UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP

Campus de Assis

MARTIM RODRIGUES SAPUCAHY DE ALMEIDA

POVOAMENTO INICIAL DA AMÉRICA E OCEANIA REMOTA:

Perspectivas bioarqueológicas e paleoclimáticas

Assis

2025

MARTIM RODRIGUES SAPUCAHY DE ALMEIDA

POVOAMENTO INICIAL DA AMÉRICA E OCEANIA REMOTA:

Perspectivas bioarqueológicas e paleoclimáticas

Trabalho de conclusão de curso apresentada à Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências e Letras, Assis, para obtenção do título de Bacharelado em Ciências Biológicas.

Orientador: Prof. Dr. Felipe Nascimento Sousa

Assis

2025

A447p

Almeida, Martim Rodrigues Sapucahy de

Povoamento inicial da América e Oceania Remota : perspectivas bioarqueológicas e paleoclimáticas / Martim Rodrigues Sapucahy de Almeida. -- Assis, 2025

59 p. : tabs., fotos, mapas

Trabalho de conclusão de curso (Bacharelado e licenciatura - Ciências Biológicas) - Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências e Letras, Assis

Orientador: Felipe Nascimento Sousa

1. Paleontologia Humana. 2. Paleoantropologia. 3. Paleobiogeografia. 4. Paleoecologia. 5. Antropologia Pré-histórica.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Dados fornecidos pelo autor(a).

MARTIM RODRIGUES SAPUCAHY DE ALMEIDA

POVOAMENTO INICIAL DA AMÉRICA E OCEANIA REMOTA

Perspectivas bioarqueológicas e paleoclimáticas

Trabalho de conclusão de curso apresentada à Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências e Letras, Assis, para obtenção do título de Bacharelado em Ciências Biológicas.

Área de Concentração:

Data da defesa: 14/11/2025

Banca Examinadora:

_____

Prof. Dr. Felipe Nascimento Sousa
UNESP - Faculdade de Ciências e Letras - Câmpus de Assis

_____

Prof. Dr. Edislane Barreiros de Souza
UNESP - Faculdade de Ciências e Letras - Câmpus de Assis

_____

Prof. Dr. Pitágoras da Conceição Bispo
UNESP - Faculdade de Ciências e Letras - Câmpus de Assis

RESUMO

A origem dos primeiros americanos tem sido um tema de muita controvérsia desde pelo menos a metade do século XX. Atualmente, há um consenso de que os indígenas modernos têm um parentesco com os ancestrais dos povos do Leste Asiático, e que chegaram ao continente pelo menos antes de 14 mil anos antes do presente (AP). Mas o quão antigas podem ter sido as primeiras migrações, como foram as dispersões dentro do continente americano e o motivo de existirem rastros genéticos de polinésios em indígenas da América do Sul são exemplos de perguntas não respondidas ou que ainda não chegaram em consensos. Essa revisão bibliográfica tem como objetivo pontuar as evidências consensuais e debatidas da comunidade científica, como também avançar o debate com os dados paleogenéticos e paleoclimáticos já existentes.

Palavras-chave: Povoamento da América, Povos indígenas, Paleontologia, Arqueologia, Paleoecologia, Paleogenética, Último Máximo Glacial, Estreito de Bering, Viabilidade ecológica, Corredor Livre de Gelo, Rota pela Costa do Pacífico, Euroasiáticos do paleolítico, Luzia, Povo Clóvis, Paleo-indígenas, Paleo-Siberianos, Paleo-esquimós, Inuítes, População Y, Austronésios, Sítios arqueológicos Pré-clóvis, Haplogrupos de Nativos Americanos, População Fundadora dos Nativos Americanos.

ABSTRACT

The origin of the first Americans has been a subject of much controversy since at least the mid-20th century. Currently, there is a consensus that modern indigenous peoples are related to the ancestors of East Asian peoples, and that they arrived on the continent at least 14,000 years before present (BP). But how ancient the first migrations may have been, how the dispersals within the American continent occurred, and why there are genetic traces of Polynesians in indigenous peoples of South America are examples of unanswered questions or questions that have not yet reached a consensus. This literature review aims to highlight the consensual and debated evidence from the scientific community, as well as to advance the debate with existing paleogenetic and paleoclimatic data.

Key words: Peopling of the Americas, Indigenous Peoples, Paleontology, Archaeology, Paleoecology, Paleogenetics, Paleo-Indians, Last Glacial Maximum, Bering Strait, Ecological viability, Ice-free corridor, Route along the Pacific coast, Paleolithic Eurasians, Luzia, Clovis people, Paleo-Indians, Paleo-siberians, Paleo-Eskimos, Inuit, Y population, Austronesians, Pre-Clovis archaeological sites, Native American haplogroups, Founding population of Native Americans.

SUMÁRIO

SUMÁRIO **7**
1. INTRODUÇÃO **8**
1.1. OBJETIVOS 8
1.2. MATERIAIS E MÉTODOS 9
2. HIPÓTESE "CLÓVIS FIRST" E O IMPERIALISMO ACADÊMICO **10**
3. MODELOS DE OCUPAÇÃO DA AMÉRICA **13**
3.1. OCUPAÇÃO DA SIBÉRIA E BERÍNGIA 14
3.2. ISOLAMENTO NA BERÍNGIA VS ISOLAMENTO NO NORDESTE ASIÁTICO 16
3.3. CONEXÕES ENTRE LESTE ASIÁTICO E AMÉRICA 17
3.4. UM COMPONENTE BIOLÓGICO VS DOIS COMPONENTES BIOLÓGICOS 20
3.5. MODELO DO FLUXO GÊNICO RECORRENTE 22
3.6. DINÂMICA POPULACIONAL ANTIGA NA AMÉRICA DO SUL 24
4. COMPONENTES GENÉTICOS DA OCEANIA EM INDÍGENAS DA AMÉRICA DO SUL **27**
4.1. POVOAMENTO INICIAL DA OCEANIA 29
4.2. INDÍGENAS NA POLINÉSIA 32
4.3. AUSTRONÉSIOS NA AMÉRICA 33
5. RECONSTITUIÇÃO DOS PALEOCLIMAS ÁRTICOS **35**
5.1. VIABILIDADE ECOLÓGICA DO ÚLTIMO CORREDOR DE GELO 35
5.2. MODELOS DE MIGRAÇÃO PELA COSTA NORTE DO PACÍFICO 39
5.3. CRONOLOGIAS DA VIABILIDADE ECOLÓGICA DE BERING 40
6. EVIDÊNCIAS DE OCUPAÇÕES PRÉ E DURANTE O UMG **43**
6.1. CHIQUEHUITE 43
6.2. WHITE SANDS 44
6.3. SERRA DA CAPIVARA 45
6.4. SANTA ELINA 45
7. DISCUSSÃO E CONSIDERAÇÕES FINAIS **50**
8. REFERÊNCIAS **54**

1. INTRODUÇÃO

De acordo com Bueno (2019), produzir conhecimento arqueológico sobre as colonizações pioneiras das Américas é construir narrativas históricas sobre os povos Indígenas. O autor defende que para investigar a história indígena, é necessário quebrar barreiras ideológicas e metodológicas, como por exemplo: entender a "pré-história Americana" como história indígena, parar de resumir a história dos povos indígenas em "pré e pós colonização" e, por último, incorporar discursos e narrativas na perspectiva de "tempo profundo" ou "história profunda".

Bueno (2019) defende uma mudança metodológica e na abordagem das pesquisas antropológicas e paleontológicas na história profunda do continente Americano, orientando a não propagar discursos enviesados, ter a sensibilidade de que estamos lidando com histórias de povos ainda existentes e manter um rigor científico nas análises para avançar nos debates acadêmicos:

> Também propomos a reflexão crítica sobre a aplicação dos critérios científicos para validação das informações e sua relação com a discussão sobre processos de ocupação da América, incorporando dados de pesquisas vinculadas ao debate sobre a dinâmica de colonização de locais pouco ocupados e/ou pouco conhecidos e procurando trabalhar com enfoque essencialmente contextual, fundamentado em um diálogo entre escalas de análises distintas. (Bueno, 2019)

Levando em consideração os apontamentos realizados pelo autor, esse estudo propõe a incorporação de dados obtidos pela análise genética de fósseis e populações indígenas, extintas e ainda existentes, para incrementar nos debates sobre ocupações ameríndias pioneiras e as culturas que posteriormente os sucederam.

A paleogenética tem muito a contribuir nessas questões, pois os fluxos migratórios, ocupações humanas e datações de eventos podem ser reconstituídos e estimados a partir dos mecanismos de ancestralidade genética, na qual estruturas genéticas, mutações genéticas e até organelas são herdadas de gerações anteriores a partir da reprodução sexuada.

1.1. OBJETIVOS

A proposta deste estudo é discutir e revisar cenários de acordo com as novas pesquisas a fim de propor um discurso narrativo sobre as ocupações humanas no continente americano. O objetivo é compilar as pesquisas e dados mais recentes quanto às ocupações humanas na América como um todo, sob uma abordagem antropológica, Paleogenética e inferência de modelos biogeográficos para reconstituir paleoclimas e migrações humanas antigas.

Para cumprir com tais metas, primeiro há uma necessidade da contextualização dos debates, para entender como as discussões evoluíram, como certos tabus foram gerados e entender quais evidências controversas podem ser interessantes no debate.

Em seguida foi realizado um apanhado de evidências que ligam os povos indígenas com povos do Leste Asiático, como também as evidências de que a rota mais provável para as primeiras habitações na América seria pelo estreito de Bering. Em outras palavras, são ponderações sobre as teorias mais consensuais sobre as primeiras habitações humanas na Sibéria, Beríngia e América.

Porém, levando em consideração os sítios arqueológicos com datações mais antigas, mesmo sendo as datações mais aceitas ortodoxamente pelo imperialismo acadêmico Norte Americano, já evidenciam que ainda há muito o que se discutir em como a travessia foi realizada do estreito de Bering para o Interior da América do Norte há mais de 14 mil anos Antes do Presente (AP), quando a passagem por terra era bloqueada pela calota polar que cobria Alaska, Canadá e parte dos EUA.

Depois de Pontuar as limitações sobre modelos teóricos alternativos da “travessia do Corredor de Gelo” tradicional, será abordado as pesquisas paleo-genéticas recentes sobre as populações antigas da América, Ásia e Oceania, a fim de contextualizar e compreender como se sucederam as migrações e dinâmicas populacionais antigas.

O fato é que as ocupações pioneiras das Américas é um tema complexo com muitas questões ainda a serem respondidas, exigindo um melhor diálogo entre evidências disruptivas com os modelos mais tradicionais sobre a Ocupação Humana nas Américas.

1.2. MATERIAIS E MÉTODOS

Os artigos abordados nesta revisão bibliográfica se concentram, em grande maioria, em publicações de renomadas revistas científicas e de bibliotecas virtuais que publicam artigos periódicos, que podem ser facilmente acessadas pela internet. As revistas e plataformas mais acessadas são artigos publicados na Science, Nature, PNAS, PLOS one, Springer Open, Fapesp, SciELO e entre outros.

Os artigos analisados possuem uma abordagem multidisciplinar no geral, e muitas dessas publicações tinham como estudo evidências arqueológicas e paleontológicas (ferramentas, fogueiras, fósseis de sepultamentos, fósseis de caças e alimentos etc), reconstituições paleoclimáticas, análise genética, análise morfométrica de fósseis humanos e até mesmo outras revisões bibliográficas sobre o assunto. A maioria das publicações se

concentram entre os anos de 2015 a 2025, por conta de serem mais recentes nos resultados amostrados como também por possuírem bancos de dados maiores para auxiliar na abordagem paleogenética nas investigações de migração humana. Foram também analisados artigos mais antigos e outras revisões bibliográficas que ajudaram na contextualização histórica das investigações e debates sobre o surgimento dos povos Indígenas no continente Americano.

2. HIPÓTESE "CLÓVIS FIRST" E O IMPERIALISMO ACADÊMICO

A princípio, a antiguidade da ocupação humana no Continente Americano não era algo muito aceito no mundo acadêmico, e as primeiras evidências de ocupação no Pleistoceno geraram controvérsias e disputas no meio acadêmico entre instituições, profissionais e amadores (Dias, 2019). Durante o século XIX e o início do século XX, evidências de que a antiguidade Pleistocênica das Américas poderia ser equiparada à da Europa eram fortemente criticadas, perseguidas e rejeitadas, originando a "Guerra Paleolítica" nos meios acadêmicos. Essas disputas na pesquisa só foram resolvidas quando os sítios arqueológicos de Folsom e Clóvis (figura 1) foram arduamente analisados e aceitos no meio acadêmico com uma certa relutância, em 1927 (Meltzer, 2015 *apud* Dias, 2019).

> A 'Grande Guerra Paleolítica' foi um assunto complexo que girava em torno de quais tipos de evidência eram conclusivos, como poderiam ser verificados e por quem. Ocorreu quando a paleontologia, a geologia do Pleistoceno, a geoquímica e a arqueologia paleolítica estavam em seus estágios iniciais de formação nos EUA. (Meltzer, 2016)

Figura 1. Pontas de lança da Cultura Clóvis.

Exemplares de pontas de Lança da cultura Clóvis que datam de aproximadamente 13.000 anos AP. Elas foram encontradas (da esquerda para a direita) em Wisconsin, Wisconsin, na fronteira entre Wisconsin e Illinois, Illinois, Ohio e Geórgia.

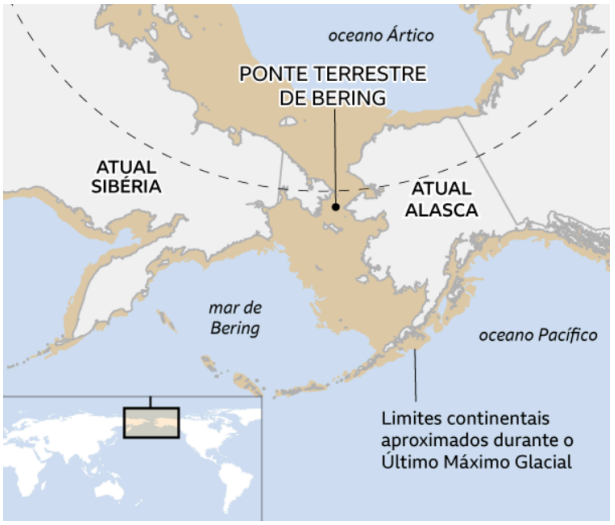


Fonte: Wikimedia Commons.
https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Clovis_spearpoints_-_Cleveland_Museum_of_Natural_History.jpg

Segundo Waters (2020) as ferramentas pertencentes à Cultura Clóvis surgiram há aproximadamente 13 mil anos, perdurando por pouco tempo, até aproximadamente 12 mil anos, coincidindo com a extinção da megafauna. Sítios arqueológicos como o de Clóvis (Novo México) e Folsom (Califórnia) já demonstraram que o humano já estava na América há pelo menos 12 mil anos, coincidindo com o final do Pleistoceno. Mas um esboço teórico para a ocupação humana viria a se tornar consenso em 1941, quando associaram essas ocupações, até o momento as mais antigas já descobertas, com a rota terrestre do Estreito de Bering. Essa rota foi estabelecida a partir do derretimento parcial das geleiras, formando um corredor que conectava o Leste Asiático e Alaska com o interior da América do Norte, pelo menos até o momento em que a geleira não recuou totalmente na região do Canadá (figura 2). Subsequentemente, ocorreu uma rápida colonização do continente por conta da caça especializada de megafauna, na qual eventualmente também teria provocado a sua extinção (Meltzer, 2016 *apud* Dias, 2019).

Figura 2. Reconstituição da Beríngia durante o Último Máximo Glacial (UGM).

Reconstituição Geográfica do Estreito de Bering Durante o UGM, que ocorreu entre 26 mil a 19 mil anos AP. O aumento das geleiras cobriu o Canadá e abaixou o nível do mar, conectando a Sibéria com o Alaska. A região em cor bege é a reconstituição dos limites terrestres na região ártica durante a Glaciação.



Fonte: BBC; NPS

https://www.bbc.com/portuguese/resources/idt-3c7cd43a-42e9-4379-a5f1-a02af109fabf

Essa teoria ficou conhecida como “Clovis First”, e a relação dessas ferramentas líticas (figura 1) com a megafauna corroborou com a hipótese de que os humanos extinguiram a megafauna da América à medida que se espalharam (Overkill model). Foi um avanço para o debate na época, já que por boa parte do século XX não se tinha conhecimento de sítios arqueológicos mais antigos. Essa teoria viria a se tornar mais uma barreira e paradigma para outros avanços, pois os argumentos metodológicos passaram a se orientar para validar os modelos “Clovis First” e “Overkill” (Meltzer, 1989; Kelly, 2003 *apud* Dias, 2019). Dessa forma, sítios arqueológicos pré-Clóvis que não se enquadraram no padrão vigente eram negligenciados ou excessivamente rejeitados, tanto em sítios arqueológicos dos EUA, mas principalmente da América Latina.

Isso se intensificou à medida que a arqueologia se tornava um comércio lucrativo para empresas privadas que financiavam pesquisas e instituições. Ter um retorno desses investimentos com publicações, exposição da grande mídia, eventos e interesses de outras instituições privadas ou da própria UNESCO se tornaram grandes atrativos para os investidores (Watson, 1995; O’Brien *et al.*, 2005 *apud* Dias, 2019).

Esse imperialismo acadêmico se perpetuou até o final do século XX, quando finalmente os defensores do modelo “Clovis First” aceitaram as datações do sítios arqueológico de Monte Verde, sul do Chile, descoberto em 1976 e só aceito academicamente

em 1999, após o congresso “Paleoamerican origins: beyond Clovis” realizado na Cidade de Clóvis, Novo México, EUA. Após as datações do sítio de Monte Verde quebrarem a barreira “Clovis First”, abriu-se um precedente para outras teorias, rotas e datações serem debatidas (Dias, 2019).

Como também aponta Waters (2020), “A crença de que as ferramentas de Clóvis foram deixadas para trás pelas primeiras pessoas a entrar nas Américas mudou com a descoberta de sítios anteriores a Clóvis na América do Norte e do Sul”.

Portanto, diversas culturas paleolíticas possuem datações contemporâneas ou anteriores às do Sítio Clóvis, tanto na América do Norte quanto na América do Sul. Entre essas culturas, podemos destacar algumas de interesse para esse estudo: Complexo lítico de El Jobo, Pontas de Projétil Fell ou pontas de peixe, tradição caule ocidental, fósseis na América do Sul contemporâneos ao indivíduo Clóvis Anzic-1, como o fóssil de Luzia, além de outras culturas paleolíticas com datações do Início do Último Máximo Glacial ou até mesmo anteriores ao UMG (Briceño & Céspedes, 2021; Carlini, et al., 2022; Prates & Perez, 2021; Davis et al., 2022; Da-Gloria, Oliveira & Neves, 2017, Becerra-Valdivia & Higham, 2020).

3. MODELOS DE OCUPAÇÃO DA AMÉRICA

Em 2013, foi realizado o Evento “Paleoamerican Odyssey”, organizado pela Texas A&M University, no Novo México, com o propósito de exibir artefatos e evidências de ocupações humanas de diversos sítios arqueológicos da Cultura Clóvis e de outras culturas, intituladas “Extra-Clóvis”, a fim de discutir e propor novas cronologias, rotas de dispersão e modelos de dispersão de humanos nas Américas. Algumas das novas propostas se alinharam, outras se destoam; enquanto que certas evidências menos ortodoxas ainda tinham uma certa resistência devido ao resquício do imperialismo acadêmico, criado no século XX, para manter a Hipótese “Clovis First” como soberana. Principalmente as evidências de sítios arqueológicos latinoamericanos tiveram uma resistência e desinteresse maior nos debates por parte de outros palestrantes e entusiastas (Dias, 2019).

De modo geral, as evidências que tiveram maior consenso na comunidade científica, tanto no evento do Novo México quanto em estudos posteriores, foram as evidências arqueológicas que ligam os povos indígenas com povos do leste asiático para o surgimento dos primeiros americanos. Ainda assim, outras rotas para as populações pioneiras foram levantadas, como uma migração transatlântico direta da Europa para a América do Norte, sendo defendida por antropólogos que alegam uma similaridade entre ferramentas Clóvis e as

ferramentas da Cultura Solutrense, encontradas na França entre 22 a 27 mil anos AP (Bradley & Collins, 2013; Collins *et al.,* 2013 *apud* Dias, 2019).

Outra hipótese transatlântica, que levantou muita polêmica, é a rota África - América do Sul, que busca explicar as datações substancialmente antigas encontradas no Sítio arqueológico da Serra da Capivara (Guidon, 2014). Essa hipótese ganhou alguns adeptos entre os entusiastas por conta das reconstituições faciais dos fósseis encontrados em Lagoa Santa, Minas Gerais; porém, as feições de traços negróides são explicadas por Walter Neves não por uma migração transoceânica (Atlântica ou Pacífica), mas sim por uma proximidade fenotípica entre Australasicus que eram encontrados também em populações do Leste Asiático pleistocênico, que por sua vez chegaram nas Américas pelo Estreito de Bering (Neves & Hubbe, 2005). Outro problema na hipótese transatlântica é que as datações são muito debatidas em sua veracidade, e a ausência de comprovações genéticas e arqueológicas inviabilizam esse modelo.

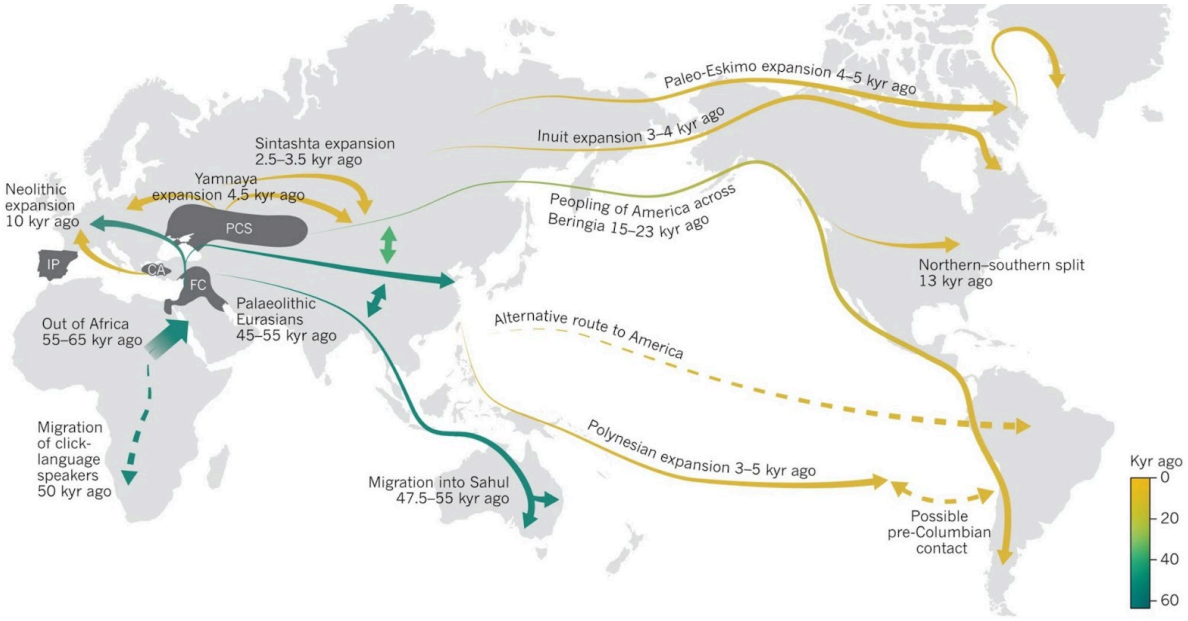
No entanto, essas hipóteses transatlânticas estão cada vez menos em aceitação no meio científico, pois evidências de fósseis antigos e evidências arqueológicas têm demonstrado que os ameríndios se originaram de algum lugar do nordeste da Ásia. O que há de discussões entre os bioantropólogos é se os indígenas modernos descendem de uma única população fundadora ou se houve uma dinâmica populacional antiga entre mais de uma fonte populacional (Dias, 2019), mas essas hipóteses e estudos paleogenéticos serão debatidas nos itens a seguir.

3.1. OCUPAÇÃO DA SIBÉRIA E BERÍNGIA

Devido às evidências que ligam os povos indígenas com os povos do Leste Asiático, é fundamental entender os processos de ocupação da Sibéria e Beríngia para ter uma melhor compreensão das ocupações iniciais da América.

De acordo com o modelo paleoantropológico sobre a origem dos humanos modernos, conhecido por Teoria “Out Of Africa” (OAA), também chamada de Origem Africana Recente, todas as populações não africanas modernas descendem de populações migratórias que saíram da África há aproximadamente 60 mil anos (figura 3). Esse modelo não se contrapõe às evidências de mistura dessas populações modernas com outras populações Sapiens mais antigas e com outras espécies humanas antigas, como Neandertais e Denisovanos (Nielsen et al., 2017; Scerri *et al.,* 2018, Niedbalski & Long, 2022).

Figura 3. Principais migrações humanas globais inferidas por meio de dados genômicos.



Fonte: Adaptado de Nielsen *et al,* 2017.

Disponível em: https://www.nature.com/articles/nature21347

Quanto à ocupação humana na Sibéria, a literatura indica um início há 45 mil anos atrás, quando melhorias ambientais localizadas permitiram a dispersão de humanos do Sudoeste da Ásia para o Norte da China, passando pela Sibéria e Mongólia e deixando evidências de ocupações em sítios como Lago Baikal, Ust'-Ishim, Kara-Bom e outros (figura 4) (Shichi et al., 2023). No mesmo período de 45 mil A.P, também há evidências de presença humana no norte da Sibéria, tanto em fósseis humanos em um contexto não arqueológico (Fu et al., 2014) quanto em mamutes com marcas de ferramentas de caça, comprovando que a presença de mamute foi essencial para a disseminação humana e desenvolvimento de culturas no ártico (Pitulko *et al.,* 2016).

Figura 4. Dispersão de grupos humanos na Sibéria.

Modelo de dispersão inferida pelas indústrias iniciais do Paleolítico Superior, originárias do sudoeste da Ásia e que se estenderam para a Europa, a oeste, e para a Sibéria, a leste.



Fonte: Adaptado de Shichi et al., 2023

Disponível em: https://www.science.org/doi/10.1126/sciadv.adi0189#sec-4

Estudos paleogenéticos recentes têm apontado para um consenso de que as populações indígenas descendem de uma população que ficou isolada e passou por um efeito de deriva genética, que se iniciou entre 40 e 36 mil anos AP, sendo a conexão da Sibéria com a América pelo estreito de Bering a rota mais aceita. É aceito também que o fluxo gênico entre essas populações se perpetuou até aproximadamente 25 a 23 mil anos atrás, quando as populações dos ancestrais dos paleoindígenas e asiáticos não tiveram mais fluxo gênico e se diferenciaram totalmente (Raghavan *et al.*, 2015, Moreno-Mayar, 2018, Niedbalski & Long 2022, Li *et al,* 2023).

As divergências ainda existentes nos modelos de ocupação da América são quando as populações humanas ocuparam a região da Beríngia, como atravessaram para o interior da América do Norte e se essa travessia seria antes, durante ou depois do UMG.

3.2. ISOLAMENTO NA BERÍNGIA VS ISOLAMENTO NO NORDESTE ASIÁTICO

O local da divergência genética entre essas populações ainda é debatido, sendo a hipótese mais aceita tradicionalmente a de que o efeito fundador ocorreu na região do Alaska (Raghavan *et al*., 2015, Moreno-Mayar *et al*, 2018). Outros autores, porém, defendem que o isolamento geográfico ocorreu na Beríngia, região atualmente submergida (Hoffecker, 2016 *apud* Potter, 2017; Bourgeon, 2018), enquanto que outros pesquisadores defendem o

isolamento geográfico mais ainda a oeste da Ásia (Madsen, 2015, Buvit e Terry, 2016 *apud* Potter, 2017).

O modelo de dispersão genético mais influente é o Modelo de Paralisação na Beríngia (MPB) (Tamm et al., 2007 *apud* Da-Glória 2019), apoiado por análises moleculares recentes, na qual defende que as populações ameríndias chegaram na Beríngia há cerca de 25 mil anos, ficaram isoladas entre 9 mil a 2.4 mil AP, e se dispersaram para o Sul das camadas de Gelo após 16 mil anos, não anulando uma expansão pioneira por uma rota marítima e outras migrações posteriores pelo corredor livre de Gelo (Raghavan *et al.,* 2015; Moreno-Mayar *et al.,* 2018; Willerslev & Meltzer, 2021).

Porém, o modelo de permanência na Beríngia têm recebido críticas como a falta da continuidade de sítios arqueológicos na Beríngia e Alaska entre 20 e 15 mil AP. De acordo com Potter (2018), a falta de continuidade de registros fósseis entre 24 mil AP (Bluefish Caves) com outros sítios arqueológicos a leste da Beríngia, na qual só há continuidade de evidências de ocupação humana após 15 mil AP, se contrapõem com sítios arqueológicos abundantes no nordeste da Ásia nesse mesmo período. Essas evidências sugerem uma localização mais a oeste da Beríngia para a localização dos ancestrais dos indígenas antes da migração para a América (Potter *et al.,* 2018).

Jeong e colaboradores (2016) também apontam para uma localização ao leste asiático na formação dos ancestrais dos paleoindígenas, reforçando uma explicação para uma diversidade genética nos grupos fundadores. De acordo com os autores, os povos ancestrais dos paleoindígenas eram nômades que se originaram no sudeste da Ásia, na qual uma população migrou entre o Norte da China e Mongólia, enquanto a outra migrou pela Coreia do Sul e arquipélagos do Japão emergidos durante o pleistoceno, região conhecida como área Paleo- Sahkalin- Hokkaido- Kuril (PSHK). Essas populações se fundiram antes do Último Máximo Glacial na área PSHK, na qual seus descendentes migraram e originaram diversas culturas paleolíticas que posteriormente evoluíram para diversas culturas modernas, como o povo Jômon e atuais Ainus (Japão), Nativos Siberianos (Itelmen e os Chukchi) e Nativos Americanos (Jeong *et al.,* 2016).

3.3. CONEXÕES ENTRE LESTE ASIÁTICO E AMÉRICA

A análise coordenada por Jeong et al. (2016) se alinha com diversos trabalhos que implicam uma certa similaridade cultural entre diferentes povos do paleolítico na região do leste asiático, ártico e américa do norte, o que implicaria num conhecimento tecnológico

semelhante que foi adaptado em diferentes contextos (Bourgeon et al., 2017; McAvoy, Survey & Johnson, 2020; Davis et al., 2022). Dos sítios arqueológicos de interesse para esse estudo, os sítios de “Bluefish Caves”, Cooper’s Ferry e Cactus Hill são os que evidenciam certa similaridade entre ferramentas produzidas no Leste Asiático e América (Bourgeon et al., 2017; McAvoy, Survey & Johnson, 2020; Davis et al., 2022).

Bourgeon et al. (2017) faz uma análise dos fósseis encontrados no Sítio de “Bluefish Caves”, localizado em Yukon, Canadá. Esse sítio se localiza perto da fronteira com o Alaska e apresenta ossos com marcas de ferramentas de pedra. A mandíbula de um cavalo (*Equus lambei*) e a pélvis de um caribu (*Rangifer tarandus*) são os fósseis mais antigos encontrados em uma das cavernas de Bluefish, com idade entre 22 a 24 mil anos AP. De acordo com a autora, as ferramentas são tipologicamente semelhantes às ferramentas da Cultura Dyuktai, que aparecem na Sibéria oriental também nesse período do UMG (Bourgeon *et al.,* 2017).

Alguns cientistas também apontam similaridade entre as ferramentas da Ásia com a América, como o caso mais controverso do sítio Cooper's Ferry, situado em Idaho, Estados Unidos. Davis e colaboradores (2022) analisaram as ferramentas, artefatos, conchas e restos de animais encontrados no Sítio. As ferramentas encontradas pertencem à Cultura Ponta de Caule, também chamada de Tradição Caule Ocidental (TCO), sendo que as ferramentas mais antigas datam de aproximadamente 16 mil A.P. Davis e colaboradores (2022) defendem que as pontas de lâminas TCO são morfologicamente semelhantes às pontas bifaciais do Paleolítico Superior Tardio, especialmente as que são encontradas no Japão (ilhas Hokkaido e Honshu) no período Pré-Jomon. A hipótese do autor é que “essa semelhança compartilhada na tecnologia de ponta de haste pré-Jomon pode apontar para a localização geral ao longo da Bacia do Pacífico noroeste, de onde alguns dos primeiros povos das Américas podem ter se originado entre ~22.000 e 16.000 anos atrás” (Davis *et al.,* 2022).

Outro sítio arqueológico dos EUA que desafia as convenções tradicionais é o sítio arqueológico de Cactus Hill, na qual os componentes Líticos Pré Clóvis (figura 5), junto de outras evidências de ocupação humana mais antigos (Vestígios de lareiras, Pinho branco carbonizado, gramíneas e vestígios de fósforo), foram encontrados numa camada de 20 centímetros abaixo dos artefatos Clóvis mais antigos, todos situados no mesmo sítio arqueológico, que datam de aproximadamente 13 mil A.P. As ferramentas pré-Clóvis incluem ferramentas líticas num padrão triangulado até ferramentas de pré-formato Clóvis num estágio avançado de produção. Isso sugere que a região foi ocupada por diferentes culturas de

caçadores coletores em períodos arqueológicos diferentes (McAvoy, Survey & Johnson, 2020).

Figura 5. Ferramentas líticas Clóvis e Pré-Clóvis encontradas em Cactus Hill

Seis Exemplares de pontas de lança caneladas na linha Superior e dois exemplares Pré-Clóvis em estágio avançado na Linha Inferior. O primeiro e o segundo pontos à esquerda são descritos como do Paleoíndio médio e feitos de jaspe e cristal de quartzo transparente. O terceiro ponto é descrito como um ponto Clovis e feito de quartzo branco. O quarto e o quinto pontos da esquerda são descritos como do Paleoíndio médio e feitos de Riolito. Os dois artefatos na linha inferior são descritos como pré-formas Clovis. Eles representam o estágio final de fabricação de formas de ponta de projétil ou faca. O exemplo quebrado à esquerda é feito de quartzito marrom. O exemplo à direita é feito de sílex.



Fonte: Bostrom, 2009

Disponível em: http://www.lithiccastinglab.com/gallery-pages/cactushill6clovis2preformlarge.htm

Além dessas semelhanças arqueológicas, também há evidências genéticas e linguísticas que ligam os povos indígenas da América com a Ásia. Ao analisar o padrão de aminoácidos das proteínas sanguíneas, como haptoglobinas, e também analisar as variações genéticas que sintetizam proteínas HLA (polimorfismo do sistema leucocitário humano) das células do sistema imune, conclui-se que as populações indígenas possuem um ancestral comum intimamente compartilhado com populações do leste Asiático, principalmente as populações situadas na Sibéria. E além das proteínas sanguíneas, os haplogrupos do DNA mitocondrial encontrados em nativos americanos são os mesmos de populações asiáticas, comprovando que os humanos passaram pela Ásia antes de chegar na América (Salzano & Callegari-Jacques, 1988; Black et al., 1991; Schurr, 2005 *apud* Da-Glória, 2019).

Estudos genéticos comprovam que a maioria dos nativos americanos possui uma maior compatibilidade genética com os siberianos, o que é comprovado por marcadores de ancestralidade uniparentais, como os haplogrupos mitocondriais (DNAmt) A2, B2, C1, C4c e

D4, como também Haplogrupos do DNA do cromossomo Y Q-L54 e C-L1373 (Li *et al.,* 2023).

Análises comparativas do DNAmt da linhagem D4 ameríndias e do Leste Asiático, como China, Tailândia, Japão e outros países, sugerem que as linhagens maternas dos primeiros nativos americanos não estavam restritas apenas à Sibéria, e que a população pioneira de nativos americanos era geneticamente diversa. Outras linhagens de ancestralidade vêm sendo descobertas, apesar de comporem uma parcela bem menor e restrita na genética populacional (pool genético).

Linhagens do norte da Ásia, Leste Asiático, Sudeste Asiático e Australo-Melanésia evidenciam que houve complexos processos de migração e de dispersão nas Américas. O fato de a maior parte do pool genético dos nativos americanos ser compatível com nativos da Sibéria não delimita um cenário de migração único e de uma população homogênea. Tomamos como exemplo as variações de DNAmt D4h3a (Encontrados em Nativos Americanos) e a D4h3b (Encontrados na China e Tailândia); e as variações do Haplogrupo do cromossomo Y C2a, como C2-M217 e C2a-L1373, indicam a existência de uma antiga fonte ancestral, surgida entre 40 e 23 mil AP, que contribuiu para populações que incluem asiáticos orientais, Jomons, siberianos orientais e nativos americanos (Jeong *et al.,* 2016; Li *et al,* 2023).

Por conta dessas e outras evidências (Salzano & Callegari-Jacques, 1988; Black et al., 1991; Raghavan et al., 2015; Da-Glória, 2019; Davis *et al.,* 2022; Li *et al.,* 2023), atualmente há o consenso de que as primeiras populações indígenas passaram pelo leste da Ásia antes de chegarem na América, sendo a conexão da Sibéria com a América pelo estreito de Bering a rota mais aceita. As divergências ainda existentes nos modelos de ocupação da América são quando as populações humanas ocuparam a região da Beríngia, como atravessaram para o interior da América do Norte e se essa travessia seria antes, durante ou depois do UMG.

3.4. UM COMPONENTE BIOLÓGICO VS DOIS COMPONENTES BIOLÓGICOS

Já em relação ao número de migrações para as Américas é a questão com menor consenso entre os pesquisadores, segundo Dá-Glória (2019). Greenberg e colaboradores (1986) propuseram o modelo das Três migrações (MTM), na qual três grupos colonizaram a América com as migrações ameríndias, esquimós-aleutas e Na-dene, sendo que os dois

últimos grupos seriam restritos a região ártica (Greenberg *et al.,* 1986 *apud* Da-Glória, 2019). Na década de 1990, nascia o Modelo de Migração Única (MMU) que ganhou força com as pesquisas sobre coalescência de DNA mitocondrial e do Cromossomo Y (Zegura *et al.,* 2004; Schurr, 2005 apud Da-glória, 2019).

Um outro modelo alternativo de ocupação da América foi desenvolvido baseado nos estudos morfométricos do crânio de fósseis antigos, chamado de Modelo dos Dois componentes Biológicos (MDCBP), desenvolvido por Neves e Hubbe (2005). De acordo com os autores, os fósseis humanos que datam do final do Pleistoceno e Holoceno Inferior (7 a 12 mil AP) possuem uma morfologia craniana diferente dos indígenas atuais e asiáticos do norte; que por sua vez possuem "*crânios curtos e largos; faces altas, ortognáticas e largas; e órbitas e narizes relativamente altos e estreitos*". Ao invés disso, os fósseis mais antigos possuem morfologia craniana mais parecida com povos da Austrália, Melanésia e África, ou seja, "*cranianos estreitos e longos; faces prognáticas, baixas; e órbitas e narizes relativamente baixos e largos*" (Neves & Hubbe, 2005).

Essa morfologia Paleoamericana mais generalista estaria presente em diversos fósseis com mais de 7 mil anos por toda a América, incluindo mais de 80 fósseis em Lagoa Santa (Neves e Hubbe, 2005), e outros locais como Palli Aike, no sul do Chile (Neves et al., 1999), sambaqui fluvial de Capelinha, em São Paulo (Neves et al., 2005), Serra da Capivara, no Piauí (Hubbe et al., 2007), México (González-José et al., 2005) e na América do Norte (Powell et al., 1999 *apud* Neves e Hubbe, 2005).

Vale lembrar que o modelo MDCBP não defende uma migração transatlântica ou transpacífica para explicar a morfologia generalizada dos paleoamericanos ou paleoindígenas.

> "Nenhuma migração transoceânica é necessária para explicar nossas descobertas, porque humanos semelhantes aos paleoamericanos também estavam presentes no Leste Asiático durante o Pleistoceno final e poderiam perfeitamente ter entrado no Novo Mundo através do Estreito de Bering." (Neves e Hubbe, 2005)

Segundo os autores, uma migração mais antiga para a américa (antes de 13 mil AP) carregaria uma linhagem de humanos com uma morfologia craniana mais generalizada, que posteriormente seria substituída e/ou miscigenado por humanos de morfometria craniana mais típicamente Asiática (também chamada de morfometria "mongolóide" ou "Ameríndia"), proveniente de uma migração mais "recente" (Neves & Hubbe, 2005; Neves et al., 2014). Por tanto, a morfologia Ameríndia representaria um segundo componente biológico no pool genético dos povos indígenas, sendo que as mudanças morfométricas mais expressivas começaram a partir do Holoceno Médio (Okumura, 2008 *apud* Neves *et al.,* 2014), ao mesmo

tempo que alguns grupos teriam preservado a morfologia Paleoindígena até o período colonial, como os indígenas do Planalto Central e os Botocudos (Atuí, 2005; Bernardo *et al.,* 2011 *apud* Neves *et al.,* 2014), os Pericus da Baja California, na América do Norte (González-José et al., 2003) e Fueguinos do extremo sul da América do Sul (Lahr, 1995; Turbon et al., 2017 *apud* Da-Glória, 2019).

Por tanto, no modelo sugerido por Neves e Hubbe (2005), a mudança da morfologia paleoamericana para a morfologia ameríndia moderna teria uma origem *ex situ* América, na qual uma segunda migração teria substituído o primeiro componente biológico. Outra hipótese para explicar as mudanças na morfologia craniana dos paleoamericanos para os indígernas modernos seria uma mudança *in situ* América, ou seja, o padrão ameríndio moderno teria surgido em um processo microevolutivo dentro do continente e depois substituído a primeira morfologia paleoamericana, sendo essa teoria mais adepta aos paleogeneticistas que defendem uma origem única para todos os grupos indígenas (por exemplo, Bonatto e Salzano, 1997; Zegura et al., 2004; Tamm et al., 2007 *apud* Neves et al., 2014) do que morfometristas, que defendem o modelo de dois ou mais componentes biológicos (Neves & Hubbe, 2005; Perego et al., 2009; Reich et al., 2012 *apud* Neves et al., 2014).

No modelo *in situ* para mudanças morfológicas, a transição da morfologia Paleoamericana para a ameríndia ocorreu devido a processos microevolutivos locais, como processos evolutivos neutros de deriva genética e fluxo gênico (Powell, 2005 *apud* Neves et al., 2014), ou por conta de seleção natural e pressões evolutivas após o surgimento da agricultura (Perez et al., 2009 *apud* Neves et al., 2014)

Por outro lado, Neves, Hubbe e colaboradores (2005; 2014) argumentam que a diversidade morfológica do continente é muito alta para ser explicada por processos evolutivos locais, por mudanças de estilo de vida (nômade para agricultores) e mudanças climáticas (Neves & Hubbe, 2005; Hubbe et al., 2010 *apud* Neves et al., 2014).

3.5. MODELO DO FLUXO GÊNICO RECORRENTE

Com o avanço e refinamento dos métodos de coalescência e estudos sobre a morfologia Craniana, surgiu o Modelo de Fluxo Gênico Recorrente (MFGR) para conciliar o modelo apoiado pelos geneticistas (MMU) e morfometristas (MDCBP), na qual propõem que a colonização da América seria constituída por duas migrações principais constituídas de três

levas biológicas, além de migrações adicionais que contribuíram com pool genético mais localizado e em menor escala (Da-Glória 2019).

Esse modelo propõe que a primeira leva migratória para a América seria composta de duas levas biológicas distintas, uma que teria originado a linhagem Nativos Americanos do Norte (NAN), chamados também de Ancestral B (ANC-B); e a outra que teria originado a linhagem Nativos Americanos do Sul (NAS), chamados também de Ancestral A (ANC-A). De acordo com os paleo-geneticistas, os grupos de nativos americanos já estavam divididos entre os ramos Norte e Sul antes do aparecimento do povo Clóvis, sendo a datação mais antiga para a separação desses grupos entre 17 mil a 15 mil AP, e que os ancestrais ANC-A e ANC-B divergiram em algum lugar ao sul das camadas de gelo. Vale lembrar que ambos os ramos descendem de uma população ancestral que possuía um forte fluxo gênico entre siberianos (indivíduo fóssil de Mal'ta, etnia Koryak e povos Aleutas) e outros povos do leste Asiático (Etnias Ainu, Han, Nivhk e Yupik) (Raghavan et al., 2015, Jeong et al., 2016; Moreno-Mayar et al., 2018; Scheib et al 2018; Posth et al., 2018; Li *et al.,* 2023).

O ramo de Nativos Americanos do Sul (NAS), representado por paleoindígenas, povos antigos e modernos do México (Povos mesoamericanos), da América Central e do Sul (Povos Caribenhos, Andinos, Amazônicos, Brasileiros e Patagônicos), são mais próximos geneticamente do Povo Clóvis (Indivíduo Anzick-1) do que o ramo Nativos Americanos do Norte (NAN), representados por famílias etnolinguísticas como Algonquian, Na-Dené, Atabaskan, Salishan e Tsimshian. Curiosamente, na América do Sul os indivíduos com maior proximidade e parentesco com o povo Clóvis são os indivíduos fósseis que datam entre o Holoceno Inferior (11 mil AP) e Holoceno Médio (5 mil AP) (Raghavan et al., 2015, Moreno-Mayar et al., 2018; Scheib et al 2018; Posth et al., 2018, Willerslev & Meltzer, 2021).

Em relação à segunda leva migratória, esse evento teria originado os povos antigos e modernos do Ártico, ou seja, Paleo-esquimós, Aleutas, Thule, Inuits e Yupiks. Já outros autores que defendem o modelo MFGR também reconhecem migrações adicionais, como a migração polinésia que teria deixado rastros genéticos em povos da América do Sul (Moreno-Mayar *et al.,* 2018; Willerslev & Meltzer, 2021).

Evidências moleculares apontam que houve um fluxo gênico entre Inuits e indígenas da linhagem NAN que residem na costa Noroeste da América do Norte, como etnias Athabaskan, Tsimshian e Nisga'a, enquanto que as populações da linhagem NAN que habitam a região Leste da América do Norte não possuem evidências de miscigenação, como etnias Cree, Ojibwa e Chipewyan. De acordo com Raghavan e colaboradores (2015), o fluxo

gênico entre apenas uma parte da linhagem NAN com indígenas do Ártico evidencia que esse fenômeno não pode ser utilizado para as explicar as diferenças morfológicas entre etnias das linhagens Sul (NAS) e Norte (NAN) (Raghavan et al., 2015).

3.6. DINÂMICA POPULACIONAL ANTIGA NA AMÉRICA DO SUL

O ancestral comum da linhagem Ancestral A (ANC-A) e da linhagem Ancestral B (ANC-B), podem ser rastreados até a mesma população-fonte na Beríngia. Essa população-fundadora de nativos americanos começou a divergir dos ancestrais asiáticos já por volta de 45 e 36 mil AP, na região do nordeste asiático; mas manteve um alto fluxo gênico com outras populações do leste Asiático até 25 mil AP. Por sua vez, essa população-fonte se separou dos ancestrais ANC-A e ANC-B há aproximadamente 20.9 mil AP, e habitaram o Alaska até pelo menos a idade estimada do fóssil USR1, um representante direto da população fundadora datado em 11.5 mil AP (Raghavan et al., 2015, Moreno-Mayar et al., 2018; Scheib et al 2018; Posth et al., 2018).

Por conta do avanço da paleogenética, o modelo dos dois componentes biológicos para explicar a diferença morfométrica entre os os fósseis da América tem recebido menos apoio da comunidade acadêmica, já que todos os indivíduos antigos nas Américas estão mais intimamente relacionados aos indivíduos indígenas americanos contemporâneos do que a qualquer outra população, com exceção dos povos árticos que chegaram posteriormente (Willerslev & Meltzer, 2021).

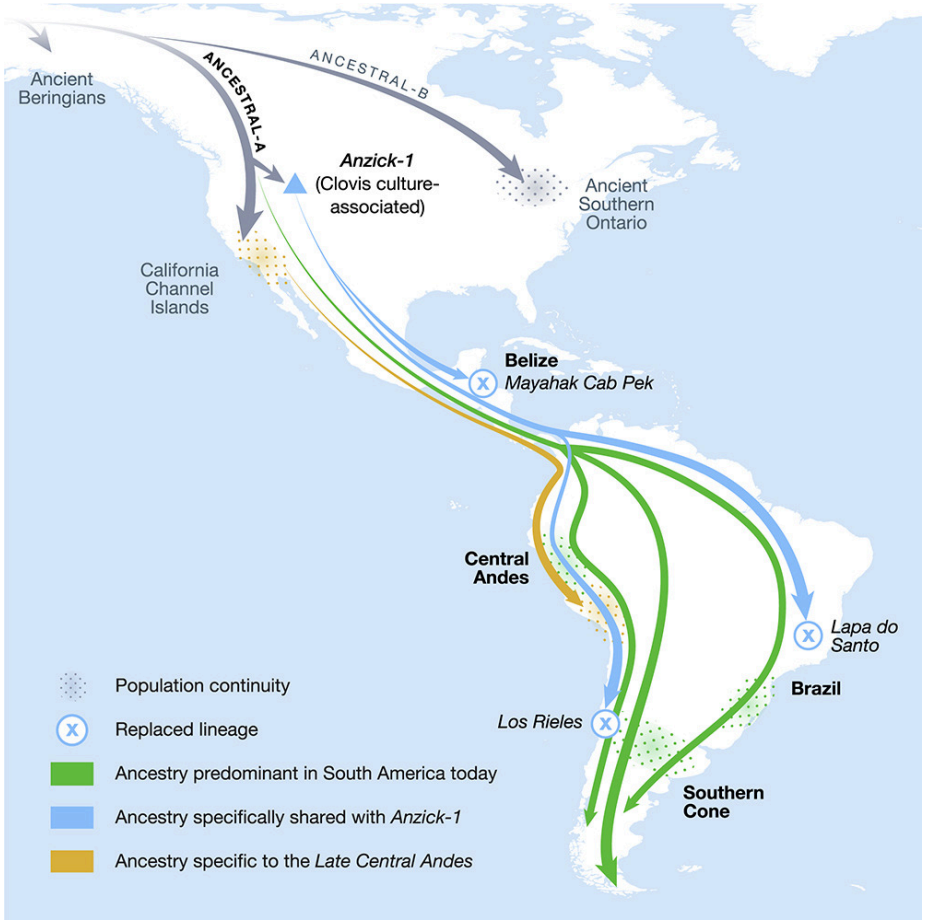
A hipótese paleoamericana prevê que esses grupos sejam geneticamente mais próximos dos australo-melanésios do que de outros ameríndios, porém o que foi observado é que muitos dos fósseis que possuem morfologia Australásica ou polinésica possui DNA autossômico típico de ameríndios modernos, como, por exemplo, os Pericus e indígenas da tierra del Fuego (Raghavan et al., 2015), Indivíduo fóssil Kennewick, de 8,5 mil AP (Rasmussen et al., 2015 apud Da-glória 2019), indivíduo Fóssil de Hoyo Negro, 12 mil a 13 mil AP, com haplogrupo de DNA mitocondrial D1, ou seja, tipicamente indígena (Chatters et al., 2014). E recentemente até mesmo fósseis de Lapa do Santo (9.6 mil anos), indivíduos do Chile (10.9 mil anos) e Andinos (4.2 mil anos) apresentam uma forte proximidade genética com indivíduos Clóvis do que outros Sul Americanos (Posth et al., 2018; Willerslev & Meltzer, 2021).

As análises morfométricas realizada por Raghavan e colaboradores (2015) não tiveram sucesso em replicar a morfologia paleoamericana em todos os fósseis antigos de Lagoa Santa

e Fuego-patagônicos, ou seja, além da morfologia paleoamericana encontraram também uma proximidade morfológica com povos árticos, indígenas do ramo norte e com povos do leste asiático. Paleo Geneticistas afirmam que as análises morfométricas dos crânios são sensíveis à estrutura da amostra, à abordagem estatística e filtragem de dados utilizadas; e que portanto a diversidade morfológica dos crânios encontrados nas américas se deve ao alto fluxo gênico da População Fonte com povos árticos da Ásia (Siberianos e paleo-aleutas) e com outras populações do leste asiático (Raghavan et al., 2015, Moreno-Mayar et al., 2018; Scheib et al 2018; Posth et al., 2018; Willerslev & Meltzer, 2021).

Considerando todas as evidências moleculares, mesmo que as linhagens ANC-A e ANC-B descendem de um mesmo grupo fundador que se diferenciou geneticamente de outros Asiáticos, seja na Beríngia ou no nordeste Asiático, é possível notar uma complexidade genômica que aponta para um grupo heterogêneo, ou seja, com uma origem diversa em suas linhagens e fenótipos (figura 6). Posth e colaboradores (2018) descobriram três populações variantes da linhagem ANC-A, na qual só pode ser explicada com um modelo de uma população fonte heterogênea (Posth et al., 2018).

Figura 6. Divisão dos Clados Ameríndios do Sul e Ameríndios do Norte



Fonte: Adaptado de Posth et al., 2018.
Disponível em: https://doi.org/10.1016/j.cell.2018.10.027

De acordo com Posth e colaboradores (2018), houve quatro trocas genéticas entre a América do Sul, Central e Norte:

1) Uma linhagem Primária e mais antiga de Ancestrais A se espalhou por toda a América antes de 14.5 mil AP.

2) Uma linhagem de Ancestrais A de afinidade genômica compartilhada com Indivíduo Anzick-1 (Povo Clóvis), com representantes de povoamentos antigos na Lapa do Santo e no Chile e já presentes na América do Sul a 12 mil AP.

3) Uma linhagem ANC-A, derivada de populações isoladas nas ilhas da Califórnia, mais associada com indivíduos antigos e modernos dos Andes Centrais (de Cuncaicha e Lauricocha, Peru) e mais distinta do indivíduo Anzick-1, na qual os genomas mais antigos datam de 9 mil AP.

4) Uma linhagem com contribuições de Ancestralidade moderna para todos os Sul Americanos.

O fato do genoma de Anzick-1 possuir uma ancestralidade compartilhada entre os indivíduos mais antigos da América Central e Sul, que produziam ferramentas Pontas de peixe e Ferramentas Umbu (Okumura e Araújo, 2015; Pearson, 2017; Posth et al., 2018), e também possuir uma ancestralidade compartilhada entre os indivíduos que produziam ferramentas típicas TCO (encontradas em Cooper's Ferry), reforça a idéia de que um único processo de expansão populacional foi responsável por disseminar todas as culturas paleolíticas (Posth et al., 2018, Moreno-Mayar *et al.,* 2018). Porém, devemos lembrar que a continuidade, a descontinuidade, o fluxo gênico e a mistura cultural podem ocorrer independentemente dos processos populacionais (Willerslev & Meltzer, 2021).

Sintetizando toda a discussão, o Modelo do Fluxo Gênico Recorrente (MFGR) nasceu de um esforço em compatibilizar os dados morfológicos com os moleculares, assumindo que processos evolutivos localizados não explicaria o fenômeno por si só; e que a diversidade morfológica dos crânios seria decorrente de um fluxo genético contínuo com o Noroeste Asiático (González-José et al., 2008; Azevedo et al., 2011 apud Neves et al., 2014). Sendo assim, a genômica antiga transformou nossa compreensão da história populacional das Américas. Porém, ainda não se sabe como as ocupações humanas datadas do UMG se encaixam nas análises moleculares atuais, sendo que há limitações para fósseis pré-Clóvis e,

paralelamente, os povos ancestrais dos nativos americanos ainda não haviam surgido como uma população distinta no nordeste da Ásia.

Outro aspecto bem controverso dos dados arqueológicos é o rastro genético de povos polinésios e australásicos encontrados em indígenas da américa do sul (Willerslev & Meltzer, 2021).

4. COMPONENTES GENÉTICOS DA OCEANIA EM INDÍGENAS DA AMÉRICA DO SUL

Os primeiros trabalhos de escavação para investigar a cronologia de habitação de Lagoa Santa foi realizado mais especificamente na Gruta do Sumidouro, iniciado por Peter Lund em meados de 1842. Desde então, muitas escavações foram feitas por amadores sem um controle estratigráfico preciso (Lund, 1844 apud Da-Gloria, 2019). As escavações arqueológicas mais profissionais retornaram em 1956, realizadas por Wesley Hurt e Oldemar Blasi, e perduraram até 1970. Nesse período, fósseis foram catalogados e pesquisados de forma mais precisa, e foi quando também as primeiras datações e análises morfológicas surgiram (Hurt e Blasi, 1969 apud Neves e Hubbe, 2005).

Desde a confirmação de ossos com morfometria paleoamericana, modelos de ocupação alternativos no continente foram teorizados para explicar as diferenças morfológicas entre paleoindígenas e indígenas modernos, como a hipótese Malaio-polinésia, proposta por Paul Rivet se baseando justamente na morfologia paleoamericana (Rivet, 1957 apud Da-Glória, 2019).

Quando foi descoberto o rastro genômico de Austronésios em populações indígenas, a discussão de dois componentes biológicos ganhou outra profundidade, na qual os paleogeneticistas têm tido dificuldades para descobrir se essa evidência representa uma migração mais antiga para a América, se é mais um sinal genético vindo de uma população fundadora geneticamente diversa ou se representa um contato cultural entre indígenas e polinésios (Willerslev & Meltzer, 2021). Raghavan e colaboradores (2015), por exemplo, defendem que o sinal genético de polinésios em Nativos Americanos se deve a um fluxo gênico entre a população fundadora e uma população ártica, os paleoaleutas-Aleutas (Raghavan *et al.,* 2015). Moreno-Mayar e colaboradores (2018) identificaram um sinal fraco da população Y na América do Sul por volta de 10.000 anos atrás.

Um sinal de afinidade genética entre nativos atuais e antigos da América do Sul e grupos indígenas atuais do Sul da Ásia, Austrália e Melanésia já foi relatado anteriormente

(Raghavan et al., 2015; Skoglund et al., 2015; Moreno-Mayar et al., 2018; Posth et al., 2018), e que a afinidade australásica nos indígenas amazônicos, os Karitiana e Suruí, representaria uma população ainda não amostrada na população fundadora dos indígenas, nomeada de "população Ypikuéra" ou "população Y". Porém, Silva e colaboradores (2021) descobriram que o sinal australásico nas populações indígenas não se limita a populações amazônicas (Suruí e Karatiana), mas que possui uma ampla distribuição na costa do pacífico (Chotuna), além de indígenas do centro oeste e planalto brasileiro (Guaraní Kaiowá e Xavante) (Silva et al., 2021).

De acordo com Silva e colaboradores (2021), existe uma forte variabilidade desse componente em diferentes etnias (Variabilidade interpopulacional), e uma forte variabilidade dentro de indivíduos da mesma etnias (variabilidade intrapopulacional), uma evidência de que a distribuição da ancestralidade da população Y não possui um padrão com relação a diversidade etnolinguística ou localização geográfica. De acordo com os pesquisadores, o componente da população Y já estava presente nos primeiros americanos que atravessaram a Beríngia pela costa Oeste do Pacífico e chegaram na América do Sul pela costa pacífica. Portanto, esse componente genético estaria presente antes da separação dos indígenas do Pacífico e amazônicos, e em seguida eventos de deriva genética levaram esses sinais para outras populações brasileiras (Silva et al., 2021). E o fato do rastro genético não constar nas populações norte Americanas pode ser melhor respondido se considerarmos as novas propostas de Divisão dos clados de Indígenas da linhagem Norte e Sul, proposta por Ning e colaboradores (2020), de que os ramos Norte e Sul não se dividiram no interior da América do Norte, mas sim no leste asiático durante o período de isolamentos seguidos de fluxos gênicos. Dessa forma, os Antigos beríngios não representam o ancestral dos Clados ANC-A e ANC-B, mas sim que tanto os clados ANC-A, ANC-B e Beríngios Antigos (BA) (Indivíduo URS-1) são linhagens derivadas da mesma População Fonte, sendo que a linhagem BA apresenta uma ancestralidade mista da População Fundadora com Siberianos do Paleolítico (SB); enquanto a Linhagem dos Sul Americanos (ANC-A) seria uma linhagem derivada da população fundadora que teria atravessado a Beríngia primeiro (Ning et al., 2020).

A análise genética realizada por Santos (2020) é parcimoniosa com a teoria de que esse componente genético seria proveniente da população fundadora de ancestralidade compartilhada com povos australásios, pois as mutações encontradas nos indivíduos antigos da américa também são encontradas em Siberianos, Ásia Central e populações Oceânicas modernas (Santos, 2020). Mas ao contrário de outros modelos, o autor defende que essa

diversidade genética seria decorrente de um fluxo contínuo de indivíduos ao longo de milhares de anos (e não como um limitado número de eventos migratórios) da beríngia para a América, na qual essas migrações pioneiras eram compostas por dois componentes biológicos diferentes, contemporâneos de diversas ancestralidades (ao invés de sucessivos). Com o tempo, certas estruturas genéticas foram decaindo ao passo que outras foram se tornando dominantes, o que levou a uma maior homogeneização das morfologias cranianas de povos nativo-americanos, observada na atualidade (Santos, 2020).

Diferentes teorias foram propostas para explicar as diferenças de morfologia, local de isolamento da população fundadora e como o componente da população Y surgiu nos Nativos Americanos, mas parece ser consenso de que esse sinal mais amplo veio de populações antigas que atravessaram a Beríngia (Raghavan *et al.,* 2015; Moreno-Mayar *et al.,* 2018; Santos, 2020; Silva et al., 2021). Porém, isso não descarta as evidências de um contato posterior e mais recente entre povos da polinésia e américa antes do período colonial.

4.1. POVOAMENTO INICIAL DA OCEANIA

As ilhas da Oceania Próxima foram inicialmente colonizadas entre 50 mil anos por humanos anatomicamente modernos, quando as conformações continentais Sunda e Sahul exigiam travessias marítimas muito menores para atravessar a linha de Wallace (figura 7); permitindo então intercâmbios faunísticos entre sudeste asiático e ilhas da oceania em diferentes cronologias, o que inclui espécies humanas mais antigas e modernas (Shipton et al., 2021). Curiosamente, dados moleculares indicam que a linhagem dos primeiros humanos a habitar a Oceania se divergiu geneticamente entre as populações aborígenes da Austrália e Povos da Papua num período entre 40 e 25 mil AP (Malaspinas et al., 2016).

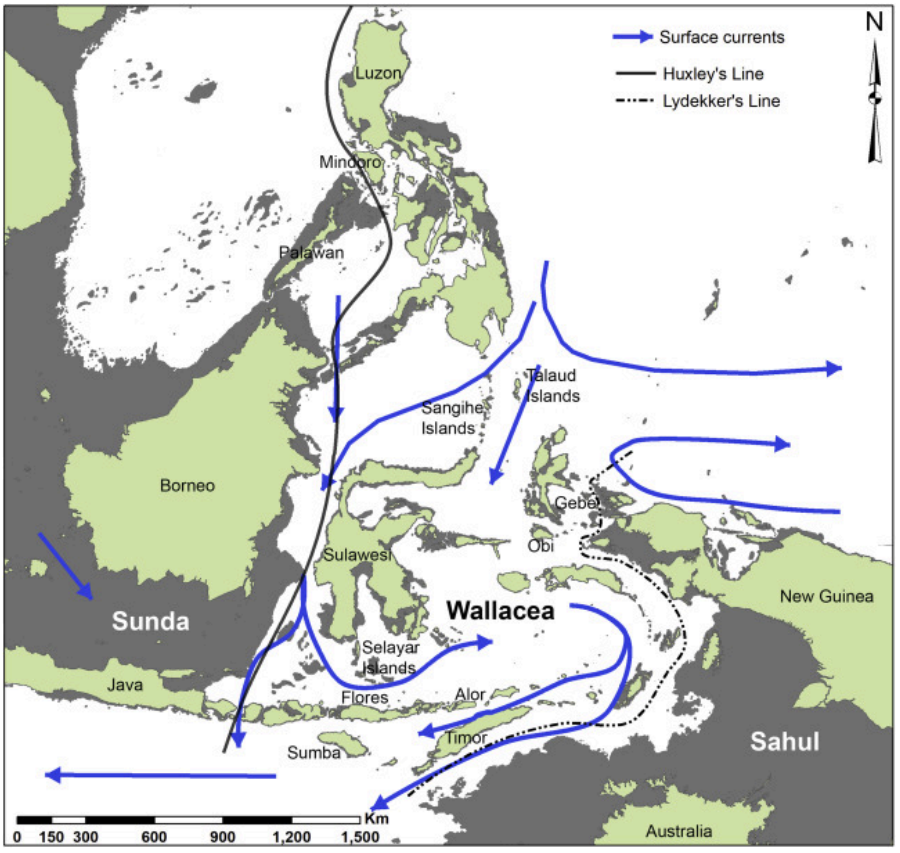
Após o UMG, quando o nível do mar passou a aumentar, houve uma crescente nas interações culturais inter-marítimas e mudanças culturais de exploração de recursos terrestres para predominantemente marítima a partir de 15 mil AP, evidenciando uma exploração marítima entre as ilhas da Oceania Próxima que se perpetuou entre 16 e 5 mil AP pelos povos Papuas (conjunto de etnolinguagem isolados que não são austronésias e nem aborígenes). Essas culturas inter-ilhas ou inter-insulares foram marcadas por trocas tecnológicas e culturais como ferramentas de obsidiana, anzóis e ornamentos feitos de conchas, lápis de ocre, artefatos tingídos e entre outros (Shipton et al., 2021).

Já em relação a expansão de povos Austronésios pela Oceania, provavelmente se iniciou a partir de 5 mil anos, com embarcações partindo possivelmente do sudeste Asiático

(Taiwan e Filipinas), e de acordo com que esses povos migraram para ilhas ao leste da oceania, eventualmente houve fluxo gênico entre populações Austronésia com populações Papuas da Melanésia (Moreno-Mayar et al., 2014).

Figura 7. Linha de Wallace na Oceania Próxima durante o Paleolítico, há 50 mil AP.

Conformação continental de Sunda (atual sudeste Asiático) e Sahul (Continente Australiano) reconstituída na porção cinza. Conformação continental moderna em verde.



Fonte: Adaptado de Shipton et al., 2021

Disponível em: https://doi.org/10.1016/j.quaint.2020.07.028

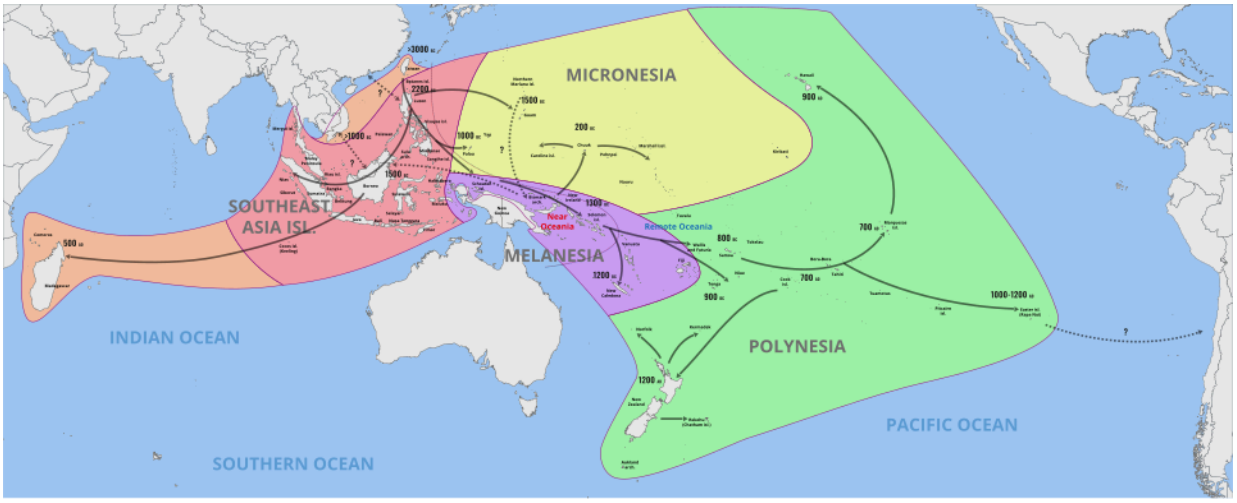
Quanto a expansão humana para a Oceania Remota, sabe-se que foi realizada mais amplamente por povos austronésios por volta de 3.2 mil AP (Pugach et al., 2018), e uma possível expansão em menor escala de Papuas para ilhas da micronésia anteriormente (Pugach et al., 2020). Mas de qualquer forma, a expansão Austronésia foi a que mais amplamente quebrou a barreira da oceania remota, sendo que as estimativas de habitação para uma cronologia mais antiga da seguinte forma: polinésia central (arquipélago de Tuamotu) foi colonizada por volta de 800 A.C (Antes de cristo), enquanto que a colonização de todas as

ilhas do Pacífico Oriental (Ilhas Cook, Nova Zelândia, Havaí e Rapa Nui) ocorreu por volta de 1200 D.C (Depois de Cristo) (WilmShurstet al., 2010; Moreno-Mayar et al., 2014)

Análises moleculares realizadas por Moreno-Mayar e colaboradores (2014) confirmaram a origem Austronésia de polinésios, indicando um fluxo gênico entre povos do sudeste asiático e melanésios a pelo menos 3 mil AP, além de uma continuidade genética nos nativos mais a leste da Oceania Distante. Porém, os autores também encontraram um forte componente indígena nos habitantes de Rapa Nui, indicando um fluxo gênico antes da colonização européia. Os pesquisadores propõem dois cenários para explicar esse fenômeno: nativos americanos navegando até Rapa Nui ou polinésios navegando até as Américas e retornando (Moreno-Mayar et al., 2014).

Figura 8. Subdivisões geográficas e culturais da Oceania Próxima e Oceania Longínqua

Em vermelho a região do Sudeste Asiático insular; Em roxo a região da Melanésia; em Amarelo a Micronésia e em verde, a polinésia



Fonte: Wikimedia Commons

Disponível em:

https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Chronological_dispersal_of_Austronesian_people_across_the_Pacific.svg

4.2. INDÍGENAS NA POLINÉSIA

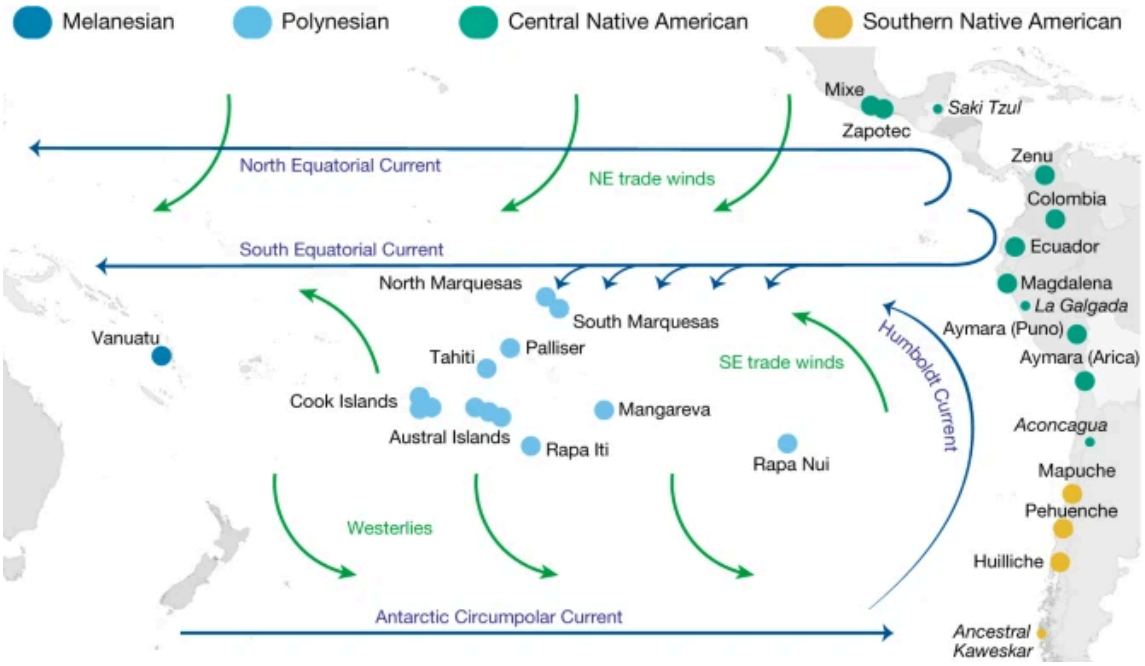
Loannidis e colaboradores (2020, 2021) reconstituíram as migrações polinésias com base em novas análises genéticas, na qual identificaram uma série de gargalos populacionais que aumentaram a frequência de variações genéticas raras. De acordo com os autores, os navegadores polinésios chegaram a Rarotonga, nas Ilhas Cook, por volta de 830 d.C., tendo passado por Samoa ao longo de uma rota compartilhada com o povoamento de Fiji e Tonga. E a partir das ilhas centro-oriental da polinésia, colonizadores seguiram para o norte, em direção às Ilhas Marquesas (Nuku Hiva e Fatu Hiva), e para o sul, em direção às Ilhas Gambier, assim como no modelo tradicional de colonização mais antiga, mas com datações mais recentes e simulando uma expansão mais rápida (Loannidis et al., 2021; Wilmshurst et al., 2010).

Porém, nesta análise molecular os pesquisadores encontraram mais evidências genéticas de indígenas da américa central e do sul na polinésia, indicando Equador e Colômbia como a fonte para extensão indígena na Oceania (Loannidis et al., 2020). Fontes sugerem que entre 600 a 1200 DC, povos andinos expandiram rotas marítimas para o comércio com a Mesoamérica, utilizando de jangadas de balsa para navegação (Dewan & Hosler, 2008; Callaghan, 2003 apud Loannidis et al., 2020).

Simulações demonstraram que os ventos alísios e a corrente equatorial sul movem-se de leste para oeste nestas latitudes, canalizando os navegadores do norte da América do Sul para os arquipélagos, Portanto, navegações partindo do Equador e da Colômbia possuem uma grande chance de chegar nas ilhas Marquesas do Sul e no arquipélago de Tuamotu. Da mesma forma, essas correntes marítimas também podem ter sido a rota que polinésios poderiam ter chego nas américas, caso a hipótese de polinésios na américa também se prove correta (Irwin, 1989 apud Loannidis et al., 2020).

A modelagem de distribuição de ancestralidade infere que os polinésios do arquipélago de Tuamotu e polinésios das Ilhas Marquesas do Norte e do Sul possuem forte fluxo gênico com nativos americanos, havendo uma forte possibilidade de que quando os austronésios chegaram nas ilhas centro-orientais da oceania, indígenas já habitavam a região. A cronologia proposta para a habitação de indígenas na Oceania é de 1150 DC em Fatu Hiva; 1200 DC em Nuku Hiva e 1230 a 1300 DC entre os Arquipélagos de Tuamotu, Mangareva e Rapa Nui. Dessa forma, o componente Nativo Americano nos polinésios pode ter ocorrido nos arquipélagos da Oceania central ao invés da ilha mais extremo oriente (Rapa Nui ou ilha de Páscoa), como se suspeitava anteriormente (figura 9). Porém, a pesquisa não corroborou com a hipótese de uma migração polinésia para a América (Loannidis et al., 2020).

Figura 9. Correntes marítimas que favoreceram o contato entre indígenas e austronésios no arquipélago da Polinésia Central ao invés de Rapa Nui.



Fonte: Loannidis et al., 2020

Disponível em: https://doi.org/10.1038/s41586-020-2487-2

4.3. AUSTRONÉSIOS NA AMÉRICA

Para explicar o componente genético de Austronésios, povos papuas e aborígenes em populações indígenas, pesquisadores sugeriram que esse sinal viria de uma população ancestral que teria tido fluxo gênico com a população fundadora e atravessado o estreito de Bering e a chamaram de “População Y” (Raghavan et al., 2015; Posth et al., 2018).

Outros pesquisadores propuseram um contato de polinésios na américa do sul para explicar os rastros genéticos australásia e austronésia, e até mesmo para explicar a diferença de morfometrias cranianas Paleoamericanos e Ameríndios, porém a expansão austronésia para as ilhas Orientais do Centro -Pacífico se iniciou a 800 DC (Wilmshurst et al., 2010; Loannidis et al., 2021) e, portanto, seria um modelo inviável para habitações pioneiras na América.

Quanto às evidências da Polinésia na América são mais controversas. Canoas de tábuas costuradas, tecnologia parecida com as navegações austronésias, também foram documentadas no Chile, e assim cresceram as alegações de evidências artefatuais e linguísticas entre polinésios e américa andina, mais especificamente na região de Mapuche

localizado na região centro sul do Chile (Loyhropol, 1932; Ramírez, 1990 apud Storey et al., 2007).

De acordo com Storey e colaboradores (2007, 2008), os polinésios introduziram cães, porcos, ratos e galinhas em muitas das ilhas que colonizaram, e os mesmos poderiam ter trazido galinhas, que são originárias da Ásia, para as Américas.

Os pesquisadores avaliaram o sítio arqueológico de El Arenal-1, situado a três quilômetros do litoral sul da Península de Arauco, no centro-sul do Chile. Datações por termoluminescência em cerâmicas, artefatos pertencentes à cultura “el vergel”, indicam que a ocupação ocorreu entre 700 e 1390 d.C. Nesse sítio arqueológico, ossos de galinha foram recuperados datando de 600 a 800 anos AP (1400 a 1600 DC), e compararam com fósseis de galinhas da polinésia (2900 e 500 anos AP), e também compararam o genoma de galinhas modernas do Chile (Araucana) e galinhas modernas do sudeste Asiático.

As análises sugerem que havia duas linhagens mitocondriais presentes nas populações pré-históricas de galinhas polinésias, uma do sudeste Asiático Continental e outra do Sudeste Asiático insular. Quanto às galinhas antigas de El Arenal-1, apresentaram alta semelhança genética com ossos dos arquipélagos de tonga (Mele Havea) e samoa (Fatu-ma-Futi), enquanto que as galinhas modernas do Chile parecem ter um componente da linhagem de galinhas originárias do Sudeste Asiático Insular. Portanto, essas análises apoiam a hipótese de que as galinhas Sul-americanas antigas possuem origem na polinésia, e posteriormente galinhas com o componente genético continental do Sudeste Asiático foram trazidas pelos europeus.

Gongora, Thomson e colaboradores (2008, 2014) levantaram a possibilidade de que houve contaminação de componentes genéticos de galinhas modernas, mas Storey & Smith (2014) alegam que o DNAmt trazidos pelas galinhas pós contato Europeu possuem haplótipo D, enquanto os ossos de El Arenal-1 possuem haplótipo E, encontrado nos arquipélagos orientais antes da era comum (AC) da Oceania. As análises da contraparte não utilizaram controle negativo para identificar as sequências gênicas contaminantes.

Gonçalves e colaboradores (2013) também identificaram proximidade genética de Polinésios em fósseis de indivíduos Aimorés (Botocudos), provenientes de Minas Gerais e datados do século 19. Segundo os autores, se trata de uma evidência genética proveniente da polinésia insular, pois o sequenciamento do mtDNA identificou mutações no Haplogrupo B, classificando o DNAmt como B4a1a1a. Essas variantes são exclusivas de populações de

Taiwan e populações das ilhas do pacífico, como populações da micronésia, polinésia e Rapa Nui (Gonçalves et al., 2013).

Storey e colaboradores (2007, 2008, 2014) forneceram boas evidências e argumentos de contato polinésio na América há 600 anos, mas a ampla distribuição desse sinal genético entre diferentes etnias e em apenas alguns indivíduos dessas populações apontam para um sinal longínquo do velho mundo (Silva et al., 2021). O fato de um sinal genético vir de ancestrais compartilhados no fluxo gênico ainda no leste ou nordeste Asiático não descarta as evidências de um contato cultural posterior entre indígenas e Austronésios (Storey et al., 2007), na qual poderia ter reforçado o sinal genético em populações específicas, como em grupos costeiros e os aimorés de Belo Horizonte (Gonçalves et al., 2013).

5. RECONSTITUIÇÃO DOS PALEOCLIMAS ÁRTICOS

5.1. VIABILIDADE ECOLÓGICA DO ÚLTIMO CORREDOR DE GELO

Mas se há tantas evidências de que os primeiros indígenas vieram do leste asiático, e que a presença humana na América data de pelo menos 2 mil anos antes da abertura do corredor de gelo (baseado apenas em dados moleculares), como que houve uma travessia tão precoce? Estudos geológicos recentes têm ajudado a entender como foi a mudança ambiental depois do último máximo glacial, e como o avanço e o recuo das geleiras afetou as migrações humanas.

Dalton e colaboradores definem as geleiras que cobriam o Ártico como um Complexo de Camadas de Gelo que se fundiram durante o Último Máximo Glacial (UMG), na qual consistia na junção das camadas de gelo Laurentide, Cordilheira, Innuitiana e Groenlândia. De acordo com os autores, o UMG foi assíncrono pois a extensão das camadas de gelo atingiu seu tamanho máximo em diferentes momentos e em diferentes regiões (Dalton et al., 2020).

Figura 10. Complexo de camadas de gelo que constituíram a grande geleira Ártica.



Fonte: Adaptado de Dalton *et al.,* 2020.

Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0277379119307619

As mudanças ecológicas e paleoclimáticas na região polar norte são estudadas há muito tempo, sendo que a hipótese da formação de um Corredor Livre de Gelo (Ice Free Corridor- ICF) já era defendida desde o final do século 19 (Upham, 1895 *apud* Clark *et al.*, 2018), enquanto a hipótese de que o ICF foi utilizado como rota de migração humana já era defendida na década de 30 (Johnston, 1933 *apud* Clark *et al.*, 2018), e amplamente aceito que o povo Clóvis teria utilizado essa rota a partir da década de 70 (Reeves, 1973; White *et al.,* 1979 *apud* Clark *et al.*, 2018).

A rota do corredor livre de gelo foi posteriormente relacionada com a hipótese Clóvis First quando acreditava-se que os artefatos líticos canelados encontrados em fósseis de megafauna refletiam as dispersões pioneiras no continente. Portanto, a hipótese Clóvis First era sustentada pela coincidência do aparecimento dos artefatos líticos de 13 mil anos atrás com as mudanças climáticas no final da Última Era Glacial (era Glacial de Wisconsin); em outras palavras, com as mudanças climáticas do final do paleolítico e início do Neolítico (Heintzman *et al,.* 2016; Dias, 2019; Waters, 2020).

Quando as geleiras recuaram no final da glaciação, aos poucos a ponte terrestre de Beríngia emergiu, enquanto um corredor livre de gelo se abriu entre as partes leste (Laurentiana) e oeste (Cordilheira) da geleira que cobria o Canadá. Esse corredor de gelo conectou as planícies da América do Norte com o Alasca, e o Alasca foi conectado ao leste

asiático até a Beríngia se submergir por completo, o que segundo análise sobre fluxo gênico parece ter ocorrido até aproximadamente 8 mil anos AP. Porém, essa rota foi mais utilizada por povos "paleo-esquimós" e Inuítes modernos do que relacionada aos indígenas do Paleolíticos (Raghavan et al, 2015; Bourgeon, 2017; Clark *et al.,* 2022).

Pedersen e colaboradores (2016) afirmam que essa rota só foi viável para humanos após a restauração ambiental dos ecossistemas nas áreas descongeladas, já que os humanos precisam de fontes de alimento e abrigo para uma migração tão grande. De acordo com um estudo publicado, a ocorrência de pólen de plantas, vegetação estepe e fósseis de megafauna parece ter ocorrido no sentido Sul-Norte há aproximadamente 12,6 mil anos no Corredor Livre de Gelo (CLG), enquanto que evidências de floresta boreal parecem ter ocorrido a partir de 10 mil anos atrás (Pedersen *et al*., 2016). Enquanto que Clark e colaboradores (2022) afirmaram que as datações por Berílio 10 e Carbono 14 de pequenos roedores indicam uma ocupação ecológica do corredor livre de gelo há 13,5 ± 0.8 mil AP, logo após a abertura total do corredor livre de gelo (Clark *et al.,* 2022).

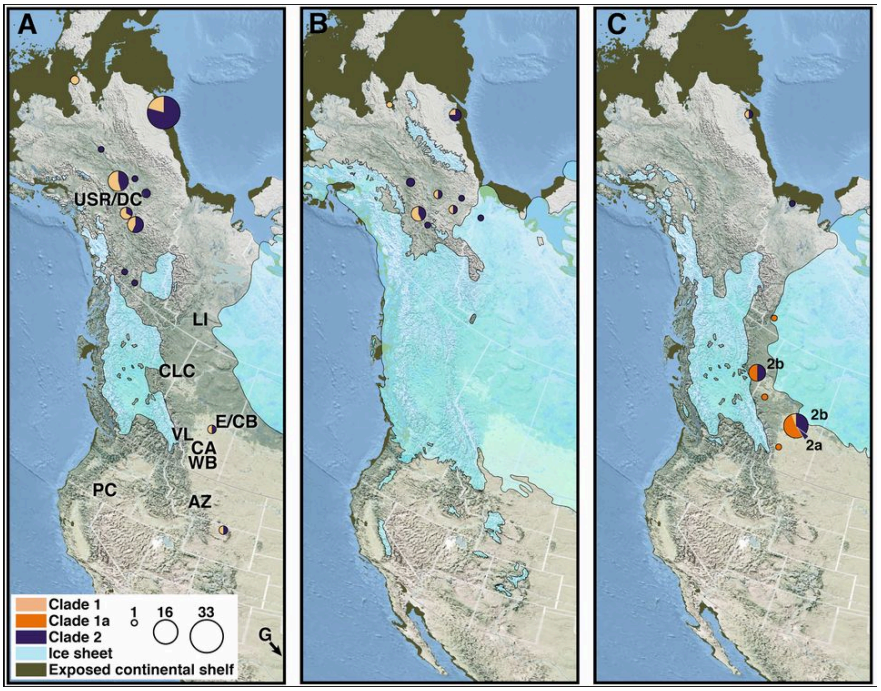
Heintzman e colaboradores (2016) analisaram a diversidade genética mitocondrial de bisões, já que essas espécies também migraram da Ásia para a América e sobreviveram à extinção da megafauna e ao Último Máximo Glacial. De acordo com os pesquisadores, quando houve a coalescência Glacial durante o UMG, as populações da espécie ancestral dos bisões modernos ficaram isoladas geneticamente, e quando houve uma abertura do Corredor Livre de Gelo, os bisões já possuíam um DNA mitocondrial distinto em suas populações.

Essa diferenciação do DNAmt dos bisões teria ocorrido após 23 mil AP, dando origem aos três clados de bisões ainda existentes atualmente. Uma sobreposição das linhagens de bisões que ficaram isoladas durante o UMG no mesmo local na porção Sul da camada de gelo indica uma viabilidade ecológica para animais de grande porte há 13 mil anos AP (Heintzman *et al,.* 2016).

Figura 11. Distribuição das três espécies de bisão na região ártica, entre 23 mil e 12 mil anos AP.

Distribuição geográfica e atribuição de clados de 192 bisões norte-americanos, incluindo espécimes atuais e indivíduos fósseis datados por radiocarbono.

Distribuição de bisões (A) > 23.000 anos AP, antes do período de coalescência glacial; (B) 23.000 – 13.500 anos AP, durante o período de coalescência glacial; (C) 13.500 – 12.000 anos AP, quando o corredor se abre.



Fonte: Adaptado de Heintzman *et al.,* 2016

Disponível em: https://doi.org/10.1073/pnas.1601077113

Independente da cronologia adotada, as datações do IFC não correspondem com as datações pré-Clóvis na América do Sul e nem parece ser compatível com o próprio povo Clóvis, já que os artefatos líticos eram amplamente distribuídos e generalizados pouco tempo após ou até possivelmente anterior a viabilidade ecológica do corredor de gelo, considerando que as datações de 13,4 mil AP são as mais antigas para as ferramentas caneladas. Portanto, as migrações pioneiras (que teriam originado as Culturas Pré-Clóvis e a própria cultura Clóvis) teriam utilizado uma rota alternativa ao Corredor Livre de Gelo (Heintzman *et al,.* 2016; Pedersen *et al*., 2016; Waters 2020; Davis *et al.,* 2022;,Clark *et al.,* 2022).

A rota do pacífico norte pela costa continental como alternativa ao corredor de gelo vem ganhando espaço nos debates acadêmicos, e tem sido um bom modelo teórico para explicar as evidências de ocupações humanas mais antigas e como teriam ocorrido as ondas migratórias da Ásia para a América do Norte.

Nesse contexto, modelos de dispersão precoce, entre 25 a 15 mil anos A.P, vêm ganhando espaço nos debates e investigações acadêmicas, mas isso implica em encontrar vestígios de que a rota costeira era viável ecologicamente para sustentar vida e consequentemente ser possível a travessia humana (Potter et al, 2018).

Mas com o reconhecimento de sítios arqueológicos “Pré-Clóvis”, sendo o aparecimento da Cultura Clóvis como um referencial para datações, as pesquisas se voltaram a reconstituir a costa continental durante o Último Máximo Glacial e também buscar

evidências para sustentar a hipótese de uma travessia marítima ou parcialmente marítima. (Dias, 2019; Lesnek *et al.,* 2018).

5.2. MODELOS DE MIGRAÇÃO PELA COSTA NORTE DO PACÍFICO

Os modelos de processo de povoamento da América diferem principalmente nas rotas, datações, cronologias e como as dinâmicas populacionais antigas e modernas da Ásia e América ocorreram (Potter et al., 2018).

Como alternativa ao Corredor livre de Gelo, a rota da Costa Pacífica do Norte sugere que as primeiras migrações foram feitas por navegação de cabotagem, sendo que a subsistência dessas populações estaria em recursos aquáticos, explorando recursos presentes em biomas “Kelp Forests” ou “florestas de algas”; ricos em algas, animais marinhos, pássaros e peixes. Outros pesquisadores propuseram que a migração pacífica poderia ter sido maior que a travessia da Beríngia para América, e se expandido até o sul da América do Sul, a fim de tentar explicar os achados de Monte Verde (Anderson *et al.,* 2013; Erlandson, 2013 *apud* Dias, 2019; Llamas *et al.,* 2016 *apud* Da-Glória, 2019).

Davis e Madsen (2020) definiram a teoria da migração costeira se baseando nas análises genéticas de Jeong e colaboradores (2016), na qual reforçam a similaridades entre indígenas e populações do leste Asiático, inferindo o efeito fundador dos ancestrais dos paleoindígenas no Leste Asiático e antes do UMG, ao invés da Beríngia. De acordo com os autores, a população ancestral dos Siberianos e Indígenas modernos migraram pela costa continental do Leste Asiático da região PSHK, onde adotaram uma subsistência tanto terrestre quanto costeira e marítima por volta de 40 a 30 mil A.P. Essa população teria chegado na região da beríngia por volta de 20 mil anos, na qual a diminuição do nível do mar teria permitido uma migração por embarcações, e eventualmente atingido a costa sul da camada de gelo entre 20 mil a 16 mil anos AP (Jeong et al 2016; Davis & Madsen, 2020).

Potter e colaboradores (2018) ressaltam que a Rota Costeira do Pacífico Norte pode ter se iniciado no sul ou do interior da Beríngia e que mais da metade da região costeira possui sítios pré-clóvis preservados. Porém, também ressaltam que nem toda a costa do pacífico norte foi submersa durante o UMG e que as datações não são suficientemente antigas para assegurar que foram migrações iniciais. Outro apontamento interessante da pesquisa é o fato de que não há evidências de economias costeiras durante o Holoceno Médio, e que a Cultura Diuktai Siberiana (uma cultura ancestral ligada ao processo de povoamento inicial da

América), e outras culturas antigas do extremo oriente Russo e Beríngia possuíam economias, tecnologias e culturas terrestres (Shugar *et al.,* 2014 *apud* Potter *et al.,* 2018).

De acordo com Lesnek e colaboradores (2018), a viabilidade da migração costeira para a América do norte depende de dois fatores ambientais: a disponibilidade de recursos ao longo da rota costeira durante os eventos de colonização e a ausência de barreiras físicas significativas. De acordo com a reconstituição dos autores, o aumento das temperaturas do Oceano do Pacífico Norte entre 17 a 14 mil anos pode ter ajudado a expansão das Florestas de Algas. Dessa forma, as ilhas do sudeste do Alaska e outros arquipélagos da hipótese da migração marítima, como Haida Gwaii, Ilhas Dall, Suemez e Warren, ficaram glaceadas entre 20 e 17 mil anos AP. Após esse período, possivelmente se tornaram viáveis para a migração há 16 mil anos (Lesnek *et al.,* 2018).

5.3. CRONOLOGIAS DA VIABILIDADE ECOLÓGICA DE BERING

Lesnek e colaboradores (2018) já demonstram uma possibilidade de migração pela costa oceânica há 16 mil anos, mas não antigas o suficiente para uma ocupação que contemple as datações pré clóvis mais antigas. Porém, novas investigações sobre o Paleoclima da beríngia abriram outras possibilidades.

De acordo com Farmer e colaboradores (2022), o estreito de Bering estava inundado num período entre 46 a 36 mil anos AP, portanto o estreito de Bering teria se formado há aproximadamente 35,7 ± 0,9 mil anos AP. Ao passo que já havia presença de humanos na Sibéria há 45 mil anos (Pitulko et al., 2016), onde uma população ancestral direta dos nativos americanos se isolou de outras populações asiáticas, mas ainda com um fluxo gênico que se perpetuou até aproximadamente 25 mil anos atrás (Raghavan *et al.*, 2015, Moreno-Mayar, 2018, Niedbalski & Long 2022). Farmer propõe em seu artigo que os humanos migraram para a América entre esse período em que o estreito de Bering emergiu há 36 mil anos e antes da camada de gelo se expandir ao seu tamanho máximo, há aproximadamente 21 mil anos (Farmer *et al.,* 2022).

Steffen (2024) também apresenta dados que corroboram essa cronologia de habitação. Segundo Steffen, o terreno costeiro era habitado por outros invertebrados e foi viável para migrações humanas antes da expansão máxima da cordilheira e após a glaciação local. Sendo assim, o sudeste do Alaska estava disponível para humanos migrarem antes de 19,8 mil AP e depois de 17,2 mil AP; Haida Gwaii foi viável antes de 23,3 mil anos e depois de 19 mil anos, e costa central e Vancouver foi viável para migração humana antes de 19,7 mil anos e após

17,6 mil anos. Em outras palavras, os períodos mais favoráveis para a entrada dos primeiros humanos na américa pela costa continental foram entre 24,5 a 22 e 16,4 a 14,8 mil AP (Lesnek, 2023; Steffen, 2024).

Outros empecilhos para uma colonização humana via embarcações entre beríngia e interior da américa do norte são as correntes oceânicas, em específico a Corrente Costeira do Alasca (ACC), na qual flui para o norte contra a direção da migração e é impulsionada pelo vento, pela força de Coriolis e fortalecida por entradas de água doce costeira (Royer & Finney, 2020 a*pud* Praetorius et al., 2023).

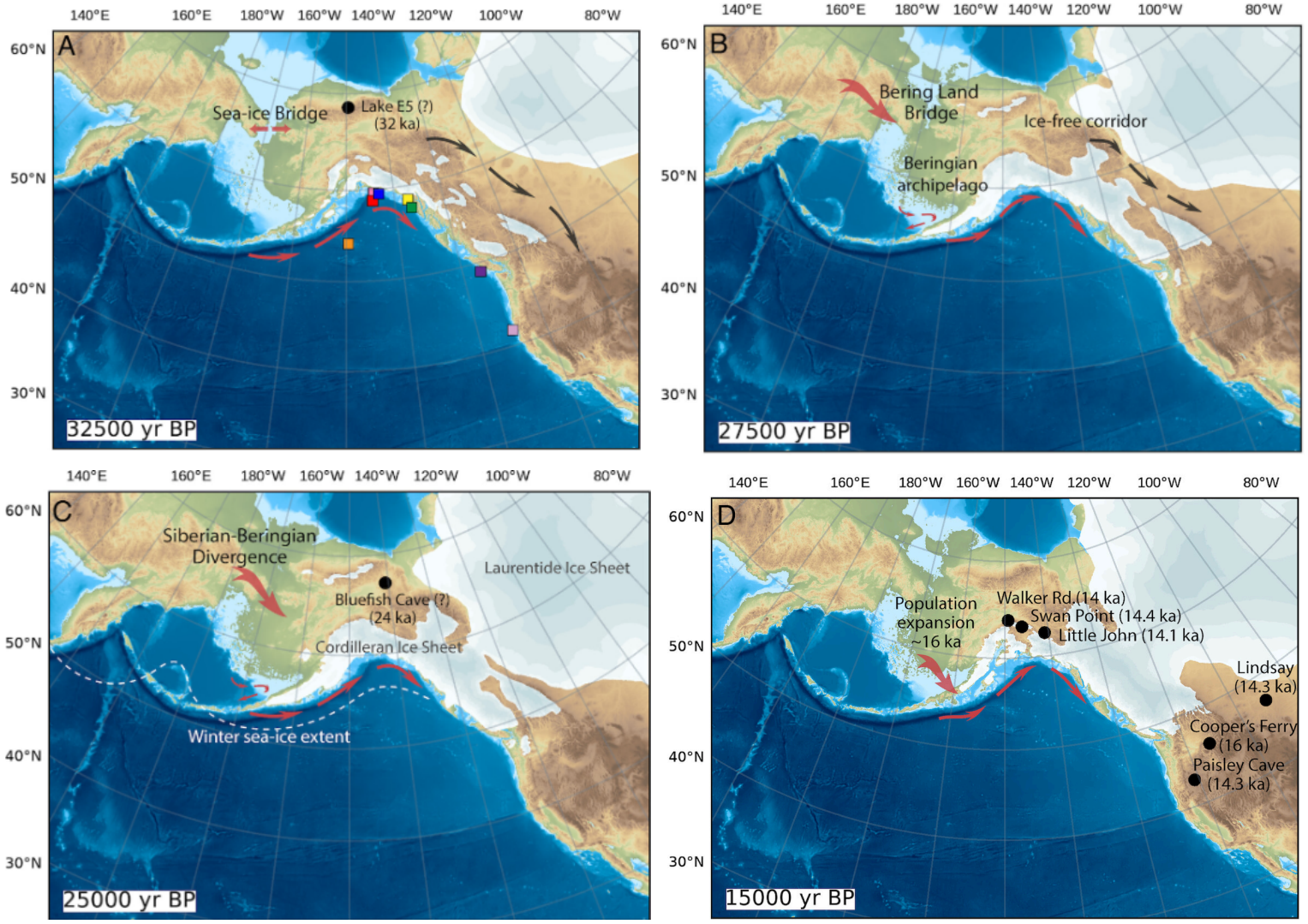
Praetorius e colaboradores (2023) reconhecem que essas correntes podem ter dificultado a migração para o Sul, mas que mudanças nas correntes de vento e marés reversas podem ter ajudado na travessia Beríngia-América. Em suas simulações, durante os intervalos deglacias a intensidade das Correntes Costeiras do Alasca se atenuaram, ao mesmo tempo que a área costeira expandida e condições climáticas menos extremas do que o UMG podem ter facilitado a migração humana.

O modelo da migração proposta por Praetorius e colaboradores (2023) sugere que os antigos beringianos teriam tido acesso a tanto a um extenso gelo marinho de inverno quanto às condições de verão sem gelo, o que levou à adaptação cultural de subsistência de recursos marinhos quanto árticos. Os autores propõem que, assim como os atuais povos inuits, os antigos beringianos dependiam do gelo marinho para locomoção, para caça de animais como ursos, focas, peixes e algas, além da dependência da luz lunar e da aurora boreal para a navegação e locomoção no gelo; ao mesmo tempo que, durante os verões, quando o gelo marinho derretia, esses povos podem ter migrado por embarcações assim como nos modelos da “Floresta de Algas”. Ou seja, mesmo durante o inverno esses povos poderiam ter tido uma rota migratória ecologicamente viável, análoga às florestas de algas, uma “Rodovia de gelo” a base de mamíferos marinhos e habitações por iglus.

De acordo com a última pesquisa citada, ao considerar as variações climáticas, variações das intensidades das correntes marítimas, aumento da costa continental e reconstruções do gelo marinho, a aparição de ambientes ecologicamente viáveis para uma migração costeira ocorreu em diversos períodos, sendo eles: 40 - 32 mil AP; 29 - 27 mil AP; 24,5 - 22 mil AP; 20 - 19 mil AP; 16,4 - 14,8 mil AP e 13 - 11,7 mil AP. Segundo os autores, os períodos entre 24,5 - 22 mil AP e de 16,4 - 14,8 mil AP são as janelas de tempo ambientalmente mais viáveis para navegações costeiras (Praetorius *et al.,* 2023).

Figura 12. Mapa de linhas costeiras, extensão de gelo e possíveis rotas de migração durante o Pleistoceno tardio.

Reconstituição paleoclimática e rotas migratórias em vários períodos de tempo A) 32,5 Mil A.P, B) 27,5 mil A.P, C) 25 mil A.P e D) 15 mil A.P.



Fonte: Adaptado de Pretorius *et al.,* 2023

Disponível em: https://www.pnas.org/doi/full/10.1073/pnas.2208738120

Ainda há algumas divergências sobre a cronologia da viabilidade ecológica da costa do pacífico, do corredor de gelo anterior ao de 14 mil anos e também sobre quando os humanos chegaram na beríngia e como atravessaram para o interior da América, mas os dados paleoclimáticos convergem na possibilidade de uma migração humana antes durante e depois do Último Máximo Glacial.

Como também aponta Waters (2020), “A crença de que as ferramentas de Clóvis foram deixadas para trás pelas primeiras pessoas a entrar nas Américas mudou com a descoberta de sítios anteriores a Clóvis na América do Norte e do Sul”.

Atualmente diversos pesquisadores têm investigado a viabilidade ecológica do corredor costeiro pacífico para a colonização paleolítica da América (Farmer *et al.,* 2022, Lesnek, 2023; Praetorius et al., 2023, Steffen, 2024). Apesar da falta de registros arqueológicos de ocupação humana nas ilhas e costa do pacífico (Shugar *et al.,* 2014 *apud* Potter *et al.,* 2018), a viabilidade da travessia por essa rota em cronologias mais antigas pode ser uma barreira a menos para viabilizar os sítios arqueológicos pré Clóvis mais controversos e também as datações mais antigas de sítios arqueológicos pré clóvis reconhecidos. Muitos desses sítios arqueológicos parecem ter sido ocupados anteriormente, durante ou imediatamente após o UMG (Becerra-Valdivia & Higham, 2020). Alguns dos locais que datam do Último Máximo Glacial ou até mesmo com datações anteriores ao UMG de interesse para o artigo são: Serra da Capivara, Santa Elina, White Sands e Caverna Chiquihuique.

6. EVIDÊNCIAS DE OCUPAÇÕES PRÉ E DURANTE O UMG

6.1. CHIQUEHUITE

Localizado nas Montanhas Astillero, Zacatecas, a caverna foi formada pela dissolução e colapso do teto de calcário jurássico. Em 2012, materiais encontrados dentro da câmara principal sugeriram uma presença humana datando entre cerca de 26.000 e 19.000 anos atrás (Ardelean, 2013). Para investigar isso mais a fundo, a unidade original foi ampliada para 62 metros quadrados com uma profundidade de 3 metros, colocando em evidência camadas estratigráficas que datam entre 33 e 31 mil AP, sendo os artefatos líticos mais antigos datando de 27 mil AP. As datações foram realizadas nos métodos de Carbono 14 e Luminescência opticamente estimulada (Ardelean *et al.,* 2020).

A alta altitude da caverna a torna um local atípico para a ocupação humana das Américas no Pleistoceno, exibindo um padrão comportamental de adaptação para altitudes e paisagens montanhosas ao invés de lugares rochosos e de baixas altitudes, além de que nenhuma evidência de caça a megafauna foi encontrada em Chiquihuite. Dessa forma o sítio é disruptivo com tudo o que se sabe sobre a ocupação de humanos na América do Norte. É também provável que humanos tenham usado o sítio de forma relativamente constante, talvez

em episódios sazonais recorrentes que faziam parte de ciclos migratórios maiores (Ardelean *et al.,* 2020).

O DNA ambiental antigo mostra a presença de espécies florestais mistas como zimbros, pinheiros, abetos, e até evidências de pólens de palmeiras que não ocorrem em altas altitudes. Já em relação aos fósseis faunísticos incluem diversas espécies de roedores, pássaros, morcegos e lebres que ocorrem em todas as camadas, enquanto que evidências de animais maiores como ursos, cavalos, condor e lontras ocorrem a partir do UMG (Ardelean *et al.,* 2020).

De acordo com Ardelean e colaboradores (2020), os artefatos arqueológicos incluem ossos, carvão, sedimentos, cascalhos e ferramentas líticas como pedras lascadas, lâminas, pontas e buris. A maioria das ferramentas são unifaciais, mas há também em menores quantidades e vestígios terciários de ferramentas bilaterais, além de ferramentas microlíticas. De acordo com o autor, as combinações tecno-morfológicas encontradas no conjunto lítico da caverna não possuem semelhanças com qualquer outro complexo arqueológico conhecido nas Américas, indicando uma complexidade cultural bem desenvolvida e possivelmente trazida de outros lugares antes do UMG.

6.2. WHITE SANDS

Já na América do Norte, os sítios arqueológicos que datam do último máximo glacial são Cactus Hill, White Sands e Chiquihuite, sendo os dois últimos o foco neste capítulo e também com datações do início do último máximo glacial (McAvoy, Survey & Johnson, 2017; Ardelean *et al.,* 2020; Pigati *et al.,* 2023).

Pigati e colaboradores (2023) relataram a descoberta de pegadas fossilizadas de humanos na região desértica de White Sands, Novo México, mais especificamente na bacia de Tularosa, como também de lobos e mamutes. De acordo com os autores, as pegadas humanas relatadas têm boa definição anatômica, com impressões visíveis do calcanhar, arcos longitudinais mediais e almofadas dos dedos, e são consistentes com pegadas de humanos modernos. As pegadas foram datadas com Carbono 14 e uma estimativa limite OxCal para determinar a data de início e término das idades calibradas, resultando em datações entre 21 mil a 23.3 mil AP.

Os pesquisadores sugerem que a sobreposição de pegadas de humanos com as pegadas de megafauna por dois milênios pode ser um indicativo de que as caças humanas poderiam ter tido práticas sustentáveis no início, além de ser uma forte evidência da presença humana na

América do norte antes que o UMG fechasse totalmente as rotas do Corredor de gelo e do corredor Pacífico (Pigati *et al.,* 2023).

6.3. SERRA DA CAPIVARA

Um dos sítios arqueológicos com as datações mais controversas são os sítios arqueológicos da Serra da Capivara, situados no Piauí. Descoberto por Niède Guidon e sua equipe em 1970, as escavações começaram no intuito de estudar as pinturas rupestres encontradas no local. De acordo com que as escavações expuseram camadas mais antigas, encontraram vestígios de ocupações humanas de 30 até 50 mil anos AP (Guidon & Andreatta, 1980; Guidon & Delibrias, 1986 *apud* Lourdeau *et al.,* 2019).

A área da Serra da Capivara contém a maior concentração de sítios americanos pré-UMG conhecidos até hoje, como o Pedra Furada, o Sítio do Meio, o Vale da Pedra Furada, o Tira-Peia e, possivelmente, a caverna das Moendas; sendo que a pedra furada proporciona as datas mais antigas e apresentando datações mais discrepantes, como 63 mil, 85 mil e até 147 mil AP. No entanto, essas datações mais discrepantes são interpretadas como perturbações tafonômicas e/ou aquecimento de origem antrópica insuficiente dos blocos para permitir ‘zerar o relógio’ da TL (Michab, 1999; Valladas *et al.,* 2003 *apud* Lordeau *et al.,* 2019).

Em Vale da Pedra Furada, a camada C5 é datada de 22.5 até 27.3 mil AP e proporcionou 17 artefatos líticos lascados (Boëda *et al.,* 2014 *apud* Lourdeau *et al.,* 2019). Em sítio do meio encontrou-se mais de 1500 artefatos líticos, datando entre 24 mil e 29 mil AP, enquanto Tira-Peia apresentou seis pedras lascadas com datações de 22 mil AP. Lordeau e colaboradores (2019) destacaram que as datações entre 35 e 50 mil AP da pedra furada devem ser estudadas mais detalhadamente por serem manifestações mais isoladas na arqueologia; mas que a partir de 30 mil AP existem dados arqueológicos bem consolidados para apoiar uma presença humana naquela região, tanto dentro dos sítios da serra da capivara quanto em outros sítios arqueológicos, como Santa Elina (Lourdeau *et al.,* 2019).

6.4. SANTA ELINA

Santa Elina, situado no Mato Grosso e localizado a sudeste da Serra das Araras, abriga diversos tipos de evidências de ocupações humanas que vão de pinturas rupestres complexas, artefatos líticos, estruturas de fogueiras e fósseis de preguiças gigantes da espécie *Glossotherium phoenesis*. O que chama atenção neste sítio são os ossos osteodermos do *Glossotherium*, encontrados nas camadas mais antigas das escavações, nas quais apresentam

modificações (Vialou *et al.,* 2017; Vilhena Vialou & Vialou, 2019). Pansani e colaboradores (2023) testaram a veracidade da origem antropogênica dos forames (furos) presente na osteoderma das preguiças gigantes, e contestaram que as modificações teriam realmente uma origem antropológica ao invés de terem sido causadas por roedores ou causas naturais.

Vialou e colaboradores (2017) utilizaram três métodos diferentes para as datações dos artefatos de Santa Elina: a datação por radiocarbono, urânio-tório e luminescência estimulada óptica (OSL), enquanto os artefatos analisados foram ossos, madeira, carvão e quartzo. A datação OSL do quartzo data em 25,1 ± 2 mil AP, enquanto a datação U/Th do osteodermo data em 27,0 ± 2 mil AP, enquanto a datação por radiocarbono do micro-carvão em 27.4 mil AP, sendo todos os artefatos da mesma profundidade.

De acordo com os autores, o fato de sítios arqueológicos mais antigos da américa do sul, como Monte Verde, Taima-Taima, Sítio da pedra furada e Santa Elina, se encontrarem tão distantes, é um indício de que essas habitações possuem histórias cronológicas e culturais independentes (Vialou *et al.,* 2017).

Tabela 1 - Sítios arqueológicos Pré-Clóvis: localização, datações, artefatos e culturas arqueológicas predominantes.

Sítio arqueológico	Localização	Datação por carbono Calibrada (Antes do Presente)	Artefatos	Cultura predominante	Referências
Bluefish Caves	Yukon- Canadá	22 a 24 mil AP	Ferramentas de pedra (Buris e microlâminas) e ossos de mega fauna (Equus lambei e Caribu) com cortes das mesmas ferramentas	Ferramentas semelhantes a Cultura Dyuktai	Bourgeon et al, 2017
Cactus Hill	Virgínea- EUA	17 a 19 mil AP	Ferramentas de pedra (Lâminas e pontas de lança num padrão triangulado) e vestígios de fogueiras (carvão fossilizado)	Ferramentas semelhantes a cultura Clóvis	McAvoy, Survey & Johnson, 2017
Cooper's Ferry	Idaho- EUA	16 mil AP	Pontas de lança e outras ferramentas líticas de pedra	Tradição caule Ocidental ou pontas de haste	Davis et al, 2022

Lagoa Santa e Lapa do Santo	Minas Gerais-Brasil	12 mil AP	Animais da megafauna, Peixes, lagartos, roedores, Lascas de Pedra, Ferramentas de Ossos, (Buris, espátulas e anzóis), Pinturas rupestres e Rituais de Sepultamento	Povos de Santa Luzia Carste	Strauss, 2016; Da-Gloria, Neves & Hubbe, 2017 Da-Gloria, Oliveira & Neves, 2017
Monte Verde	Puerto Montt-Chile	14.5 a 18 mil AP	Restos de habitação, dispositivos de madeira (Varas e estacas), Pedras lascadas e pontas de lança, Ossos de mastodontes.	Pedras líticas Unifaciais	Dillehay et al, 2015
Taima-Taima e Muaco	Falcón-Venezuela	15.7 a 19.8 mil AP	Ferramentas de pedra da cultura El jobo e Ossos de animais da megafauna (Gliptodontes)	Complexo lítico "El jobo"	Briceño e Céspedes, 2021; CARLINI, et al 2022.
Serra da Capivara	Piauí- Brasil	25 a 30 mil AP	Ferramentas líticas unifaciais e pontas de lança, Vestígios de Fogueira (Carvão e vegetais	Tecnocomplexo Itaparica	Unesco, 1991; Guidón, Niède, 2014; Lourdeau, 2019.

			fossilizados) e fósseis humanos		
Santa Elina	Mato Grosso- Brasil	25 a 27 mil AP	lascas de calcário e calcita, ferramentas de quartzo e sílex, madeira, carvão e Ossos de Glossotherium phoenesis modificados	---	Vialou et al., 2017; Vilhena Vialou & Vialou, 2019; Pansani et al., 2023
Cueva del Chiquihuite	Zacatecas- México	19 a 26.5 mil AP	Ossos, carvão, sedimentos, cascalhos e ferramentas líticas como pedras lascadas, lâminas, pontas e buris. Amplo registro de DNA antigo de flora e fauna	---	Ardelean et al., 2020
White Sands	Novo México- EUA	21 a 23 mil AP	Pegadas humanas fossilizadas	---	Pigati et al., 2023

Figura 13. Mapeamento dos sítios arqueológicos Pré-Clóvis. As datações e veracidade arqueológica ainda são debatidas.

Localização e datação dos principais sítios arqueológicos Pré-Clóvis, com a reconstituição da extensão máxima da Geleira Ártica (Área em azul)



Fonte: Adaptado do banco de dados do ArcGis Online

Disponível em: https://www.esri.com/en-us/arcgis/products/arcgis-online/overview

7. DISCUSSÃO E CONSIDERAÇÕES FINAIS

Como já explicado anteriormente, análises genéticas têm apontado para um consenso de que os povos indígenas, antigos e modernos, descendem de uma população que ficou isolada de outras populações asiáticas entre 45 e 36 mil anos. Essa população ancestral ainda teve um fluxo gênico com outras populações asiáticas até 23 ou 25 mil anos, e a partir daí essas populações passaram a se diferenciar em Paleo-Siberianos e Paleoindígenas (Raghavan *et al.*, 2015, Moreno-Mayar, 2018, Niedbalski & Long 2022). Porém, alguns pesquisadores ainda divergem sobre o local do isolamento inicial, sendo a hipótese mais tradicional o isolamento no Alaska (Raghavan *et al*., 2015, Moreno-Mayar *et al*, 2018), mas há autores que defendem o isolamento na Beríngia central (Hoffecker, 2016 apud Potter, 2017; Bourgeon, 2018). Outra hipótese que vem ganhando mais defensores é o isolamento geográfico no leste

ou nordeste da Ásia (Madsen, 2015, Buvit e Terry, 2016 *apud* Potter, 2017, Jeong et al., 2016).

Quanto às teorias sobre como foram os processos de ocupação e sobre as dinâmicas populacionais antigas, o modelo mais parcimonioso para explicar as evidências moleculares e morfológicas é o Modelo do Fluxo Gênico Recorrente. O modelo de fluxo gênico recorrente propõem que além dos fatores microevolutivos localizados, houve fluxo gênico constante com o leste Asiático, na qual a população fundadora era diversificadamente composta, tanto geneticamente quanto por diferentes morfometrias cranianas (Dias, 2019).

Análises moleculares recentes têm demonstrado que os Fósseis de morfologia Paleoamericanas são mais próximos geneticamente de indígenas modernos do que de qualquer outra população, além de evidenciar que a população fonte dos povos indígenas era bem diversa geneticamente; havendo componentes genéticos que ligam os povos indígenas a Linhagens do Leste Asiático (norte da China e Jômon do Japão), Sudeste Asiático e Oceania (Australasicus e Austronésio) e, principalmente, povos Siberianos com Nativos Americanos.

A interpretação dos dados moleculares mais aceita é que a população Fundadora dos povos indígenas se separou de outros povos Asiáticos na Beríngia há 36 mil AP, e se diferenciou dos antigos Siberianos entre 25 e 23 mil AP. Enquanto que as linhagens Ameríndia do Sul (ANC-A) e Norte (ANC-B) se separaram no interior da América do Norte há 16 mil anos, e o componente da população Y já estaria na população fonte antes da separação das linhagens (Jeong et al., 2016; Raghavan et al., 2015, Moreno-Mayar et al., 2018; Scheib et al 2018; Posth et al., 2018). Vale lembrar que o componente genético da população Y originário do Fluxo Gênico da população Fundadora com o Leste Asiático não anula a possibilidade de um contato posterior entre indígenas e polinésios antes do contato Europeu (Loannidis et al., 2020), na qual poderia reforçar os traços genéticas em certas populações.

Em relação ao componente genético de Australasicus, o modelo do Isolamento Genético na Ásia + Fluxo Gênico Recorrente explica melhor como o componente genético da população Y se encontra apenas nos Nativos Americanos do Sul, tanto modernos quanto em fósseis antigos (Moreno-Mayar et al., 2014). Em contrapartida, alguns autores propõem que o clado ANC-A pode ter se separado do Clado ANC-B ainda na Ásia, onde houve um fluxo gênico entre os Ancestrais A e população Y, que se dispersou na América primeiro há 16 mil anos AP, o que explicaria melhor como esse traço genético se encontram apenas nos Sul Americanos (Ning et al., 2020; Silva et al., 2021).

Outros interpretam a variabilidade genética e morfológica dos Indígenas antigos como uma evidência de que houve dois componentes biológicos distintos que colonizaram a América através do estreito de Bering e ao mesmo tempo, mesmo que não haja uma correlação clara entre morfologia craniana e componentes genéticos (Santos, 2020).

Os modelos moleculares fornecem uma análise precisa das linhagens fósseis e modernas ainda existentes, comprovando que os fósseis de morfologia paleoamericana são diretamente relacionado às populações modernas, e que os ancestrais dos indígenas das linhagens Norte e Sul já estavam no interior da américa do norte entre 17 e 15 mil anos atrás, quebrando portanto o paradigma Clóvis First mas ainda mantendo uma cronologia de habitação mais recente, ao comparar com sítios arqueológicos que apontam para uma cronologia de habitação durante e antes o UMG (Dias, 2019; Da-Glória, 2019). Morfometristas e defensores de uma habitação cronológica mais antiga para as Américas apontam que as análises genéticas estão muito sujeitas a perda de linhagens nas análises uniparentais e pela extinção de diversas linhagens humanas, tanto no registro fóssil quanto nos processos colonizatórios (Neves & Hubbe, 2005; Hubbe et al., 2010 apud Neves et al., 2014).

Boa parte dos paleo-geneticistas ainda apoia uma cronologia mais conservadora para a colonização da América por conta da falta de registro fóssil humano mais antigo que 13 mil anos e também pela dificuldade de estudar o paleoclima da região ártica, o que limita as inferências para uma colonização pioneira por volta de 16 mil Anos AP (Dias, 2019; Da-Glória, 2019). De acordo com Araújo e colaboradores (2015), o aparecimento de fósseis em toda a América nesse período reflete um aumento na organização social, tanto no modo de subsistência como nos rituais mortuários; e o fato de existir uma ampla diversidade de práticas culturais, ferramentas e adaptações há 12 mil anos é um indicativo de que as ocupações na américa possam ser mais antigas do que os dados genéticos e moleculares apresentam (Araújo et al., 2015 *apud* Da-Glória, 2019).

Muitos autores defendem que os primeiros humanos a colonizar as américas podem não ter deixado descendentes (Ardelean *et al.,* 2020). Considerando que a população fundadora já estava pelo noroeste da Ásia, somando os dados de possíveis períodos de travessias viáveis pelo Estreito de Bering (entre 45 - 42 mil AP; 36 - 32 mil AP; 27.5 - 25 mil AP; 17 -16 mil AP), tanto por rotas marítimas, rotas por gelo oceânico e também por corredores de gelo mais antigos (Farmer *et al.,* 2022; Pretorius *et al.,* 2023; Lesnek, 2023; Steffen, 2024), é plausível teorizar que: **caso os humanos tenham atravessado o Estreito de Bering durante**

ou antes o UMG, esses habitantes já eram muito próximos geneticamente aos indígenas modernos. Repare que os relógios moleculares para o isolamento genético, parcial e total, entre população-fonte ameríndia e populações asiáticas coincide com os novos estudos sobre a viabilidade ecológica do estreito de Bering (Raghavan et al., 2015, Moreno-Mayar et al., 2018). Ou seja, os rastros genéticos dos primeiros habitantes da América podem ainda estar presentes nos fósseis mais antigos preservados e até em populações ainda existentes. Porém, sem fósseis mais antigos que 13 mil AP, é improvável identificar essas linhagens intermediárias entre população fundadora e população moderna.

Sendo assim, os dados moleculares não necessariamente entram em conflito com as evidências arqueológicas mais antigas, mas um sinal que os dados moleculares disponíveis atualmente permitem uma análise molecular limitada às linhagens que se dispersaram em maior escala após a glaciação.

8. REFERÊNCIAS

ARAUJO, Astolfo G. M**. On vastness and variability: cultural transmission, historicity, and the Paleoindian record in Eastern South America.** Anais da Academia Brasileira de Ciências, Rio de Janeiro, v. 87, n. 2, p. 1239-1258, abr./jun. 2015.

ARDELEAN, Ciprian F. *et al.,* **Evidence of human occupation in Mexico around the Last Glacial Maximum.** Nature. Vol. 584, págs. 87-92, 2020 .

BECERRA-VALDIVIA, Lorena & HIGHAM, Thomas. **The timing and effect of the earliest human arrivals in North America.** Nature, Vol. 584, Págs. 93-97, 2020.

BENNETT, Matthew R. *et al.,* **Evidence of humans in North America during the Last Glacial Maximum.** Science. Vol. 373, Edição 6562, Págs. 1528-1531. 2021

BUENO, Lucas. **Arqueologia do povoamento inicial da América ou História Antiga da América: quão antigo pode ser um 'Novo Mundo'?** Boletim do Museu Paraense Emílio Goeldi. Ciências Humanas, Belém, v. 14, n. 2, p. 477-495, maio-ago. 2019.

BOURGEON, Lauriane; Burke A; Higham T. **Earliest Human Presence in North America Dated to the Last Glacial Maximum: New Radiocarbon Dates from Bluefish Caves, Canada.** PLoS ONE, Yukon- Canadá. Jan/2017.

BRICEÑO, Jorge D. Carrillo & CÉSPEDES, Andrés Eloy Reyes. **"Muaco" un yacimiento olvidado del pleistoceno tardío de Venezuela.** Isurus, Espanha. Vol. 13, páginas: 56-64, 2021.

CARLINI, Alfredo A, *et al*. **Damaged glyptodontid skulls from Late Pleistocene sites of northwestern Venezuela: evidence of hunting by humans?** Swiss Journal Palaeontology Vol. 141, Nº 11, 2022.

CLARK, Jorie*., et al.* **The age of the opening of the Ice-Free Corridor and implications for the peopling of the Americas.** PNAS: Proceedings of the National Academy of Sciences, EUA. Vol. 119, Nº 14. 2022.

DA-GLORIA, Pedro. **Ocupação inicial das Américas sob uma perspectiva bioarqueológica.** Boletim do Museu Paraense Emílio Goeldi. Ciências Humanas, Belém, Vol. 14, Nº 2, págs. 429-457, maio-ago. 2019.

DA-GLÓRIA, Pedro; NEVES, Walter Alves & HUBBE, Mark. **História das pesquisas bio arqueológicas em Lagoa Santa, Minas Gerais, Brasil.** Boletim do Museu Paraense Emílio Goeldi. Ciências Humanas, v. 12, Nº 3, págs. 919-936, set.-dez. 2017.

DALTON, April S *et al.,* **An updated radiocarbon-based ice margin chronology for the last deglaciation of the North American Ice Sheet Complex.** Science Direct. Vol. 234, 2020.

DAVIS, Loren G. *et al.,* **Dating of a large tool assemblage at the Cooper's Ferry site (Idaho, USA) to ~15,785 cal yr B.P. extends the age of stemmed points in the Americas.** Science Advances. Vol 8, Edição 51. 2022

DAVES, Loren G & MADSEN, David B. **The coastal migration theory: Formulation and testable hypotheses.** Science Direct. Vol. 249. 2020.

DIAS, Adriana Schmidt. **Um réquiem para Clovis.** Boletim do Museu Paraense Emílio Goeldi. Ciências Humanas, Belém, Vol. 14, Nº. 2, págs. 459-476, maio-ago. 2019.

DILLEHAY, Tom D *et al.* **New Archaeological Evidence for an Early Human Presence at Monte Verde, Chile**. PLoS ONE, Museu do Estado de Nova York- EUA. Nov/ 2015.

FARMER, Jesse R. et al. **The Bering Strait was flooded 10,000 years before the Last Glacial Maximum.** PNAS: Proceedings of the National Academy of Sciences, EUA. Vol. 120; Edição 1. 2022.

FU, Qiaomei *et al*., **Genome sequence of a 45,000-year-old modern human from western Siberia.** Nature. Vol 514, págs 445- 449. 2014

GOEBEL, Ted; WATERS, Michael R. & DIKOVA, Margarita. **The Archaeology of Ushki Lake, Kamchatka, and the Pleistocene Peopling of the Americas.** Science; Vol. 301, Edição 5632 págs 501-505, 2003.

GONGORA, Jaime; RAWLENCE, Nicolas J; MOBEGI, Victor A *et al.,* **Indo-European and Asian origins for Chilean and Pacific chickens revealed by mtDNA.** PNAS: Proceedings of the National Academy of Sciences, EUA. Vol. 105, Nº 30, 2008.

GONÇALVES, Vanessa Faria *et al.,* **Identification of Polynesian mtDNA haplogroups in remains of Botocudo Amerindians from Brazil.** PNAS, EUA. Vol. 110, Nº 16, 2013.

GONZÁLEZ-JOSÉ, Rolando *et al.,* **Patterns of phenotypic covariation and correlation in modern humans as viewed from morphological integration.** American Journal of Physical Anthropology, Hoboken, Vol. 123, Nº. 1, págs. 69-77, Jan. 2004.

GUIDON, Niède. **Pré-história da região do Parque Nacional Serra da Capivara.** Ciência & Ambiente. Vol. 48, págs. 217-230, jan./jul. 2014.

HEINTZMAN, Peter D., *et al.* **Bison phylogeography constrains dispersal and viability of the Ice Free Corridor in western Canada.** PNAS: Proceedings of the National Academy of Sciences, EUA. Vol. 113, Nº 29.

HOLIDAY, Vance T. *et al.,* **Paleolake geochronology supports Last Glacial Maximum (LGM) age for human tracks at White Sands, New Mexico.** Science. Vol. 11, Ed. 25. 2025.

JEONG, Choongwon *et al.,* **Deep History of East Asian Populations Revealed Through Genetic Analysis of the Ainu.** Oxford Academic. Genetics, Vol. 202, Edição 1, Págs. 261–272. 2016.

JOHNSON, Michael F. **Cactus Hill Archaeological Site**. Virgínia, EUA. Encyclopedia Virginia- EV, dez/2020. Atualizado em jul/2025. Disponível em:

LESNEK, Alia J. *et al.,* **Deglaciation of the Pacific coastal corridor directly preceded the human colonization of the Americas.** Science Advances. Vol. 4, Edição 5, 2018.

LESNEK, Alia J. **Windows of opportunity for the peopling of the Americas.** PNAS: Proceedings of the National Academy of Sciences, EUA. Vol. 120, Nº 10, 2023.

LI, Yu-Chun et al. **Mitogenome evidence shows two radiation events and dispersals of matrilineal ancestry from northern coastal China to the Americas and Japan**. Cell Reports. Volume 42, Edição 5, 112413. Maio/2023.

LOANNIDIS, Alexander G; Blanco-Portillo, J., Sandoval, K. et al. **Native American gene flow into Polynesia predating Easter Island settlement.** Nature, Vol. 583, Págs. 572–577 2020.

LOANNIDIS, A.G; BLANCO-PORTILLO, J; SANDOVAL, K. et al. **Paths and timings of the peopling of Polynesia inferred from genomic networks.** Nature, Vol. 597, Págs. 522–526; 2021.

LOURDEAU, Antoine. **A Serra da Capivara e os primeiros povoamentos sul-americanos: uma revisão bibliográfica. Boletim do Museu Paraense Emílio Goeldi.** Ciências Humanas, Belém, v. 14, n. 2, p. 335-366, maio-ago. 2019.

MALASPINAS, Anna Sapfo *et al.,* **A genomic history of Aboriginal Australia.** Nature, Vol. 538, Págs. 207–214; 2016.

McAvoy, Joseph M. e Lynn D. McAvoy**. Archaeological Investigations of Site 44SX202, Cactus Hill, Sussex County, Virginia.** Richmond: Departamento de Recursos Históricos da Virgínia, Série de Relatórios de Pesquisa nº 8, 1997.

MORENO-MAYAR, J Víctor; RASMUSSEN, Simon; SEGUIN-ORLANDO, Andaine *et al.,* **Genome-wide Ancestry Patterns in Rapanui Suggest Pre-European Admixture with Native Americans.** A Cell Press Journal. Vol. 24, Ed. 21, Págs. 2518-2525, 2014.

MORENO-MAYAR, J. Víctor et al. **Terminal Pleistocene Alaskan genome reveals first founding population of Native Americans.** Nature; Vol. 553; págs 203–207, 2018.

NEVES, Walter Alves; POWELL, Joseph F.; OZOLINS, Erik G. **Extra-continental morphological affinities of Palli Aike, Southern Chile.** Interciência, Caracas, v. 24, n. 4, p. 258-263, jul./ago. 1999.

NEVES, Walter Alves; HUBBE, Mark. **Cranial morphology of early Americans from Lagoa Santa, Brazil: implications for the settlement of the New World**. PNAS, Washington, v. 102, n. 51, p. 18309-18314, 2005

NEVES, Walter Alves et al., **A new early Holocene human skeleton from Brazil: implications for the settlement of the New World.** Science Direct, Volume 48, Edição 4, Pages 403-414, 2005.

NEVES, Walter Alves; *et al.,* **Morfologia craniana dos remanescentes ósseos humanos da Lapa do Santo, Lagoa Santa, Minas Gerais, Brasil: implicações para o povoamento das Américas.** SciELO- Scientific Electronic Library Online. 2014.

NIEDBALSKY, Sara D & LONG, Jeffrey C. **Novel alleles gained during the Beringian isolation period**. Scientific Reports, vol. 12; Nº 4289, 2022.

NIELSEN, Rasmus *et al*. **Tracing the peopling of the world through genomics.** Nature,Vol. 541; págs 302–310; 2017.

NING, Chao *et al.,* **The genomic formation of First American ancestors in East and Northeast Asia.** bioRxiv. 2020.

OKUMURA, Mercedes & ARAÚJO, Astolfo G.M. **Contributions to the Dart versus Arrow Debate: New Data from Holocene Projectile Points from Southeastern and Southern Brazil.** PPGArq e Museu de Arqueologia e Etnologia da USP. SciELo- Scientific Electronic Library Online. 2015.

PANSANI, Thais R. *et al .,* **Evidence of artefacts made of giant sloth bones in Central Brazil around the last glacial maximum.** The Royal Society. Edição 2002, Vol. 209, 2023.

PIGATI, Jeffrey S. *et al.,* **Independent age estimates resolve the controversy of ancient human footprints at White Sands.** Science, Vol. 382, Edição 6666, Págs. 73-75, 2023.

PITULKO, Vladimir *et al*., **Early human presence in the Arctic: Evidence from 45,000-year-old mammoth remains.** Science; Vol 351 , Edição 6270, págs 260-263, 2016.

PEARSON, Georges A. **Bridging the Gap: An Updated Overview of Clovis across Middle America and its Techno-Cultural Relation with Fluted Point Assemblages from South America.** Taylor e Francis, Vol. 3, Edição 3, Págs. 203-230, 2017.

PEDERSEN, M; RUTTER, A; SCHWEGER; *et al.* **Postglacial viability and colonization in North America's ice-free corridor**. Nature Vol. 537, págs 45–49, 2016.

POSTH, Cosimo *et al.,* **Reconstructing the Deep Population History of Central and South America.** Cell, A Cell Press Journal. Vol. 175, Edição 5; págs 1185-1197, 2018.

POTTER, Ben A *et al*. **Early colonization of Beringia and Northern North America: Chronology, routes, and adaptive strategies.** Science Direct. Volume 444; págs 36-55, 2017.

POTTER, Ben A *et al*. **Current evidence allows multiple models for the peopling of the Americas.** Revista Science Advance; Vol 4, Edição 8, 2018.

PUGACH, Irina; DUGGAN, Ana T; MERRIWETHER, D. Andrew et al., **The Gateway from Near into Remote Oceania: New Insights from Genome-Wide Data.** Molecular Biology and Evolution, Vol. 35, Ed. 4, Pages 871–886, 2018.

PUGACH, Irina; HUBNER, Alexander; HUNG, Hsiao *et al.,* **Ancient DNA from Guam and the peopling of the Pacific.** PNAS: Proceedings of the National Academy of Sciences, EUA. Vol. 118, Nº 1, 2020.

PRAETORIUS, Summer K et al., **Ice and ocean constraints on early human migrations into North America along the Pacific coast.** PNAS: Proceedings of the National Academy of Sciences, EUA. Vol. 120, Nº 7, 2023.

PRATES, LUCIANO & PEREZ, S. IVAN. **Late Pleistocene South American megafaunal extinctions associated with rise of Fishtail points and human population.** Nature Communications.Vol. 12; Edição 2175, 2021.

RAGHAVAN, MAANASA; et al. **Genomic evidence for the Pleistocene and recent population history of Native Americans.** Science. Vol 349, 2015.

SANTOS, André Luiz Campelo dos. **Paleomigrações na América: uma abordagem arqueogenética.** Universidade Federal de Pernambuco, Recife. Repositório Digital da UFPE. 2020.

SILVA, Marcos Araújo Castro; FERRAZ, Tiago; BORTOLINI, Maria Cátira; COMAS, David; HUNEMEIER, Tábita. **Deep genetic affinity between coastal Pacific and Amazonian natives evidenced by Australasian ancestry.** PNAS: Proceedings of the National Academy of Sciences, EUA. Vol. 118, Nº 14, 2021.

SCERRI, Eleanor *et al*. **Did Our Species Evolve in Subdivided Populations across Africa, and Why Does It Matter?**. Trends in Ecology & evolution; Vol. 33; edição 8; págs 582–594. 2018.

SCHEIB, C. L. *et al.,* **Ancient human parallel lineages within North America contributed to a coastal expansion.** Science, Vol. 360, Edição 6392, págs 1024-1027, 2018.

SCHICHI, Koji *et al.* **Climate amelioration, abrupt vegetation recovery, and the dispersal of Homo sapiens in Baikal Siberia.** Sciences Advances. Vol. 9; Edição 38; 2023.

SHIPTON, C *et al.,* **The biogeographic threshold of Wallacea in human evolution.** Science Direct. Vol. 574, Págs 1-12, 2021.

STEFFEN; M.L. **New age constraints for human entry into the Americas on the north Pacific coast**. Scientific Reports. Vol. 14; Nº 4291; 2024.

STOREY, Alice A; RAMÍREZ, José Miguel; QUIROZ *et al.,* **Radiocarbon and DNA evidence for a pre-Columbian introduction of Polynesian chickens to Chile.** PNAS: Proceedings of the National Academy of Sciences. Vol. 104, Nº 25, 2007

STOREY, Alice A & MATISOO-SMITH, Elizabeth A. **No evidence against Polynesian dispersal of chickens to pre-Columbian South America.** PNAS: Proceedings of the National Academy of Sciences. Vol. 111, Nº 35, 2014.

THOMSON, Vick. A *et al.,* **Using ancient DNA to study the origins and dispersal of ancestral Polynesian chickens across the Pacific.** PNAS: Proceedings of the National Academy of Sciences, EUA. Vol. 111, Nº 13, 2014.

VIALOU, Denis et al., **Peopling South America's centre: the late Pleistocene site of Santa Elina.** Cambridge University Press. Vol. 91, Edição 358, Págs. 865 - 884. 2017.

VILHENA VIALOU, Agueda & VIALOU, Denis. **Manifestações simbólicas em Santa Elina, Mato Grosso, Brasil: representações rupestres, objetos e adornos desde o Pleistoceno ao Holoceno recente.** SciELO- Scientific Electronic Library Online. Vol. 14, Nº 2, Págs. 343-365. 2019.

WATERS, Michael R. **Late Pleistocene exploration and settlement of the Americas by modern humans**. Science, Vol. 365, edição 6449. 2019.

WATERS, Michael. **The age of Clovis—13,050 to 12,750 cal yr B.P.** Science Advances. Vol. 46, Nº 43, 2020.

WILLERSLEV, Eske & MELTZER, David J. **Peopling of the Americas as inferred from ancient genomics.** Nature, Vol. 594, págs 356–364, 2021.

WILMSHURST, Janet M; HUNT, Terry L; LIPO, Carl P & ANDERSON, Atholl J. **High-precision radiocarbon dating shows recent and rapid initial human colonization of East Polynesia.** PNAS: Proceedings of the National Academy of Sciences, USA. Vol. 108, Nº 5, 2010.