleção do 9-bp, alocamos eles assim para comparações em conjunto com o haplogrupo B (Quadro 2).

Assim, dividimos a análise da seguinte forma:

- O haplogrupo L, que engloba uma infinidade de haplótipos, mas será apenas utilizado como grupo externo de comparação, por ser um grupo mais ancestral e de maior variabilidade serve como guia temporal para aproximar os grupos.
- O haplogrupo A é definido pelo ganho do sítio HaeIII na posição 663, nomeado de grupo paleo-indiano, representando graficamente a passagem do homem pelo norte da África, uma travessia pelo Oriente Médio e a colonização do sul asiático (Perego *et al.*, 2009).
- O haplogrupo B é caracterizado pela deleção de um segmento repetitivo de 9-bp na região V, nomeada de população pacífico asiática, comum na população nativa que habita as regiões do sudeste da Ásia e as ilhas da Oceania (Harihara *et al.*, 2014).

- O grupo C é definido pela perda de um sítio HincII na posição 13259 e o ganho do sítio Alul na posição 13262, genes comuns povos nativos do Leste Asiático (Torroni *et al.*, 1992).
- O haplogrupo D é determinado pela perda do sítio Alul na posição 5176, esse grupo é muito comum nos grupos da Ásia oriental e central, destacando o grupo étnico Han da China e os mongóis que compartilham muito deste haplótipo (Zheng *et al.*, 2012).
- Os quatro grupos genéticos estão presentes nos indígenas nativos americanos.

Quadro 2 – Polimorfismos dos grupos africanos (Afr), asiáticos (As), nativo-americanos (NA) e aborígenes da Oceania (Oce) (quadro adaptada de Silva (2000) com os dados de David J. Betty *et al.* E Antonio Torroni *et al.* (1996, 1993). Os números representam a posição do nucleotídeo de extremidade 5' de acordo com a sequência de referência, (+) e (-) indicam presença ou ausência do sítio, o grupo L será usado apenas como comparativo externo, essa será a tabela de referência para contabilizar os dados e organizar os resultados.

Haplogrupo	Populações	Polimorfismos de mtDNA
L	Afr	Comparação externa
A	As e NA	663 (+) HaeIII
B	As e NA e Oce	Deleção de 9-bp (região V)
C	As e NA	13259 (-) HincII/ 13259
D	As e NA	5176 (-) Alul

Assim dentro do banco de dados de Almeida (2011) foi selecionado sete tribos nativa do Brasil próximas ao Parque Nacional Serra da Capivara (Apresentadas no gráfico como “Nordeste do Brasil”), treze tribos presentes na América do Sul, quatro tribos indígena centro americanas e seis tribos indígena norte americana, e tabelada a frequência absoluta do haplótipo em cada grupo (Tabela 1).

3.3 Possibilidade de análise do DNA mitocondrial dos fósseis do Parque Nacional Serra da Capivara

Dentro da literatura não há dados genéticos dos fósseis dos sítios arqueológicos do Parque Nacional Serra da Capivara em um ponto de vista genômico. Carvalho (2019), estuda a possibilidade de recolher dados genéticos dos fósseis ressaltando algumas preocupações que dificultam o processo, pois o Parque Serra da Capivara comparativamente com outros sítios arqueológicos possui um rendimento muito menor em número de fósseis. Logo para a viabilização deste estudo, se faz necessário mais verificações referentes a presença do DNA dos fósseis, que leva em consideração quatro fatores básicos, o ambiente, que proporciona uma condição adequada para preservação do DNA nos tecidos preservados, o clima, que é um dos principais fatores para manter a integridade de estruturas biológicas, a cultura, pois os rituais funerários são fatores determinante para condições favoráveis na preservação de materiais biológicos, e por último o tempo, todos os fatores anteriores manifestam uma conservação do material biológico por um determinado período. Sendo assim,

muitas pesquisas ainda devem ser realizadas para viabilizar os estudos genéticos dos fósseis, caso seja possível, considerando a integridade do material fóssil.

Tabela 1 – Banco de dados de DNA mitocondrial, A cor verde representa as tribos da América do Sul, amarelo as tribos próximas ao Parque Nacional Serra da Capivara, azul as tribos da América Central e as cinzas tribos da América do Norte. “N” representa o número total de genes encontrados em cada população, não correspondendo o número de indivíduos analisados, os valores simples representam a frequência total dos haplogrupos por gene encontrado, e a “%” representam a taxa de presença de cada haplogrupo sobre o número total de genes ($\% = [x \times 100] / N$, sendo x a frequência total de cada haplogrupo). Fonte: Almeida, 2011; Silva, 2000.

População	Localização	Haplogrupo A	Haplogrupo B	Haplogrupo C	Haplogrupo D	N
Mapuche	Argentina	4 (7,24%)	22 (40,01%)	17 (30,92%)	12 (21,83%)	55
Mapuche	Chile	17 (7,27%)	75 (32,05%)	74 (31,62%)	68 (29,05%)	234
Atacamenos	Chile	9 (14,29%)	45 (71,43%)	3 (4,76%)	6 (9,52%)	63
Awa-Guaja	Nordeste do Brasil	20 (100%)	0	0	0	20
Assurini I	Nordeste do Brasil	3 (25,00%)	4 (33,33%)	0	5 (41,67%)	12
Assurini II	Nordeste do Brasil	10 (100%)	0	0	0	10
Arara	Nordeste do Brasil	3 (25,00%)	9 (75,00%)	0	0	12
Parakanã	Nordeste do Brasil	1 (8,33%)	3 (25,00%)	3 (25,00%)	5 (41,67%)	12
Kayapo	Nordeste do Brasil	6 (46,15%)	7 (53,85%)	0	0	13
Kraho	Nordeste do Brasil	4 (28,57%)	8 (57,14%)	0	2 (14,29%)	14
Wapishana	Brasil	0	3 (25,00%)	8 (66,67%)	1 (8,33%)	12
Gavião	Brasil	4 (14,81%)	4 (14,81%)	19 (70,78%)	0	27
Yamamadi	Brasil	0	0	0	10 (100%)	10
Marubo	Brasil	1 (10,00%)	0	3 (30,00%)	6 (60,00%)	10
Tikuna	Brasil	5 (17,86%)	0	14 (50,00%)	9 (32,14%)	28
Arequipa	Peru	2 (9,09%)	15 (68,18%)	2 (9,09%)	3 (13,64%)	22
Ancash	Peru	3 (12,50%)	17 (70,83%)	0	4 (16,67%)	24
Guambiano	Colombia	1 (4,35%)	1 (4,35%)	3 (13,04%)	18 (78,26%)	23
Embera	Colombia	16 (76,19%)	5 (23,81%)	0	0	21
Asteca	Colombia	2 (1,20%)	74 (44,31%)	54 (32,33%)	37 (22,16%)	167
Cayapa	Equador	45 (36,29%)	54 (43,55%)	9 (7,26%)	16 (12,90%)	124
Ngöbe	Panamá	31 (67,39%)	15 (32,61%)	0	0	46
Huetar	Costa Rica	37 (66,07%)	2 (3,57%)	17 (30,36%)	0	56
Bribi-Cabecar	Costa Rica	13 (54,17%)	11 (45,83%)	0	0	24
Maya	Mexico	126 (57,80%)	46 (21,10%)	13 (5,96%)	33 (15,14%)	218
Nuu-Chah-Nulth	Canáda	108 (49,31%)	12 (5,48%)	57 (26,03%)	42 (19,18%)	219
Bella Coola	Canáda	117 (63,59%)	15 (8,15%)	33 (17,93%)	19 (10,33%)	184
Yakama	EUA	2 (5,00%)	28 (70,00%)	7 (17,50%)	3 (7,50%)	40
Chippewa	EUA	22 (68,75%)	3 (9,37%)	0	7 (21,88%)	32
Chickasaw	EUA	19 (55,88%)	12 (35,30%)	0	3 (8,82%)	34

4. DIVERSIDADE MORFOCRANIANA DOS FÓSSEIS HUMANOS DO PARQUE NACIONAL SERRA DA CAPIVARA

Os dados fósseis presente no trabalho possuem o objetivo de reforçar a ideia de mais de uma via de colonização nas Américas, De acordo com as análises de Neves e Bernardo (2009) os crânios a partir de sua morfologia tentando resolver os grupos étnicos em dois grupos distintos. Podendo assim dividir pela datação radiocarbônica em uma perspectiva comparativa. As duas principais vias de dispersão analisadas seriam uma via no holoceno antigo, de origem australo-melanésio, vindo pelo pacífico até a América do Sul e uma via no holoceno tardio pelo Leste Asiático, atravessando a Beríngia. Para a análise foi escolhido cinco crânios humanos provenientes dos sítios arqueológicos do Parque Nacional Serra da Capivara, PI (Bernardo e Neves, 2009).

Para analisar em uma perspectiva micro-evolutiva da morfologia craniana algumas restrições foram destacadas por Neves (1988). Poucos esqueletos humanos de sítios arqueológicos matem a sua morfologia original, normalmente lidando com fragmentos cranianos ou crânio esfacelados (Bernardo e Neves, 2009). Neves (1988), destaca que no primeiro caso o crânio deve ser reconstruído o crânio o mais próximo possível do original, sem completar as lacunas da construção com materiais estranhos ao osso, crânios completamente esfacelados são impossíveis de reconstituição plena.

Considerando o texto do parágrafo anterior, os cinco fósseis selecionados dentro do trabalho de Bernardo e Neves (2009), são fósseis humanos exumados na Serra da Capivara nos últimos 40 anos, são fósseis do acervo da FUMDHAM que possuem apenas uma parcela da morfologia original preservada, e que ao longo dos anos passou por programas de remontagem e cuidados adequados. As datações normalmente apresentadas como “kyr BP” foram devidamente convertidas para “cal. AP” (kyr remete a quiloanos, e o BP vem da palavra “Before Present” que é uma calibragem de datação radiocarbônica, definindo anos “Anos Antes do Presente” AP sendo esse “presente” o ano de 1950 DC, logos cal. AP quer dizer que segue a calibragem de anos antes deste presente).

O primeiro fóssil selecionado foi escavado por Guidon *et al.* (1998) com a equipe da FUMDHAM em 1995 e 1997 em um antigo abrigo, localizado no município de Coronel José Dias (PI), chamado de Toca dos Coqueiros. Local rico em pinturas rupestres, também foram encontrados restos de micro-fauna, vegetais e cabelos humanos, as datações radiocarbônicas possuem uma média de 10.000 anos cal. AP. O sepultamento foi exumado do abrigo, próximo à sepultura foram encontrados resquícios de atividades humanas e alguns artefatos, como duas pontas de projéteis (Guidon, 1998). A análise morfo craniana de especialistas indicaram que o crânio do fóssil, que iremos chamar de “coqueiro”, quando comparado com o banco mundial de variabilidade craniana apresenta grande afinidade morfológica com as populações australo-melanésios e africanos (Bernardo e Neves, 2009).

Os próximos dois fósseis selecionados foram escavados pela equipe da FUMDHAM em 1978, na Toca do Paraguaio, localizado no município de São Raimundo Nonato, PI, e analisados por Mello, Alvim e Ferreira (1985). Um abrigo rico em pinturas rupestres é utilizado como cemitério pela população que ali tinha se estabelecido. Dois sepultamentos foram exumados e as datações radiocarbônicas obtidas indicam uma data média de pelo menos 9.000 anos cal. AP. De acordo com Bernardo e Neves (2009), ambos os fósseis apresentam datações muito próxima, sendo prudente julgar que os sepultamentos ocorreram em épocas contemporâneas, porém, ainda de acordo com a mesma fonte um dos fósseis cranianos, chamados de “Paraguaio1” por Bernardo e Neves (2009), quando comparado ao banco mundial de

variabilidade craniana apresenta grande afinidade morfológica com as populações australo-melonesios e africanos. Já o segundo crânio fóssil, nomeado por Bernardo e Neves (2009) de “paraguaio2” apresentaria uma afinidade muito maior com nativos americanos remanescentes e a população do leste asiático.

O quarto fóssil humano foi encontrado por Maranca (1976) na Toca do Gongo, localizada no município de São João do Piauí (PI). Os sepultamentos foram encontrados na toca com restos de tecidos feito de fibras locais, e atividades humana, dois sepultamentos foram exumados na escavação, porém apenas um teria uma estrutura conservada o suficiente para análise, as datações radiocarbônicas sinalizam uma idade por volta de 2.000 anos cal. AP. As análises de Bernardo e Neves (2009) demonstram que o fóssil craniano, chamado pelos autores de “gongo”, demonstra uma grande afinidade com populações do leste asiático, quando comparado com o banco mundial de variabilidade craniana.

O quinto fóssil humano foi escavado pela equipe da FUMDHAM em 1996, na Toca dos Caboclos, localizado no município Gervásio de Oliveira, PI, como descrito por Guidon *et al.* (1998), no local seriam encontrados apenas sepultamentos e pinturas rupestres, todos datados por volta de 300 anos cal. AP. Ainda de acordo com a mesma autora, seriam encontrados 9 sepultamentos, porém apenas um teria o crânio preservado o suficiente para as análises. Bernardo e Neves (2009) em seu trabalho detalham o crânio fóssil, que chamaram de “caboclo”, com grande afinidade com as populações nativo americanas recentes, quando comparado com o banco mundial de variabilidade craniana.

Com intuito de ilustrar os resultados os autores Bernardo e Neves (2009) construíram um gráfico elíptico (Figura 4) onde cada elipse representa numericamente as variabilidades cranianas das populações, africanas, asiáticas, sul-americanos arcaicos, paleoamericanos e australianos de acordo com o banco mundial de variabilidade craniana, sobrepondo cada elipse em uma intersecção de dados convergentes, por fim posicionando cada um dos crânios analisados, para se observar em uma panorâmica comparativa.

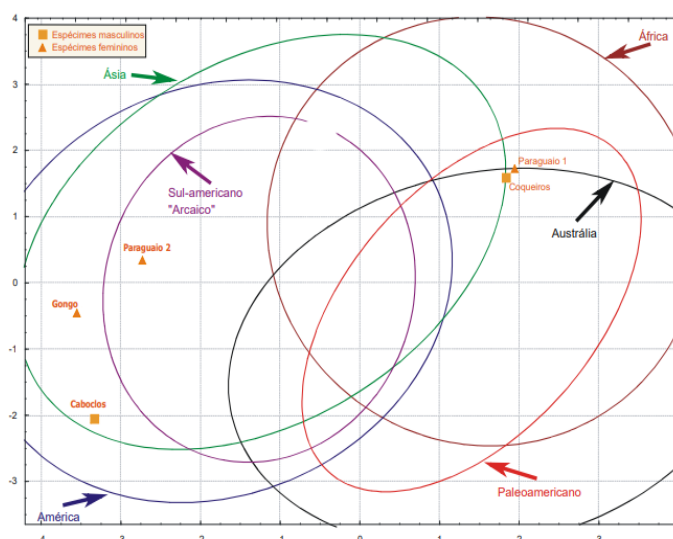


Figura 9 – Elipses de dispersão dos indivíduos do Piauí, elipses de dispersão das séries comparativas no morfo-espaço formado pelos componentes principais. Fonte: Imagem retirada de Bernardo e Neves 2009.

Quadro 3 – Matriz de classificação dos espécimes analisados da serra da capivara (Bernardo e Neves, 2009). Fonte: Bernardo e Neves, 2009.

Espécime	África	Ásia	Australo-melonésio	Nativo americano moderno
Coqueiros	x		x	
Paraguaio1	x		x	
Paraguaio2		x		
Gongo		x		
Caboclo				x

5. O SER HUMANO NAS AMÉRICAS, UMA HISTÓRIA DE 50.000 ANOS

Após uma discussão genética e a análise dos fósseis, temos indícios que duas populações distintas se estabeleceram na América, todavia os fósseis com estrutura preservada suficientemente para análise morfocranianas possuem no máximo 10.000 anos cal. AP. Isso abre uma grande lacuna teórica ao confrontarmos a teoria de Clóvis-First, que tem sua rota migratória datada em pelo menos 13.000 anos cal. AP.

A fim de superar esse conflito teórico, olhar a fundo nos resquícios arqueológicos deixados pelas atividades humanas antigas pode sanar esta dúvida através de duas datações. Dois artigos que se referem a dois sítios arqueológicos da Serra da Capivara foram selecionados para terem as datações de seus resquícios antrópicos analisados, o Sítio do Meio, com datações feita por Boëda *et al.* (2016) e o Sítio Pedra Furada, com as datações feita por Lourdeau (2019).

Boëda *et al.* (2016) datou o Sítio do Meio em apenas uma fase estratigráfica (Figura 10), mapeando apenas entre a camada arenosa até a base rochosa no interior do abrigo (possivelmente um desabamento), as datações ficam dentre 29.000 a 24.000 anos cal. AP. O destaque do sítio arqueológico, diferentemente da Pedra Furada, não seria sua riqueza sedimentar, mas sim que em poucos 4m², encontraria pelo menos 1.500 peças lascadas de artefatos antrópicos, delimitados por um bloco de arenito, essa riqueza em vestígios torna o sítio um dos mais importantes quando falamos em corroborar a presença do homem nas Américas no Holoceno inicial.

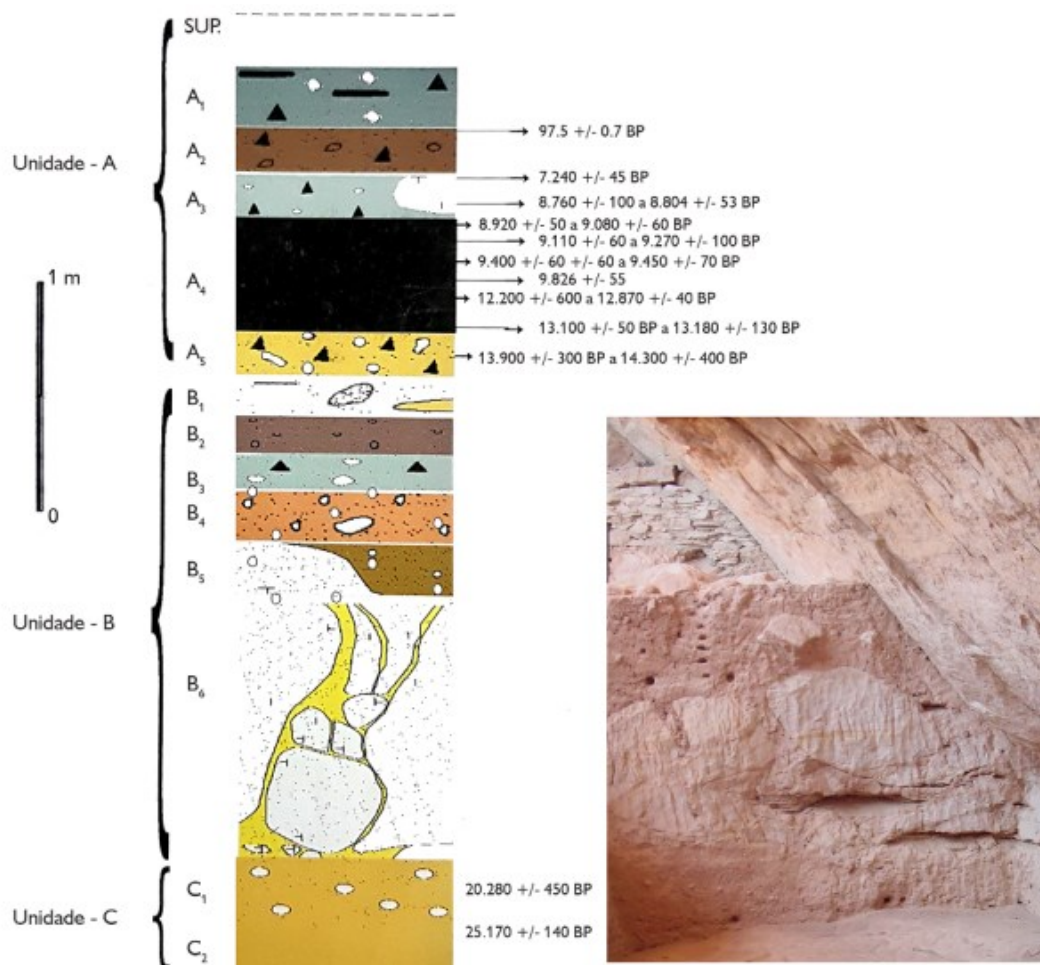


Figura 10 – Sequência estratigráfica do Sítio do Meio, as datações radiocarbônicas exemplificadas como funcionam as datações. Fonte: Imagem retirada de Lourdeau *et al.* (2019. p.371).

O Sítio Pedra Furada é o mais famoso da região, escavado de 1978 a 1988, é alvo de muitos estudos e publicações em seus longos 43 anos de descoberta (Guidon e Delibrias, 1986). Este abrigo possui uma superfície total de 400m² e mais de 4 metros de profundidade, o 15 preenchimento do solo foi datado como sendo um solo sedimentar do pleistoceno, com uma cobertura holocênica de 1m de espessura (Lourdeau, 2019). Ainda pela mesma referência, o autor ressalta que a datação do local segue uma escala que leva em consideração a e os sinais de ações antrópicas nela preservados, tratando-se principalmente de estruturas de combustão (Figura 11) e artefatos de pedra lítica com três fases crono estratigráficas determinadas: Pedra Furada 1, 2 e 3. A fase “Pedra Furada 1” foi datada de aproximadamente 35.000 a 50.000 anos AP não calibrados, compostos por 13 estruturas de combustão e 125 vestígios líticos lascados. A fase “Pedra Furada 2” foi datada de aproximadamente 29.000 a 36.300 anos cal. AP, compostos por 30 estruturas de combustão e 176 vestígios líticos lascados. Já a fase “Pedra Furada 3” foi datada de 20.500 a 25.500 anos cal. AP, contendo 8 estruturas de combustão e 89 vestígios líticos lascados.

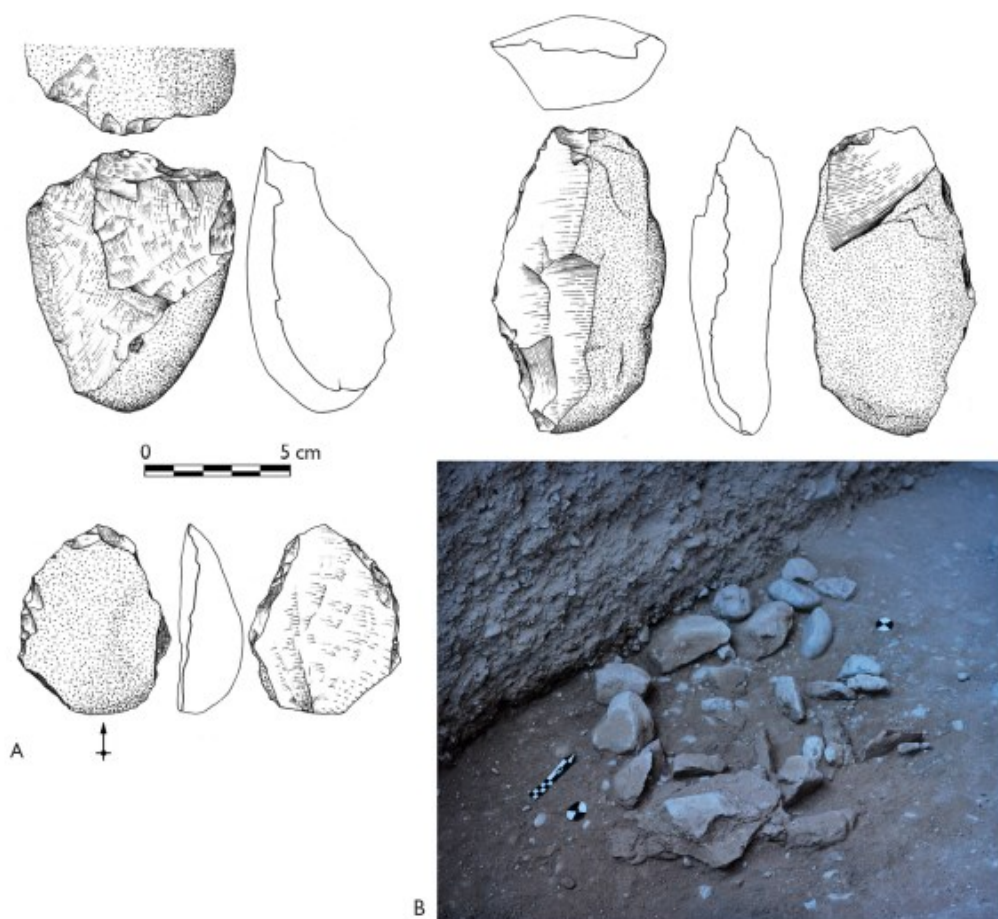


Figura 11 – Artefatos do Sítio Pedra Furada, (A) exemplos de peças líticas; (B) estrutura de combustão cercada de pedras, associados à fase “Pedra Furada 2”. Fonte: Imagem retirada dos arquivos da FUMDHAM (1988).

6. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resultados e discussão foi dividido em duas partes: (1) análise da matriz genética, gerando um cladograma da dispersão gênica, interligando genética e geografia; (2) utilizando as datações dos resquícios humanos, propor há pelo menos quantos anos ocorreu a rota de migração dos aborígenes da Oceania para as Américas.

6.1 Dispersão gênica

Primeiramente foi criado um método de avaliação para o banco de dados exposto na tabela 3, seguindo alguns critérios de análise: O primeiro critério seria de utilizar o grupo africano como grupo externo (grupo 0); o restante dos grupos, os grupos ameríndios, seriam divididos entre grupo 1 a 30, com base no seu posicionamento geográfico, sendo 1 o grupo mais ao sul e 26 o grupo mais ao norte idealmente, devido a diferença de longitude de alguma tribos os valores crescentes foram colocados mais ao sul. O segundo critério seria montar uma matriz de análise para as características genéticas, a característica comum de todos os grupos seria nomeada de “0.”, como característica comum seria escolhido a Eva mitocondrial, pois por Ann Gibbons (1992) poderíamos entender a evolução humana pelo mapeamento genético de linhagem materna (mtDNA), identificando um gene comum entre praticamente 80% da população humana com aproximadamente 200.000 anos de fluxo gênico, a eva mitocondrial, este foi definido como um bom ponto comum para estruturar a matriz genética. Já os quatro haplogrupo compilados seriam nomeados de “1.” à “4.” (correspondendo os haplogrupos A “1.”, B “2.”, C “3.” e D “4.”). O terceiro critério seria caracterizar as presenças destas características dentro de cada grupo, utilizando a numeração de 0 a 3, 0 representaria a ausência 16 da característica, 1 a característica de presença dominante, 2 a característica de presença parcial ($\geq 26\%$), 3 a características de presença mínima ($0 < n \leq 25\%$) (Quadro 4).

A segunda etapa para analisar a dispersão gênica é mapear geograficamente nas américas as localizações aproximadas de cada população indígena (Figura 12).

Para a análise dos dados e construção do cladograma dois programas foram utilizados no processo, primeiro o *winclada*®, para montar a matriz de dados e importar como arquivo “.ss” (figura 13).

Winclada é um programa cladístico, que fornece ferramentas para montar as matrizes de dados e às importar como códigos que programas especializados em gerar cladogramas possam ler e renderizar possíveis soluções evolutivas para determinados grupos. No caso com a matriz já organizada, como no quadro 3, só foi necessário transcrever e importar o arquivo para o próximo programa a ser utilizado o *wTNT*®, quando processado o arquivo “.ss” pelo programa ele mostra inicialmente a leitura da matriz de dados (Figura 14).

Para confirmar que a leitura foi realizada sem erro, foi solicitado que o programa manifestasse a matriz completa junto dos caracteres de análise (Figura 15).

Quadro 4 – Matriz genética dos grupos ameríndios compilados na tabela 3. Legenda: Geo - geolocalização; Afr - África; Arg - Argentina; Chi - Chile; NdB - nordeste brasileiro; Br - Brasil; Per- Peru; Col - Colômbia; Equ - Equador; Pan - Panamá; CR - Costa Rica; Mex - México; Can - Canadá; EUA - Estados Unidos da América.

GRUPO	Nome	0.	1.	2.	3.	4.	Geo
0	Afr(L)	1	0	0	0	0	Afr
1	Mapuche	1	3	1	2	3	Arg
2	Mapuche	1	3	1	1	2	Chi
3	Atacamenos	1	3	1	3	3	Chi
4	Awa-Guaja	1	1	0	0	0	NdB
5	Assurini I	1	3	2	0	1	NdB
6	Assurini II	1	1	0	0	0	NdB
7	Arara	1	3	1	0	0	NdB
8	Parakanã	1	3	3	3	1	NdB
9	Kayapo	1	2	1	0	0	NdB
10	Kraho	1	2	1	0	3	NdB
11	Wapishana	1	0	3	1	3	Br
12	Gavião	1	3	3	1	0	Br
13	Yamamadi	1	0	0	0	1	Br
14	Marubo	1	3	0	2	1	Br
15	Tikuna	1	3	0	1	2	Br
16	Arequipa	1	3	1	3	3	Per
17	Ancash	1	3	1	0	3	Per
18	Guambiano	1	3	3	3	1	Col
19	Embera	1	1	3	0	0	Col
20	Asteca	1	3	1	2	3	Col
21	Cayapa	1	2	1	3	3	Equ
22	Ngöbe	1	1	2	0	0	Pan
23	Huetar	1	1	3	2	0	CR
24	Bribi-Cabecar	1	1	2	0	0	CR
25	Maya	1	1	2	3	3	Mex
26	Nuu-Chah-Nulth	1	1	3	3	3	Can
27	Bella Coola	1	1	3	3	3	Can
28	Yakama	1	3	1	3	3	EUA
29	Chippewa	1	1	3	0	3	EUA
30	Chickasaw	1	1	2	0	3	EUA

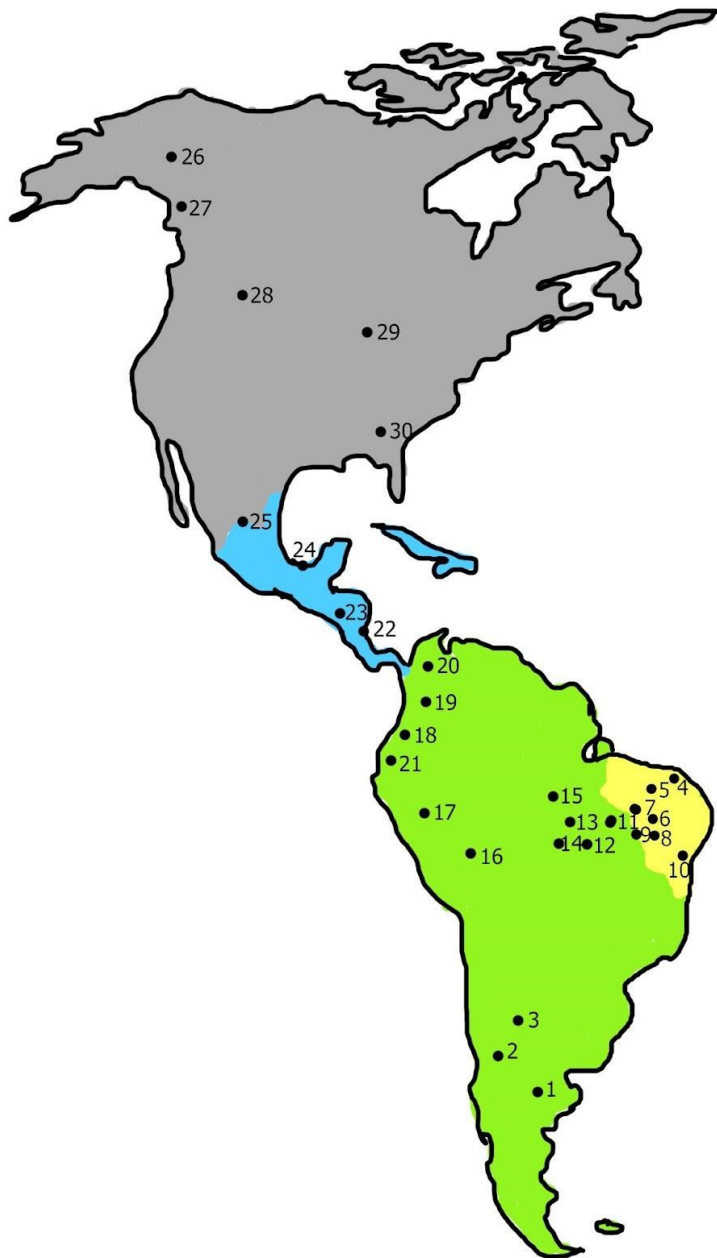
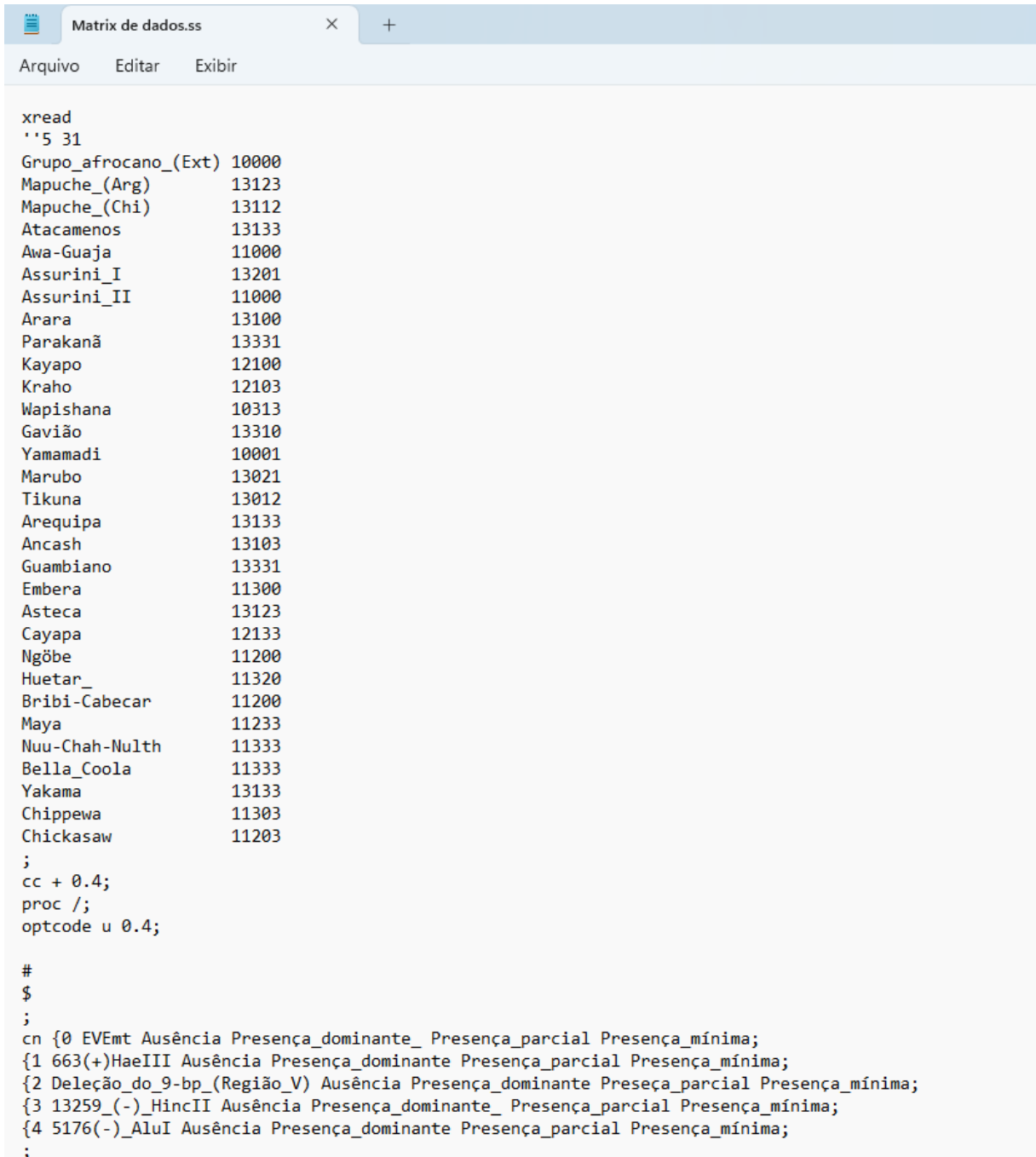


Figura 12 – Mapa das américas com as localizações aproximadas dos grupos ameríndios (Quadro 3).
Fonte: Arte feita usando *Photoshop* ® utilizando o banco de dados compilado durante a pesquisa.



```

xread
''5 31
Grupo_afrocano_(Ext) 10000
Mapuche_(Arg) 13123
Mapuche_(Chi) 13112
Atacamenos 13133
Awa-Guaja 11000
Assurini_I 13201
Assurini_II 11000
Arara 13100
Parakanã 13331
Kayapo 12100
Kraho 12103
Wapishana 10313
Gavião 13310
Yamamadi 10001
Marubo 13021
Tikuna 13012
Arequipa 13133
Ancash 13103
Guambiano 13331
Embera 11300
Asteca 13123
Cayapa 12133
Ngöbe 11200
Huetar_ 11320
Bribi-Cabecar 11200
Maya 11233
Nuu-Chah-Nulth 11333
Bella_Coola 11333
Yakama 13133
Chippewa 11303
Chickasaw 11203
;
cc + 0.4;
proc /;
optcode u 0.4;

#
$
;
cn {0 EVEmt Ausência Presença_dominante_ Presença_parcial Presença_mínima;
{1 663(+ )HaeIII Ausência Presença_dominante Presença_parcial Presença_mínima;
{2 Deleção_do_9-bp_(Região_V) Ausência Presença_dominante Preseça_parcial Presença_mínima;
{3 13259(-)_HincII Ausência Presença_dominante_ Presença_parcial Presença_mínima;
{4 5176(-)_AluI Ausência Presença_dominante Presença_parcial Presença_mínima;
;

```

Figura 13 – Matriz de dados no formato “.ss” gerada pelo winclada. Fonte: Arquivo no formato “.ss” gerado pelo programa *winclada*®.

Matrix (5x31, 16 states). Memory required for data: 0.04 Mby

31 terminal taxa are active:

0	Grupo_afrocano_(Ext)
1	Mapuche_(Arg)
2	Mapuche_(Chi)
3	Atacameños
4	Awa_Guaja
5	Assurini_I
6	Assurini_II
7	Arara
8	Parakanò
9	Kayapo
10	Kraho
11	Wapishana
12	Gavião
13	Yamamadi
14	Marubo
15	Tikuna
16	Arequipa
17	Ancash
18	Guambiano
19	Embera
20	Asteca
21	Cayapa
22	Ng+be
23	Huetar
24	Bribi_Cabecar
25	Maya
26	Nuu_Chah_Nulth
27	Bella_Coola
28	Yakama
29	Chippewa
30	Chickasaw

Figura 14 – Matriz de dados expressa no *TNT*® após a leitura do arquivo “.ss”. Fonte: Leitura do programa *wTNT*® da matriz em código.

Characters: active

	+0	+1	+2	+3	+4
0	X	X	X	X	X

```
xread 'Data saved from TNT'
5 31
Grupo_afrocano_(Ext) 10000
Mapuche_(Arg) 13123
Mapuche_(Chi) 13112
Atacamenos 13133
Awa_Guaja 11000
Assurini_I 13201
Assurini_II 11000
Arara 13100
Parakanò 13331
Kayapo 12100
Kraho 12103
Wapishana 10313
Gavião 13310
Yamamadi 10001
Marubo 13021
Tikuna 13012
Arequipa 13133
Ancash 13103
Guambiano 13331
Embera 11300
Asteca 13123
Cayapa 12133
Ng+be 11200
Huetar 11320
Bribi_Çabecar 11200
Maya 11233
Nuu_Chah_Nulth 11333
Bella_Coola 11333
Yakama 13133
Chippewa 11303
Chickasaw 11203
0.00 secs.
Space for 20000 trees in memory
0 trees in memory
```

Figura 15 – Matriz de dados expressa no TNT®, com caracteres expostos. Fonte: Leitura do programa TNT ® da matriz em código.

Por último para renderizar os possíveis cladogramas foi feito um mapeamento manual (o mapeamento manual foi adotado, pois de 25 a 50 táxons o programa e máquinas acessíveis não conseguem renderizar o grande número de informações), em posse de um computador com computador intermediário de última geração, se teve a possibilidade de renderizar 20.000 árvores na memória, com 1 árvores base para a geração aleatória de novas árvores, exigindo 1000 tentativas e 20 repetições (Figura 16).

```

0.00 secs.
Space for 20000 trees in memory
0 trees in memory
Random seed is 1
Repl. Algor.      Tree      Score      Best Score      Time      Rearrang.
1000 TBR         109 of 109      -----      35              0:00:00      35,158,579
Completed 1000 random addition sequences.
Total rearrangements examined: 35,158,579.
Best score hit 985 times out of 1000 (some replications overflowed).
Best score (TBR): 35. 89 trees retained.
0.41 secs.

```

Figura 16 – Dados de geração das árvores no programa *wTNT* ®. Fonte: Leitura do programa *wTNT* ® da matriz em código.

O programa fez a análise de 35.158.579 árvores possíveis, chegando ao total de 985 árvores que resolviam o problema, para reduzir o número de árvores, foi exigido que o programa excluísse quaisquer árvores que não detivesse de característica plesiomórfica⁹ e pelo menos uma apomórfica¹⁰, restando apenas 89 árvores.

Acompanhando do mapeamento das tribos, e analisando individualmente cada uma das árvores, tentando encontrar uma lógica plausível para dispersão gênica e geográfica das tribos a árvores mais próximas de uma real resposta (Figura 17).

O cladograma permite dividir os grupos humanos ameríndios em 7 grupos taxonômicos nomeados de:

- Grupo asiático-sul (Assurini-II e Awa-Guaja), grupo predominantemente do haplogrupo A (representado pelos paleo-indianos);
- Grupo asiático/indígena oceânico (Bribi-Cabecar, Ngöbe, Embera e Huetar), grupo ainda com forte ascendência do haplogrupo A, porém trazem consigo muitos traços genéticos do haplogrupo B (grupo genético dos Aborígenes oceânicos);
- Grupo indígena oceânico-sul (Kayapo, Arara, Assurini-I, Ancash e Kraho), grupo com carga genética predominante do haplogrupo B;
- Grupo indígena oceânico-sul/norte (Yacama, Cayapa, Arequipa e Atacameno), grupo com uma grande afinidade genética ao haplogrupo B;
- Grupo variável-sul/centro (Mapuche(chi), Tikuna, Marubo, Asteca e Mapuche(arg)), a carga genética deste grupo é muito variada e minimamente próxima da maioria dos grupos;
- Grupo asiático variável-norte/sul (Chipewa, Bella-Coola e Nuu-Chah-Nuth), grupo com carga genética predominante do haplogrupo A e haplogrupo C e D, vale ressaltar que os três grupos são grupo asiáticos, comumente encontrados em tribos mogóis, em especial o haplogrupo D;
- Grupo variável asiático-norte (Yamamadi, Gaviao, Gambiano, Parakanã e Wapishana), esse grupo possui traços genéticos de todos os grupos, mas predominantemente possui o traço do haplogrupo D.

⁹ Característica considerada a mais primitiva do grupo taxonômico.

¹⁰ Característica mais recente derivada de uma primitiva.

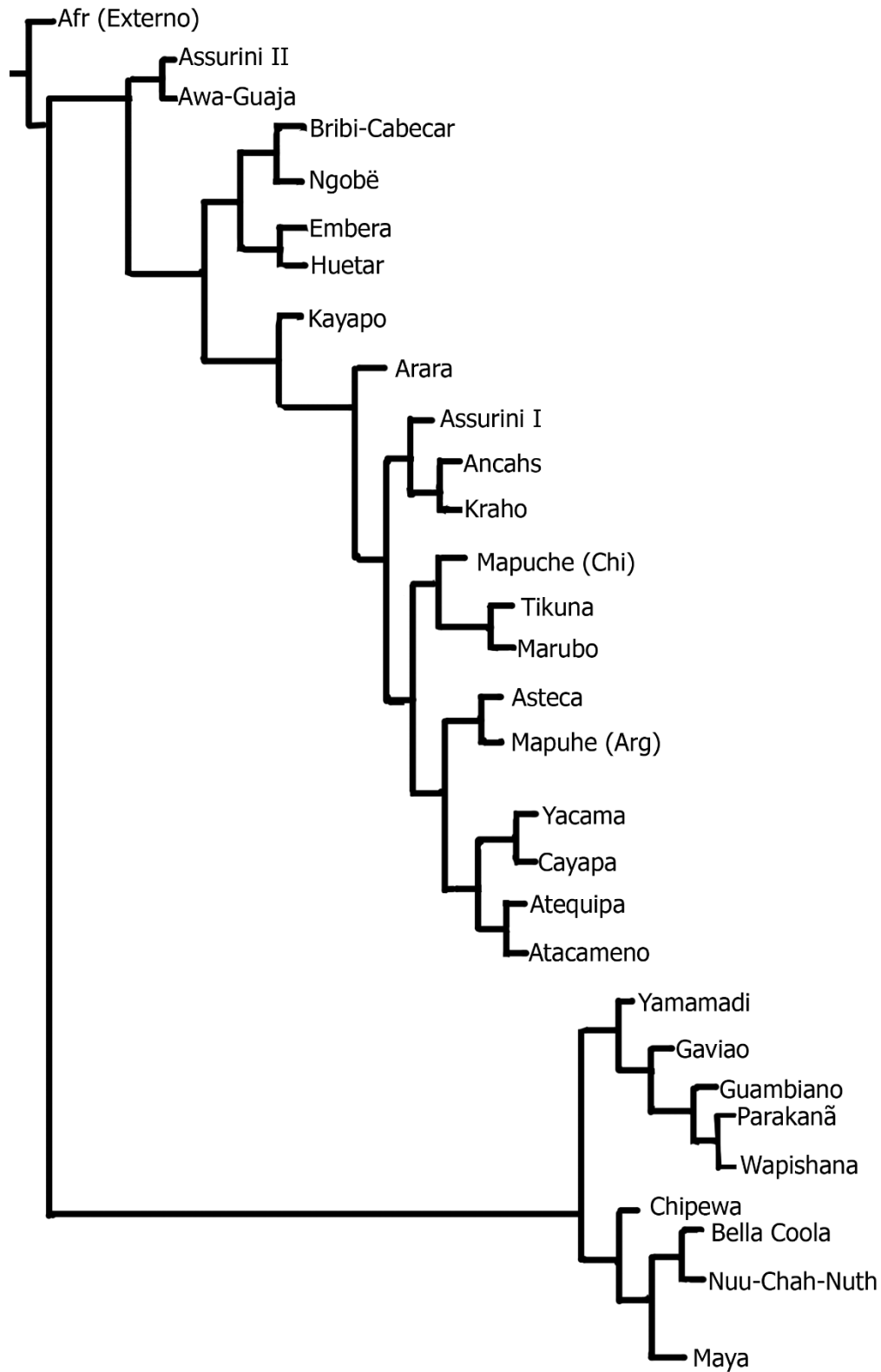


Figura 17 – Cladograma gerado pelo *wTNT*®, em base na matriz de dados analisada selecionado em comparação ao mapa da imagem 8, e readaptada pelo programa *Photoshop*®. Fonte: Leitura do programa *wTNT*® da matriz em código.

6.1.1 Asiático-Sul

O grupo asiático-sul I é composto pelas populações Asurini-II e Awa-Guaja (Figura 18), localizados no Nordeste do Brasil, esse grupo é caracterizado pela completa presença do haplótipo A, com completa ausência de outros grupos gênicos, este haplogrupo não possui correspondência migratória direta para as Américas, originário da região do Oriente Médio até a região da atual Índia. Considerando que o grupo aborígene oceânico tenha sido populado por indivíduos desta região geográfica, vale supor que nos pelo menos 55 mil anos de povoamento das américas pelos indígenas oceânicos, o grupo asiático-sul, acabou transmitindo principalmente os genes do haplogrupo A.



Figura 18 – Localização do grupo asiáticos-sul no cladograma e no mapa das Américas. Fonte: Recorte das figuras 11 e 6.

6.1.2 Asiático/Indígena Oceânico

O grupo asiático aborígene oceânico é composto pelas populações Bribi-Cabecar, Ngöbe, Embera e Huetar, localizados ao Norte da América do Sul e na América Central (Figura 19), este grupo apresenta predominantemente características do haplogrupo A, com considerável presença do haplogrupo B. Como o haplogrupo B é representado pelos indígenas oceânicos e as etnias que representam o haplogrupo A não possuem migração direta para as Américas, reforça a ideia citada no tópico anterior (6.1.1), onde os grupos indígenas da Oceania colonizaram a América do Sul e de alguma forma transmitiram para estes grupos principalmente o haplótipo A.

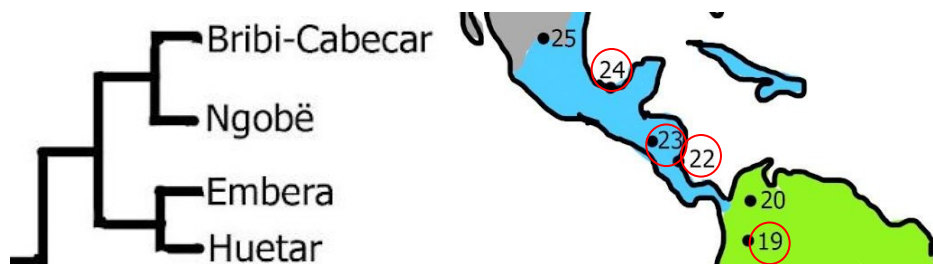


Figura 19 – Localização do grupo asiático/indígena oceânico no cladograma e no mapa das Américas. Fonte: Recorte das figuras 11 e 6.

6.1.3 Indígena Oceânico-Sul

O grupo oceânico-sul é composto pelas populações Kayapo, Arara, Assurini I, Ancahs e Kraho, localizados extritamente na América do Sul (Figura 20), este grupo apresenta como característica predominante o haplogrupo B. A presença de um grupo inteiramente Sul-Americano com predominância do haplogrupo B, reforça a ideia de uma migração transpacificica pelos alborigenes da Oceanica colonizando a América do Sul.

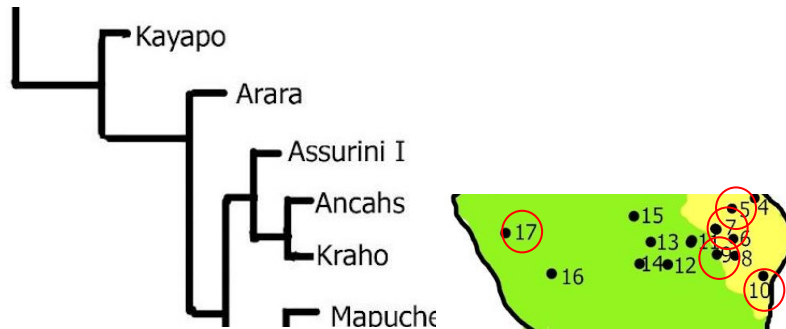


Figura 20 – Localização do grupo indígena oceânico-sul oceânico no cladograma e no mapa das américas. Fonte: Recorte das figuras 11 e 6.

6.1.4 Indígena Oceânico-Sul/Norte

O grupo indígena oceânico-sul/norte é composto pelas populações Yacama, Cayapa, Arequipa e Atacameno, predominantemente localizados na América do Sul, porém a população Yacama fica localizado nos EUA (Estados Unidos da América), América do Norte (Figura 21). A característica predominante deste grupo é do haplogrupo B, dentro dos resultados estimados era esperado que na América do Norte a predominância fosse do haplogrupo D e na América do Sul do haplogrupo B, mesmo que esta predominância tenha se mantido não era esperado que a população Yacama tivesse uma predominância do haplogrupo B, podendo assim indicar não apenas uma rota de colonização transpacific, mas sim duas, uma pela costa oeste da América do Norte e outra pela costa oeste da América do Sul.

6.1.5 Indígena Variável-Sul/Centro

O grupo indígena variável-sul é composto pelas populações Mapuche (Arg), Tikuna, Marubo, Asteca e Mapuche (Arg) (Figura 22), este grupo é um grupo muito miscigenado, apresentando uma carga genética muito variada, não se aproximando intimamente de nenhum haplogrupo específico, apresentando populações de haplogrupo B, C e em menor quantidade próximo a América central haplogrupo D. Estes grupos provavelmente antes da colonização habitavam regiões de extrema migração, representando o encontro entre múltiplas populações indígena.

6.1.6 Indígena Variável-Norte

O grupo variável-norte é composto pelas populações Chipewa, Bella-Coola e Nuu-Chah-Nuth (Figura 23), este grupo é muito miscigenado, porém sua predominância genética está dentro dos grupos asiáticos, característica provavelmente herdada de sua proximidade das tribos nômades que atravessaram a beringia.

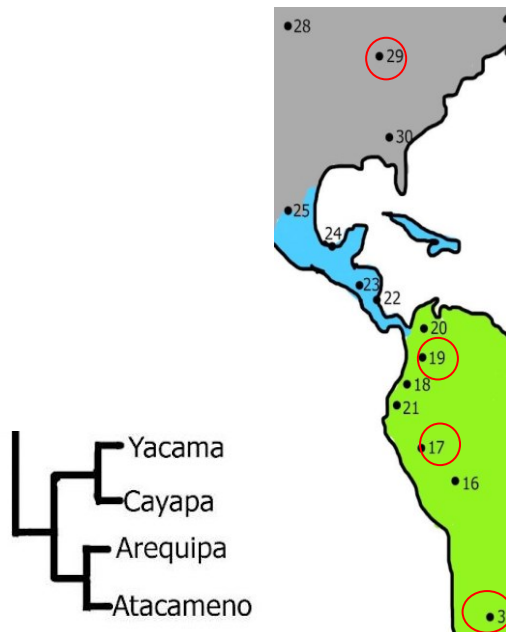


Figura 21 – Localização do grupo indígena oceânico-sul/norte oceânico no cladograma e no mapa das américas. Fonte: Recorte das figuras 11 e 6.

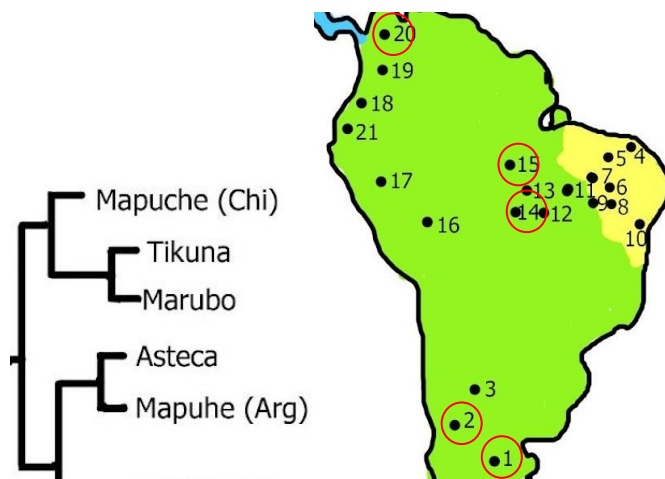


Figura 22 – Localização do grupo indígena oceânico-sul/centro oceânico no cladograma e no mapa das américas. Fonte: Recorte das figuras 11 e 6.

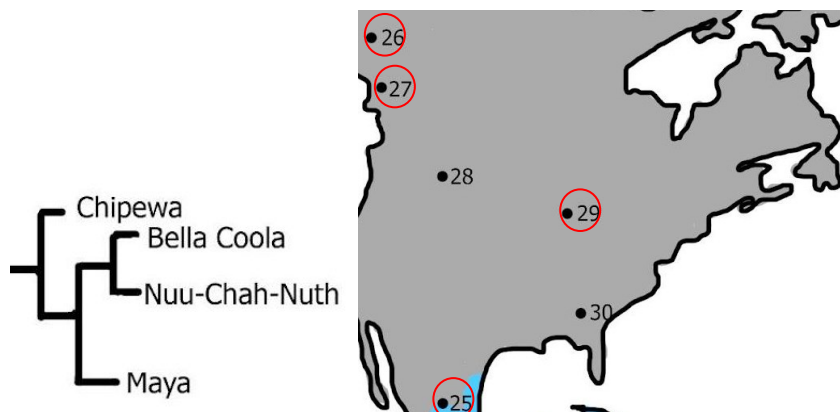


Figura 23 – Localização do grupo indígena variável-norte oceânico no cladograma e no mapa das américas. Fonte: Recorte das figuras 11 e 6.

6.1.7 Indígenas Variável Asiático-Sul

O grupo variável asiático-sul é composto pelas populações Yamamadi, Gaviao, Guambiano, Parakanã e Wapishana (Figura 24), o grupo possui uma enorme variabilidade genética, possuindo certa predominância do haplogrupo D, como o grupo variável norte (6.1.6), logo uma característica herdada dos grupo normades que atravessaram a beringia, porem diferentemente do grupo oceânico sul/norte (6.1.4), o grupo variável asiático-sul não possui uma homogeneidade genética, fazendo que a justificativa mais parcimoniosa para a proximidade dos dois grupos, seja de uma rota migratória convergente nas américas, no qual estes grupo tiveram um intercambio genetico.

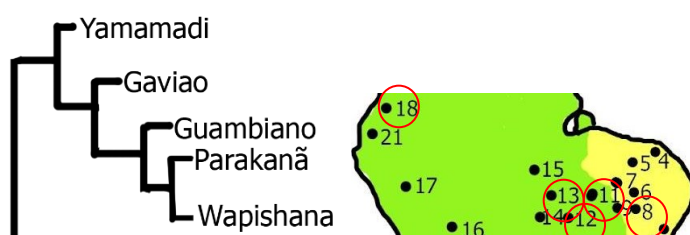


Figura 24 – Localização do grupo indígena variável asiático-sul no cladograma e no mapa das Américas. Fonte: Recorte das figuras 11 e 6. (O cladograma precisa ser revisado).

6.2 Rotas migratórias dentro da América

Considerando a observação individual dos grupos no cladograma e no mapeamento dos haplogrupos das populações indígenas algumas observações devem ser ressaltadas para construção de uma rota migratória nas Américas:

1. O haplogrupo D aparece nos grupos analisados sempre de maneira miscigenada, e se manifestam de maneira mais comum nas populações da América do Norte, possivelmente pela travessia de grupos nômades mongóis através da Beringia;
2. Algumas populações apresentam enorme semelhança hereditária com populações aborígenes oceânicas, sendo muito mais comum na América do Sul, possuindo também sua presença na América do Norte (Figura 25), indicando a possibilidade de duas rotas migratórias transatlântica;
3. A enorme miscigenação na maioria dos grupos indica um grande intercambio genético entre todas as tribos ao longo da América.
4. A datação dos povos pré-históricos da América do Sul pelos sítios arqueológicos da Serra da Capivara é datada de pelo menos 55.000 anos, já os registros de travessia pela Beringia são datados de pelo menos 12.000.

Assim três rotas principais de colonização da América são possíveis, uma travessia das populações aborígenes oceânicas pelo transatlântico chegando a costa oeste da América do Sul a mais de 55.000 anos, uma rota migratória de data não especificada de travessia dos aborígenes oceânicos pelo transatlântico até a costa oeste da América do Norte, por última a travessia de povos nômades de origem mongol através da Beringia, atravessando o corredor livre de gelo pelo Canadá, EUA até o México a pelo menos 12.000 anos. Ao longo de milhares de anos essas tribos vagaram pelas Américas, se estabelecendo e criando sociedades, quais possivelmente chegaram a se encontrar e se relacionar, promovendo um enorme intercambio genético.

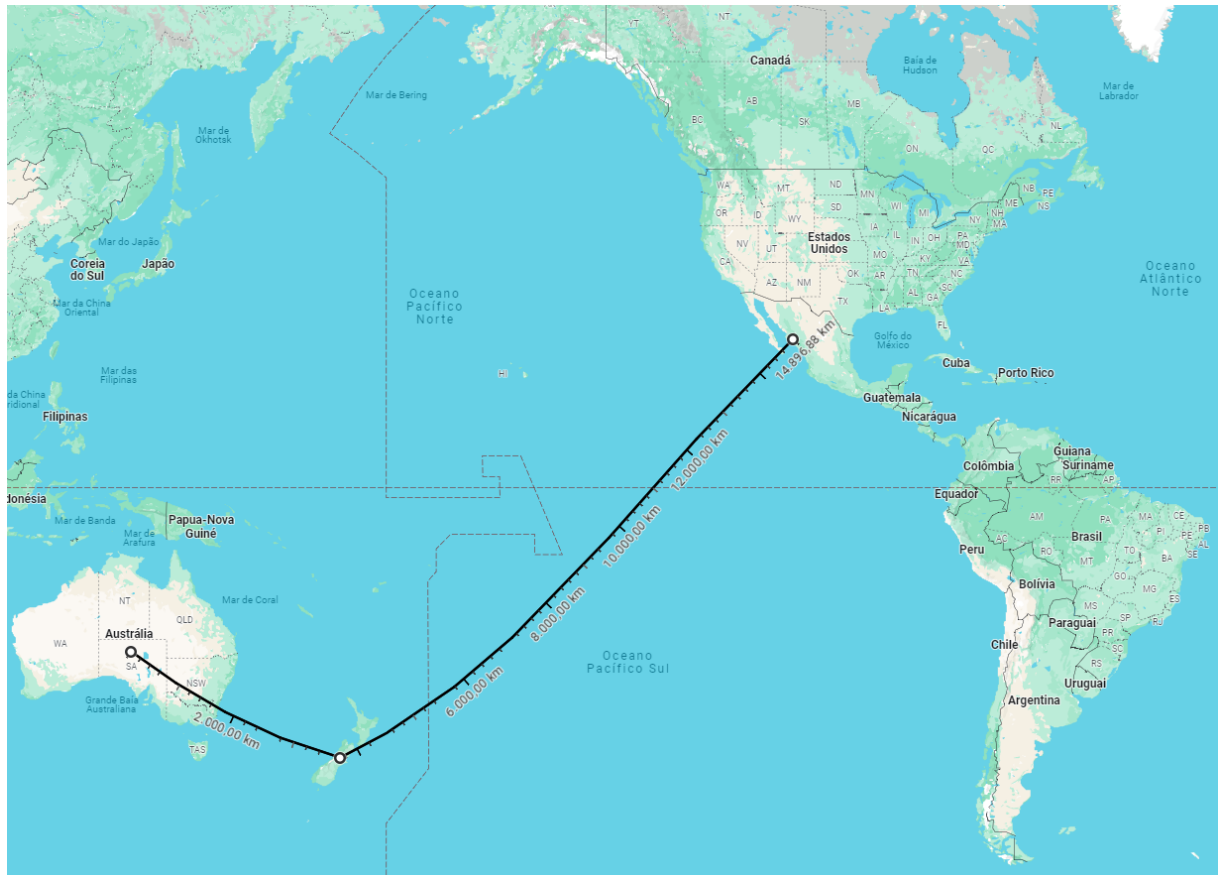


Figura 25 – Distância entre Austrália e Nova Zelândia para costa do México. Possivelmente dentro do terceiro movimento de dispersão humana o ser humano cruzaria diversas regiões do globo migrando da Oceania até a América do Sul, em uma distância de 14.896Km (considerando uma linha reta). Fonte: Mapeamento feita pelo *Google Earth*®.

7. CONSIDERAÇÕES FINAIS

O objetivo deste trabalho foi de revisar a teoria da dispersão conlonial, se aprofundando no povoamento das américas, utilizando como fonte central da teoria os povos pré-históricos dos sítios arqueológicos do Parque Nacional Serra da Capivara (PI), utilizando principalmente de literatura arqueogenética para fundamentar a pesquisa, e indicar que a origem do homem nas américas não vem de uma rota migratória linear.

Entender a dispersão colonial humana é de muita importância social pois fundamenta a relação ser-lugar, podendo assim entender a origem, reconhecer as redes sociais e valorizar a existência e origem de povos que existiram ou que ainda existem.

Os objetivos não foram cumpridos em sua totalidade, conseguimos indicar que a primeira colonização da América não ocorreu por uma migração linear, com uma rota mais antiga vindo da Oceânia para a costa oeste da América do Sul e outra mais recente vindo da Ásia pelo corredor livre de gelo no Canadá, além de indicar uma rota inesperada vindo da Oceânia até a costa oeste da América do Norte. Porém, o mapeamento dos haplogrupos humanos dos nativos americanos tiveram que se restringir às populações remanescentes, que devido à invasão europeia, e as diversas migrações dessas populações na atualidade, não permite que sejam dados tão conclusivos quando usados de maneira isolada, os dados fósseis de morfologia craniana mesmo que corroborem com os resultados eles podem apenas indicar traços de origem mas não o fluxo de dispersão de um povo. Assim três propostas de pesquisa tem a possibilidade de resolver o impasse teórico referente à primeira colonização das Américas:

- Estudos que qualifiquem o uso dos tecidos moles de fósseis preservados escavados no Parque Nacional da Serra da Capivara.
- Uma revisão de dados que consiga abranger o máximo possível de populações nativas americanas em toda a extensão continental.
- O estudo filológico dos ramos linguísticos destes povos nativos, que indique as heranças culturais e tecnológicas entre os povos remanescentes.

8. REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, T. F. **Análise da dispersão das populações nativas americanas: uma abordagem genético-fisiográfica**. 2011. 378p. Dissertação (Mestrado em Biologia Genética) – Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo, São Paulo, 2011.
- ARNFIELD, A. J. Köppen climate classification. **BRITANNICA**, out. 2016. Disponível em: <https://www.britannica.com/science/Koppen-climate-classification>. Acesso em 15 set. 2023.
- BARROS, J. S. et al. **Geoparque Serra da Capivara (PI)**. 1 ed. Parnaíba: CPRM, 2012. p. 495-542.
- BERNARDO D. V.; NEVES W. A. Diversidade morfocraniana dos remanescentes ósseos humanos da Serra da Capivara: implicações para a origem do homem americano. **FUMDHAMentos**, Piauí, v. 8, n. 2. p. 95-106, 2021.
- BETTY, D. J. *et al.* Multiple Independent Origins of the COII/tRNA^{Lys} Intergenic 9-bp mtDNA Deletion in Aboriginal Australians. **Am. J. Hum. Genet**, Washington, v. 58, p. 428 – 433, 1996.
- BOËDA. E. *et al.* New data on a Pleistocene archaeological sequence in South America: Toca do Sítio do Meio, Piauí, Brazil. **PaleoAmerica**, Londres, v. 2, n. 4, p. 286-302, out. 2016.
- CARVALHO, B. L. A. **Estudo tafonômico sobre a possibilidade de preservação de DNA antigo nos esqueletos humanos da Toca do Serrote do Tenente Luis, Cabana Brava e Toca da Baixa dos Cablocos: Serra da Capivara, PI – Brasil**. 2019. 228 p. Dissertação (Mestrado em Arqueologia) – Museu de Arqueologia e Etnologia da Universidade de São Paulo, São Paulo, 2019.
- CLAIR. M. S. What linguists should know about ancient DNA: A discussion of methods from the Genetic-Linguistic Interface Project. **ResearchGate**, Stuttgart, jul. 2020.
- DIAS, A. S. Um réquiem para Clovis. **Bol. Mus. Para Goeldi. Cienc. Hum**, Belém, v. 14, n. 2, p. 459-476, 2019.
- ERLANDSON, J. M. After Clovis-First Collapsed: Reimagining the Peopling of the Americas. **ResearchGate**, Oregon, p. 127-132. jan. 2014.
- FORSTER, P. e MATSUMURA, S. Did Early Humans Go North or South?. **Science**, v. 308, p. 965 – 966, mai. 2005.
- GUÉRIN. C; et al. Paléoenvironnement Pléistocène Dans L'aire Archéologique São Raimundo Nonato (Piauí, Brésil): Apport des mammifères et des oiseaux. **Docum. Lab. Géol.** Lyon, n. 125, p. 187-202, 1993.
- GUIDON, N. *et. al.* Nota Sobre a Sepultura da Toca dos Coqueiros, Parque Nacional Serra da Capivara, Brasil. **Clio Arqueológica**, Piauí, n. 13, p. 187-197, 1998.
- GUIDON, N. Pedra Furada: uma revisão. **FUMDHAMentos**, Piauí, v. 7, n. 2. p. 380-403, 2006.
- GUIDON, N.; DELIBRIAS. G. Carbon-14 dates point to man in the Americas 32.000 years ago. **Nature**, Londres, v. 321, p. 769-771, jun. 1986.
- GUIMARÃES, S. P. O Mundo Multipolar e a Integração Sul-Americana. **Temaz & Matrices**, Paraná, n. 14, p. 58-72, 2008.
- HANDLEY, L. J. L. Going the distance: human population genetics in a clinical world. **TRENDS in Genetics**, Cambridge, v. 23 n. 9, p. 423-439 Jul. 2007.

HARIHARA, S. *et al.* Frequency of a 9-bp Deletion in the Mitochondrial DNA among Asian Populations. **Human Biology**, Detroit, v. 64 n. 2, p. 161-166 apr. 1992.

HAYNES, C. V. Fluted Projectile Points: Their age and dispersion. **Science**. Arizona, n. 145, p. 1408-1413, set. 1964.

HAYNES, C. V. Monte Verde and the Pre-Clovis Situation in America. Scientific American Discovering Archaeology. **Scientific American Discovering Archaeology**, Arizona, jan. 1999.

HEINTZMAN, P. D; et al. Bison Phylogeography Constrains Dispersal and Viability of the Ice Free Corridor in Western Canada. **PNAS**, California, n. 1, p. 1-7, 2016.

KLEIN, Richard G. e EDGAR, **Blake**. **The Dawn of Human Culture: A Bold Theory on What Sparked the “Big bang” of Human Consciousness**. Nova York: John Wiley & Sons, 2005. 179 p.

LOURDEAU, A. A Serra da Capivara e os Primeiros Povoamentos Sul-americanos: uma revisão bibliográfica. **Bol. Mus. Para Goeldi. Cienc. Hum**, Belém, n. 2, p. 367-398, 2019.

MARANCA, S. A Toca do Gongo I: Abrigo com sepultamentos nos estados do Piauí. **Ver do Mus Paul**, Piauí, v. 23, p. 159-173, 1975.

MCDUGALL, I. *et al.* Statigraphic placement and age of modern humans from Kibish, Ethiopia. **Nature**, v. 433, p. 733-736, 2005.

MELLO, C.; ALVIM, M. e FERREIRA, F. J. L. Os esqueletos do abrigo Toca do Paraguaio, município de São Raimundo Nonato, Piauí. **Cad Pesqui Teresina**, Piauí, v. 4, p. 239-258, 1985.

NEVES, W. A. Uma Proposta Pragmática Para Cura e Recuperação de Coleções de Esqueletos Humanos de Origem Arqueológica. **Bol Mus Para Emílio Goeldi**, São Braz, v. 4 n. 1, p. 3 – 26, 1988.

PEREGO, U. A. *et al.* Distinctive Paleo-Indian Migration Routes from Beringia Marked by Two Rare mtDNA Haplogroups. **Current Biology**, v. 19, p. 1 – 8, jan. 2009.

PEREGO, U. A. *et al.* Distinctive Paleo-Indian Migration Routes from Beringia Marked by Two Rare mtDNA Haplogroups. **Current Biology**, Pavia, v. 19, n. 1, p. 1-8, 2009.

PRASCIUNAS, M. M. **Clovis First? Na analysis of space, time, and technology**. 2008. 12 p. Tese (Doutorado em filosofia e antropologia) - Department of Anthropology and the Graduate School of the University of Wyoming, Laramie, 2008.

PROUS, A. O Povoamento da América visto do Brasil: Uma perspectiva crítica. **Revista USP**. São Paulo, n. 34, p. 8-21, ago. 1994.

SANT'ANNA, V. M. Ciências e Sociedade no Brasil. **Edições Símbolo**, São Paulo, p. 81-83, 1998.

SILVA, J. S. **Análise da Variabilidade do mtDNA na População Brasileira**. 2000. 135 p. Tese (Doutorado em Bioquímica e Imunologia) – Instituto de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2000.

SILVA, M. A. C. **Perspectiva Genômica Sobre a Origem, História e Diversidade dos Povos Indígenas da América do Sul: Do povoamento inicial à colonização europeia**. 2000. 137 p. Tese (Doutorado em Biologia Genética) - Instituto de Biociência da Universidade de São Paulo, São Paulo, 2000.

STONEKING, *et al.* Population variation of human mtDNA control region sequences detected by enzymatic amplification and sequence-specific oligonucleotide probes. **Am J Hum Genet**, Emeyville, v. 48, n. 2, p. 370-382, 1991.

STONEKING, M. e DELFIN, F. The Human Genetic History of East Asia: Weaving a Complex Tapestry. **Current Biology**, v. 20, n. 4, p. 189 – 193, feb. 2010.

STRAUSS, A. *et al.* Human Skeletal Remains From Serra da Capivara, Brazil: Review of the available evidence and report on new findings. **DFG**, Tubingen, ed. Katerina Harvati, Gerhard Jäger, Hugo Reyes, p. 153-151, 2018.

STRINGER. C. Out of Ethiopia. **Nature**, Londres, v. 423, p. 692-695, jun. 2003.

TORRONI, A. *et al.* mtDNA Variation of Aboriginal Siberians Reveals Distinct Genetic Affinities with Native Americans. **Am J Hum Genet**, Atlanta, v. 53, n. 3, p. 591-608, sep. 1993.

ZHENG, S. *et al.* Role of mtDNA haplogroups in COPD susceptibility in a southwestern Han Chinese population. **Free Radical Biology and Medicine**, Shanghai, n. 53, v. 3, p. 473-481, 2012.