UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO
CENTRO DE FILOSOFIA E CIÊNCIAS HUMANAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ARQUEOLOGIA

RAFAEL GENILSON MARINHO LEAL

Estudo de paleomigrações regionais pelas Américas a partir da análise de linhagens mitocondriais e de cromossomo Y do DNA antigo

RECIFE

2025

RAFAEL GENILSON MARINHO LEAL

Estudo de paleomigrações regionais pelas Américas a partir da análise de linhagens mitocondriais e de cromossomo Y do DNA antigo

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Arqueologia da Universidade Federal de Pernambuco, como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Arqueologia.

Orientador: Prof. Dr. Henry Socrates Lavalle Sullasi

Coorientador: Dr. André Luiz Campelo dos Santos

Recife

2025

A mim.

Aos meus pais, Sandra e Genilson.

Aos meus avós, Marinalva e Genival.

AGRADECIMENTOS

A minha mãe, Sandra, que fez o possível e o impossível para tornar possível todos os meus sonhos. Ao meu pai, Genilson, por sempre me apoiar nas minhas decisões e, junto com minha mãe, serem base do que eu me tornei como pessoa. A minha irmã, Rayane, por sempre me auxiliar e apoiar em tudo que faço. Aos meus avós, Marinalva e Genival, que me deram toda a base, até sobre o que é o Amor. Por falar em amor, preciso agradecer a minha namorada Joyce, ou melhor, Jota, por estar do meu lado em todo esse processo e ajudar a construir meus futuros sonhos. Também preciso agradecer aos meus sogros Leonita e Moacir, por serem porto seguro e me acolherem durante o tempo que os passei visitando.

Ao meu orientador, professor Henry, por toda confiança, apoio e conselhos valiosíssimos que me foram dados que me ajudaram para além da parte acadêmica, mas também pessoal. Ao meu coorientador, professor André, por toda paciência, sabedoria e me auxiliar com um norte no meu rumo científico. Agradeço muito aos dois em mais uma etapa da minha caminhada e fico feliz de ter a oportunidade de trabalhar e aprender com vocês.

Aos professores que compuseram minha banca, Allysson, Emanuella, Alberico e Sérgio pelos conhecimentos e dicas dadas, espero poder trabalhar com vocês futuramente. Também sou grato a todos os professores que tive a felicidade de ser aluno, principalmente do departamento que novamente me abrigou.

A Madalena e Ana Catarina por serem o principal motivo para continuar, isso é por vocês duas. A Thiago e Vinicius que sempre estava nos momentos de fuga da academia pra conversar, tomar uma cerveja e dar muitas gargalhadas. Assim como Luana e Juliane por estarem presentes cotidianamente no trabalho e apoiarem nos momentos de necessidade durante a vida acadêmica, profissional e pessoal.

Aos meus amigos de curto e longo prazo, nos quais não citarei nominalmente para não correr o risco de esquecer algum. Sou muito grato por sua amizade, apoio e compreensão nos momentos em que não me fiz presente.

Por fim, a todos que estiveram presentes na minha vida e ajudaram a compor o ser humano que sou.

“Eu sou porque nós somos”

(Filosofia Ubuntu).

RESUMO

Este trabalho apresenta um estudo arqueogenético de marcadores uniparentais como as linhagens mitocondriais e do cromossomo Y dos povos nativos da América do Sul, Central e Norte, a partir da análise de amostras obtidas de 224 indivíduos da Argentina, Belize, Brasil, Canadá, Chile, Estados Unidos da América (EUA), Groenlândia, México e Peru, datadas a partir de 12.722 até entre 427-134 anos AP. As amostras foram analisadas com uso de técnicas de programação em Python e R, e programas da bioinformática como o *BCFtools*. As relações entre os indivíduos foi obtida de acordo com a classificação estabelecida pela ferramenta *Haplogrep* 3, para linhagens mitocondriais e *Y-Lineage Tracker*, para linhagens do cromossomo Y, esses programas classificam os indivíduos em seus respectivos haplogrupos, conforme seus marcadores genéticos específicos. Foi possível observar a presença e estabelecer a frequência dos haplogrupos mitocondriais esperados para indivíduos nativo-americanos A, B, C, D e X, além dos não esperados H, L, M, N, R e U. Enquanto os haplogrupos esperados e encontrados para o cromossomo Y são C, K, P, Q e R, sendo possível também encontrar linhagens inesperadas como B, BT, CT, E, G, I J, N e a linhagem ligada a denisovanos A0000. A relação entre a espacialidade, derivação dos haplogrupos e possíveis rotas migratórias de acordo com a cronologia foi disposta em fluxogramas de dispersão. A comparação deu-se ao longo dos resultados, mostrando que alguns haplogrupos podem ser observados em períodos pré e pós-contato, enquanto outros apenas pós-contato.

Palavras-chave: Ancestralidade; Bioinformática; Cromossomo Y; DNA mitocondrial; Genômica; Linhagens do Cromossomo Y; Linhagens Mitocondriais; Migrações; Povoamento da América

ABSTRACT

This work presents an archaeogenetic study of uniparental markers such as mitochondrial and Y-chromosome lineages of the native peoples of South, Central, and North America, based on the analysis of samples obtained from 224 individuals from Argentina, Belize, Brazil, Canada, Chile, the United States of America (USA), Greenland, Mexico, and Peru, dated from 12,722 up to between 427–134 years BP. The samples were analyzed using programming techniques in Python and R, as well as bioinformatics tools such as BCFtools. The relationships between individuals were determined according to the classification established by the Haplogrep 3 tool for mitochondrial lineages and Y-Lineage Tracker for Y-chromosome lineages; these programs classify individuals into their respective haplogroups based on their specific genetic markers. It was possible to observe the presence and establish the frequency of the expected mitochondrial haplogroups for Native American individuals — A, B, C, D, and X — as well as unexpected ones — H, L, M, N, R, and U. The expected and identified Y-chromosome haplogroups include C, K, P, Q, and R, and it was also possible to find unexpected lineages such as B, BT, CT, E, G, I, J, N, and the Denisovan-linked lineage A0000. The relationship between spatial distribution, haplogroup derivation, and possible migratory routes over time was illustrated using dispersion flowcharts. The comparison was carried out throughout the results, showing that some haplogroups can be observed in both pre- and post-contact periods, while others only in the post-contact period.

Keywords: Ancestry; Bioinformatics; Y Chromosome; Mitochondrial DNA; Genomics; Y-Chromosome Lineages; Mitochondrial Lineages; Migrations; Settlement of America.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Dados de indivíduos antigos advindos da Argentina 29

Tabela 2 - Dados de indivíduos antigos advindos de Belize 31

Tabela 3 - Dados de indivíduos antigos advindos do Brasil 32

Tabela 4 - Dados dos indivíduos antigos advindos do Canadá 37

Tabela 5 - Dados dos indivíduos antigos advindos do Chile 40

Tabela 6 - Dados dos indivíduos antigos advindos dos EUA 46

Tabela 7 - Dados dos indivíduos antigos advindos do México 50

Tabela 8 - Dados dos indivíduos antigos advindos do Peru 50

Tabela 9 - Indivíduos sem a presença de SNPs para designar o haplogrupo mitocondrial ou do cromossomo Y. 68

Tabela 10 - Indivíduos antigos pertencentes ao Haplogrupo DNAmt A 71

Tabela 11 - Indivíduos antigos pertencentes ao Haplogrupo DNAmt B 77

Tabela 12 - Indivíduos antigos pertencentes ao Haplogrupo DNAmt C 81

Tabela 13 - Indivíduos antigos pertencentes ao Haplogrupo DNAmt D 84

Tabela 14 - Indivíduos antigos pertencentes ao Haplogrupo DNAmt H 90

Tabela 15 - Indivíduos antigos pertencentes a Outros Haplogrupos DNAmt 92

Tabela 16 - Indivíduos antigos pertencentes ao Haplogrupo DNAy C 95

Tabela 17 - Indivíduos antigos pertencentes ao Haplogrupo DNAy Q 97

Tabela 18 - Indivíduos antigos pertencentes ao Haplogrupo DNAy R 102

Tabela 19 - Indivíduos antigos pertencentes a outros Haplogrupos DNAy 106

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

1kGP	Projeto 1000 Genomas
ANC	Ancash
AP	Antes do Presente
ARE	Arequipa
ARI	Arica
AR-S	Santa Fé
AY	Ayacucho
BC	Colúmbia Britânica
BCF	Contraparte binária do VCF
cal	Calibrados
cm	Centímetros
CO	Choapa
DNA	Ácido Desoxirribonucleico
EM	Estreito de Magalhães
GRCh37	*Genome Reference Consortium Human Build* 37
GRCh38	*Genome Reference Consortium Human Build* 38
HG19	*Human Genome* 19
HVR	Regiões Hipervariáveis Mitocondriais
HU	Huaura
km	Quilômetros
LOE	Luminescência Opticamente Estimulada
m	Metros
MG	Minas Gerais
MHCP	Mayahak Cab Pek
MRCA	Mais Recente Ancestral Comum
DNAmt	DNA Mitocondrial
MZ	Mendoza
NB	Nova Brunswick
ON	Ontário
PCR	Reação de Cadeia Pré-polimerase
PE	Pernambuco

PI	Piauí
RFLP	Polimorfismo de Comprimento de Fragmento de Restrição
RM	Região Metropolitana de Santiago
Qt	Qeqertasussuk
SC	Santa Catarina
SP	São Paulo
SNP	Polimorfismos de Nucleotídeo Único
ST	Saki Tzul
TA	Tarapacá
VCF	*Variant Call Format*

LISTA DE SÍMBOLOS

-	A
~	Aproximadamente
>	Maior que
±	Mais ou menos
%	Porcento

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO

1.1 ANTECEDENTES E PROBLEMÁTICA

1.2 HIPÓTESES, OBJETIVOS E ESTRUTURA DA PESQUISA

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 ANTECEDENTES E PROBLEMÁTICA

2.2 HIPÓTESES, OBJETIVOS E ESTRUTURA DA PESQUISA

3. CONTEXTO ARQUEOLÓGICO DAS AMOSTRAS

3.1 ARGENTINA

3.2 BELIZE

3.3 BRASIL

3.4 CANADÁ

3.5 CHILE

3.6 EUA

3.7 GROENLÂNDIA

3.8 MÉXICO

3.9 PERU

4. MÉTODOS DE SEQUENCIAMENTO E CLASSIFICAÇÃO

4.1 BIOINFORMÁTICA

4.2 PROCEDIMENTOS TÉCNICOS

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 HAPLOGRUPOS MITOCONDRIAIS ENCONTRADOS

5.1.1 HAPLOGRUPO DNAmt A

5.1.2 HAPLOGRUPO DNAmt B

5.1.3 HAPLOGRUPO DNAmt C

5.1.4 HAPLOGRUPO DNAmt D

5.1.5 HAPLOGRUPO DNAmt H

5.1.6 DEMAIS HAPLOGRUPOS MITOCONDRIAIS

5.2 HAPLOGRUPOS DO CROMOSSOMO Y

5.2.1 HAPLOGRUPO DNAy C

5.2.2 HAPLOGRUPO DNAy Q

5.2.3 HAPLOGRUPO DNAy R

5.2.4 DEMAIS HAPLOGRUPOS DNAy
5.2.5 HAPLOGRUPO DNAy A0000
5.3 FREQUÊNCIA DOS HAPLOGRUPOS
5.3.1 FREQUÊNCIA DE HAPLOGRUPOS DNAmt
5.3.2 FREQUÊNCIA DE HAPLOGRUPOS DNAy
5.4 POSSÍVEIS ROTAS MIGRATÓRIAS
5.4.1 ROTAS MIGRATÓRIAS DO DNAmt
5.4.2 ROTAS MIGRATÓRIAS DO DNAy
6. CONSIDERAÇÕES FINAIS
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS
8. MATERIAL COMPLEMENTAR

1. INTRODUÇÃO

Os processos de ocupação das Américas ainda hoje não são completamente compreendidos, as evidências que temos são provenientes de artefatos líticos (Fig. 1) encontrados próximo a cidade de Clovis, no Novo México (Estados Unidos da América), nos anos de 1920 e 1930. Estas são as evidências de presença humana mais antiga já datada no continente, entre 13.200 à 12.900 anos AP. Tais evidências servem como base para a teoria de que os indígenas americanos de outras localidades seriam derivados desta população e localidade. (Waters; Stafford, 2007).

Figura 1 - Pontas de lança e raspador da população Clovis.

Fonte: NPS / David N. Fuerst - https://www.nps.gov/neri/learn/historyculture/history-of-native-americans-in-the-lower-new-river-region.htm. Acesso em:24 set. 24.

Legenda: *Paleoindian Clovis spearpoint and scraper from Richmond Bottoms site.*

Devido às evidências encontradas na época, houve uma grande contribuição para o fortalecimento da teoria que as ocupações ao longo do continente americano tenham partido da rota pela Beríngia (Raff; Bolnick, 2014). Denominada pela comunidade antropológica e arqueológica estadunidense como "*Clovis First Theory*", esta teoria propõe que a cultura Clóvis teria caráter primordial no processo de ocupação das Américas (Waters; Stafford, 2007). Na década de 1950, progressos

tecnológicos nas técnicas aplicadas na arqueologia, como a datação absoluta por radiocarbono, têm contribuído com esta teoria (Santos, 2016).

Os fluxos migratórios de povoamento das Américas passaram a ser encarados como posteriores a 13.000 anos AP, que inicialmente deram início a cultura Clóvis e posteriormente as demais culturas do continente, tendo o Estreito de Bering como ponto de entrada. Localizado entre o Leste Asiático, na Rússia e o Alasca, nos EUA, a Beríngia (Fig. 2) seria um corredor livre de gelo que interligava os continentes (Waters; Stafford, 2007).

Figura 2 - Beríngia, localizada no Estreito de Bering, entre Rússia e EUA.

Fonte: Pletcher, Kenneth. "Beringia". Encyclopedia Britannica, 5 Jun. 2024, https://www.britannica.com/place/Beringia. Acesso:24/09/2024.

Posteriormente, novos sítios arqueológicos vieram a ser encontrados ao longo do continente americano, com datações semelhantes aos sítios da Cultura Clóvis, entretanto as datações anteriores a 13.000 anos AP foram rejeitadas alegadamente por não possuírem contexto estratigráfico, datações ou artefatos "confiáveis" ou a união desses fatores. (Waters, 2019; Santos, 2020).

Em contrapartida, muitas falhas foram se tornando evidentes na teoria "*Clóvis First*". A primeira seria sobre a teoria de envergadura continental, levando em conta observações limitadas a espaços geográficos e intelectuais muito reduzidos,

ainda sem falar sobre os vestígios limitados. O segundo ponto a ser visto é sobre as condições ambientais que as populações tiveram que se adaptar, que estavam em constante transformação, enquanto se movimentavam pelo continente (Santos, 2020).

Este conjunto de fatores acabou por gerar um consenso sobre a teoria "*Clovis First*", ela não parecia fazer sentido ao explicar o complexo processo de povoamento do Continente Americano (Romero, 2014; Waters, 2019).

1.1 ANTECEDENTES E DEFINIÇÃO DA PROBLEMÁTICA

Para falar sobre as rotas migratórias é fundamental entender a questão ambiental em que as primeiras evidências dessas migrações estavam inseridas. Esta contextualização é fundamental para entender os motivos que a teoria Estadunidense de povoamento não compreendia por total este processo.

O momento em que a Rússia e os Estados Unidos da América estavam ligados por pela Beríngia foi no Último Máximo Glacial, este que teve início há cerca de 30.000 anos AP. O nível do mar teve uma imensa queda e se deu início a uma conexão formada por geleiras entre os continentes. Esta conexão durou até cerca de 11.000 anos AP. (Brigham-Grette *et al*., 2004).

Por volta de 21.000 anos AP possivelmente ocorreu a conexão dos lençois de gelo Norte-americanos ao leste das *Rocky Mountains*, se estendendo até o que hoje conhecemos como Novo México (Mandryk *et al*., 2001). Houve a conexão com a costa do Pacífico da América do Norte há cerca de 17.000 anos AP. Dois mil anos após (15.000 anos AP) a costa da Beríngia já era um local livre de gelo. A conexão do Pacífico para o interior do continente só veio a acontecer entre 13.000 e 12.000 anos AP (Mandryk *et al*., 2001; Misarti *et al*., 2012).

Este foi o primeiro período em que um corredor livre de gelo estava se formando no interior do continente. O espaço estava passando por constantes transformações por conta do derretimento das geleiras e a substituição das tundras por florestas de coníferas. Entretanto, o corredor livre de gelo ainda levaria um pouco mais de tempo para se tornar viável para deslocamento, Apenas por volta de 11.000 anos AP estaria funcional (Mandryk *et al*., 2001; Brigham-Grette *et al*., 2004).

Uma grande questão é que a teoria não compreende a presença de indivíduos anteriores a 10.000 anos AP na América do Sul, a cronologia é muito

próxima do momento de viabilidade do corredor (Santos, 2020). Falamos de um intervalo de tempo de 1000 anos aproximadamente para o povoamento pelo interior do continente, para além da distância geográfica, estamos levando em consideração relevos, vegetações e climas diferentes em um relativo curto espaço de tempo. Seria um tanto quanto presunçoso assumir que tais processos se deram nessa cronologia. Levando em consideração as questões anteriores, podemos supor que a migração Norte-Sul poderia ter ocorrido em outras áreas do continente. Levando em conta datações Sul-Americanas antigas podemos levantar outras hipóteses de processos migratórios fora da Beríngia. Na atualidade, a arqueogenética vem sendo utilizada cada vez mais para a compreensão de possíveis rotas migratórias e relacionar indivíduos de diferentes locais. Cada nova descoberta de um novo indivíduo com DNA preservado para análise gera um novo motivo de empolgação na área.

Contudo, pesquisas nessa área utilizam o genoma completo na maior parte dos casos. Visto que as informações geradas pelo DNA mitocondrial fornecem dados limitados sobre a ancestralidade, sendo apenas a informação materna, enquanto o cromossomo Y possui ainda mais limitação visto que só é passada de indivíduos biologicamente masculinos para filhos do sexo biológico masculino. Outra grande questão sobre o cromossomo Y é que ele não é observado à parte, com uma ferramenta para observar linhagens de indivíduos com sua presença, além do fato que seu sequenciamento completo foi realizado apenas em 2023 a partir do consórcio Telômero-para-Telômero (T2T) (Rhie et ali., 2023).

Observando ambas em paralelo conseguimos observar as duas linhagens: materna e paterna. Tais informações podem se complementar e gerar boas informações para a compreensão de processos migratórios. Os principais motivos para o trabalho com o DNA mitocondrial e o cromossomo Y é a velocidade de análise do genoma e o fato de ambos já terem sua sequência genética completamente sequenciada.

Colin Renfrew foi precursor ao cunhar o termo “Arqueogenética” para definir pesquisas com indivíduos antigos utilizando técnicas da Genética Molecular (Renfrew, 2001). Ainda que pesquisas precursoras nesta temática tenham acontecido, antes mesmo do termo ser cunhado. Como no caso das pesquisas de Cavalli-Sforza que misturaram a arqueologia com informações genômicas, para Cavalli-Sforza havia a necessidade de recorrer a genética para compreender o

passado e sua conclusão aconteceu muitos anos antes do primeiro genoma humano passar por sequenciamento. Em sua publicação “Genes, Povos e línguas” foi feita uma relação entre demografia, linhas filogenéticas, linguística e arqueologia (Barone, 2018). Juntamente com António Amorim, professor emérito da Faculdade de Ciências da Universidade do Porto e investigador do I3S[1], na qual era líder do grupo de genética populacional e evolução. Sendo um grande pesquisador na área, e crítico da influência de Darwin em pesquisas atuais, como pode ser visto no seu livro “A Espécie das Origens - Genomas, linhagens e Recombinações”, em que o autor critica o desejo do neodarwinismo definir um modelo único para explicar tudo, mesmo com toda a complexidade de espécies e contextos que temos (Mendes, 2024; Silva, 2024). Ambos pesquisadores traçaram os primeiros passos para o que veio mais tarde ser cunhado como Arqueogenética.

No início dos anos 1953, as bases nitrogenadas do DNA[2], que compõem suas fitas de dupla hélice, foram definidas. A mitocôndria[3] foi identificada em 1980, é uma parte do DNA fora do núcleo que contém a informação genética da linhagem materna e abre possibilidades de relacionar indivíduos de um mesmo grupo genético com a cronologia e espacialidade, podendo observar possíveis rotas e fluxos migratórios (Renfrew; Bahn, 2005).

O “DNA antigo” ou aDNA (sigla em inglês) vem se tornando popular em pesquisas neste tema, tendo em vista que geram dados mais precisos do que com a utilização de outras técnicas com mesmo objetivo (Santos, 2020). Com o avanço das descobertas na área, foi possível identificar marcadores genéticos[4] relacionados a indivíduos de uma mesma localidade (Strachan; Read, 2019).

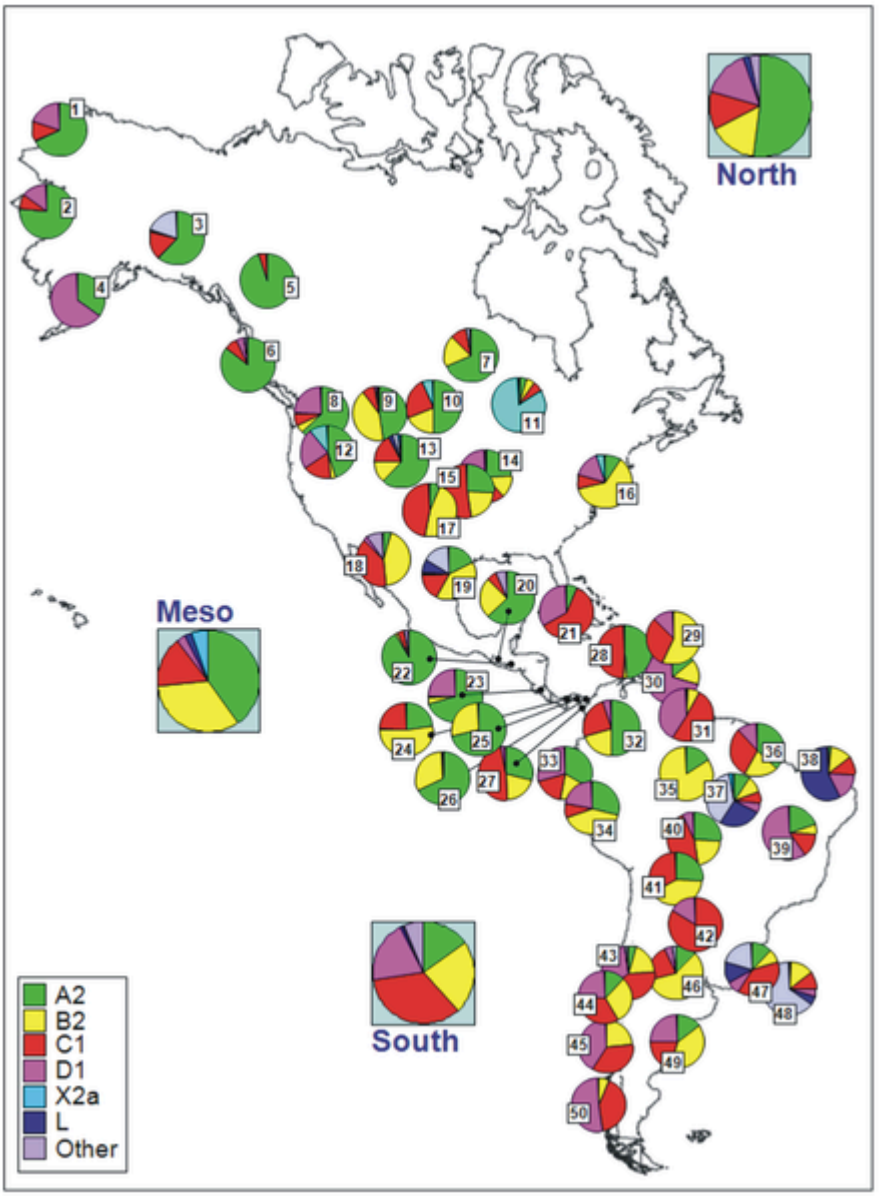
Nas Américas, estudos com o DNA mitocondrial apresentam indícios que povos nativos derivam de populações do Leste asiático, estes povos compartilham os mesmos haplogrupos[5] com grupos linguisticamente similares. Sendo assim, é possível teorizar acerca de múltiplas migrações através do Estreito de Bering (Eshleman; Malhi; Smith, 2003; Ritter, 2008). Estes grupos foram sendo classificados de acordo com sua descoberta. Os povos nativos-americanos foram

[1] Instituto de Patologia e Imunologia Molecular da Universidade do Porto
[2] Adenina, Citosina, Guanina e Timina (A, C, G e T)
[3] Fita de formato circular de DNA, com 16,569 pares de base aproximadamente, localiza-se fora do núcleo. É transmitida exclusivamente da mãe para os filhos (CHIAL; CRAIG, 2008; HOFSTATTER, 2013).
[4] Mutações aleatórias transmitidas sem alterações para os filhos, denominadas de polimorfismos de nucleotídeo único (SNP).
[5] Grupo de indivíduos que compartilham o mesmo perfil genético (SANTOS, 2020) .

classificados em 5 haplogrupos mitocondriais: A, B, C, D e X (Jablonski, 2002; Achilli *et al*, 2008). Sendo classificados mais especificamente nos sub-haplogrupos: A2, B2, C1b, C1c, C1d, D1, e X2a. Em média 95% do DNA mitocondrial dos indígenas americanos é derivada destes haplogrupos, os 5% que sobram pertencem a haplogrupos menores como o C4c, D2a e D4h3a (Eshleman; Malhi; Smith, 2003; Achilli *et al*, 2008; Tamm *et al*, 2008). Estes também são possíveis de serem observados em populações asiáticas, sendo possível supor uma descendência, possivelmente de migrações pela Beríngia (Jota; Santos, 2014).

Salas e colaboradores (2009) mostram a frequência de haplogrupos de populações americanas (Fig. 3), sendo possível observar as populações A2 como mais presentes na América do Norte, compondo pouco mais de metade do total de indivíduos, mas que vão reduzindo ao longo do sentido norte-sul, sendo ainda a mais populosa na América Central e decrescendo para a quarta mais populosa na América do Sul. Já as populações B2 podem ser vistas com uma frequência relativamente baixa na América do Norte, porém vindo a dobrar seu tamanho na América Central e reduzir um pouco na América do Sul, mas ainda assim se mantendo como uma das mais frequentes no continente. Observando C1 nas Américas do Norte e Central, este grupo mantém praticamente a mesma frequência, sendo o terceiro ou quarto haplogrupo mais comum, mas na América do Sul ele aparece de forma expressiva, contendo a maior presença de indivíduos. Uma particularidade vinculada ao haplogrupo X2a é a sua presença majoritária nos EUA, em uma região específica próxima aos Grandes Lagos, este haplogrupo também vem a aparecer na América Central, porém de forma pouco expressiva. Outra questão importante a ser observada é a presença de indivíduos do haplogrupo L ao longo da Costa Oeste e interior do Brasil, sendo este predominante em populações do continente africano que foram trazidos durante o período colonial devido ao tráfico de escravizados.

Figura 3 - Frequência de haplogrupos mitocondriais nas Américas



Fonte: Adaptado de Salas e Colaboradores (2009, p. 6).

Como pôde ser observado no mapa anterior, a complexidade genética e migratória das Américas é algo notável, que não pode ser resumido a uma só teoria para responder todas as questões acerca do tema. Casos importantes a serem pontuados são os dos haplogrupos X2a e L, que apresentam baixa frequência geográfica, mas nas áreas que aparecem são predominantes (fig. 3). Claro, é importante ressaltar o motivo da presença de L principalmente no Brasil, como sendo um haplogrupo não originário das Américas, com um contexto trágico devido ao período escravocrata que durou séculos e impactou em todos os sentidos as

vidas desses indivíduos, para além de apenas presença de conjuntos de bases nitrogenadas divergentes das locais.

Indo para a contraparte paterna das migrações podemos observar os principais haplogrupos de cromossomo Y nas Américas (Fig. 4). Tendo como rota de entrada nas Américas a rota pela Beríngia e uma possível rota via Atlântico, porém de um grupo já extinto (sendo marcado como “(?)” no mapa). Uma coisa a ser observada nesta temática de pesquisa é a baixa presença de trabalhos voltados para a região das Américas, principalmente nas Américas Central e do Sul.

Figura 4 - Rotas migratórias de indivíduos com cromossomo Y nas Américas

Fonte: Adaptado de Chan (2013). Disponível em: https://en.wikipedia.org/wiki/File:World_Map_of_DNAy_Haplogroups.png. Acesso em: 25 set. 2024.

Legenda: *World Map of Y-Chromossome Haplogroups.*

Os haplogrupos do cromossomo Y presentes nas Américas são: C[6], K, Q, P e R. Sendo mais específico os sub-haplogrupos: C2 (anteriormente conhecido com C3), K2*, Q1a3a, Q1a3a1, P1 e R1b (YFull, 2024). Sendo este último um tanto quanto controverso sobre sua presença nas Américas, já que não se sabe se sua origem é espontânea, vinda por migrações de indivíduos de outra região em levas migratórias ou é mais uma consequência dos processos de colonização e tráfico de escravizados.

Desta forma, após a contextualização dos antecedentes, a problemática a ser abordada ao longo desta pesquisa foi feita com base nas seguintes questões:

a) Quais os haplogrupos de DNA mitocondrial e Cromossomo Y podem ser encontrados ao longo do continente Americano no período pré-contato (e pós-contato)?

b) Qual seria a frequência desses haplogrupos dentre as populações?

c) Estes seguem os modelos preestabelecidos relacionados aos povos da América?

d) Seria possível traçar rotas de como se deu as dispersões no interior do continente?

Sendo esmiuçadas as questões na qual a problemática abordada retrata, adiante as hipóteses para tais problemas serão relatadas.

1.2 HIPÓTESES, OBJETIVOS E ESTRUTURA DA PESQUISA

As hipóteses a serem testadas, de acordo com os questionamentos levantados anteriormente são:

a) O período pré-contato seguiria o padrão esperado dos haplogrupos de DNA mitocondrial, que seriam, A2, B2, C1 e D1 e X2a, já os haplogrupos do Cromossomo Y são C2, K2*, P1, Q1a3a, Q1a3a1 e R1b respectivamente como os principais em indivíduos nativos atuais.

b) A presença de outros haplogrupos, além dos citados no tópico anterior, deve ser igual ou inferior a 5%, como no estudo de Salas e colaboradores (2009) propõe.

[6] 崎谷満 (2009) - Tradução livre da publicação em japonês da Sakiyatani Mitsuru pela Bensei Publishing em 2009.

c) Ausência de haplogrupos provenientes de povos africanos num período pré-contato entre as amostras (12.722 a entre 427–134 anos AP).

d) Concentrações de haplogrupos com proximidade geográfica e cronológica permitirão traçar possíveis rotas migracionais.

Com isso, as hipóteses foram apresentadas e o presente trabalho terá como objetivo geral fazer uma investigação acerca das linhagens mitocondriais e do cromossomo Y dos indivíduos antigos referenciados mais adiante, a fim de relacioná-los entre si e com a espacialidade na qual estão inseridos.

Os objetivos específicos que tentarão ser alcançados com o decorrer da pesquisa são:

a) Estimar os haplótipos de cada indivíduo antigo publicado e categorizá-los em seus respectivos haplogrupos.

b) Inferir a frequência desses haplogrupos identificados

c) Fazer o mapeamento das dispersões encontradas a nível regional.

d) Ampliar a pesquisa realizada no TCC (Leal, 2021), da América do Sul para as Américas do Norte, Sul e Central.

A justificativa para a realização desta pesquisa é poder fundamentar novas pesquisas acerca do processo de povoamento das Américas em escala regional fazendo o uso do DNAmt e cromossomo Y como fonte de informações. Já que as pesquisas recentes fazem pouca utilização deste e focam principalmente no genoma completo. O sequenciamento completo do cromossomo Y foi bem recente por meio do consórcio Telômero-para-Telômero (T2T) (Rhie *et ali*., 2023), o que faz com que o modelo de pesquisas seja reformulado. Além de que e o DNAmt é uma pequena fração do DNA, isso torna a pesquisa mais rápida e acessível.

Este trabalho respeitará a seguinte ordem de capítulos em sua estrutura: o próximo capítulo deve expor e detalhar o contexto das amostras trabalhadas, juntamente com suas datações e características dos indivíduos e seus sítios.

O capítulo 3 irá abordar a seção metodológica, como e quais métodos serão utilizados. Será feita a apresentação de conceitos que vão aparecer recorrentemente ao longo da pesquisa, juntamente com ferramentas de análise e técnicas para explicar a problemática de acordo com a perspectiva dos objetivos geral e

específicos, serão abordadas também as justificativas para essas escolhas, juntamente com as técnicas escolhidas e exceções das aplicações destas.

Na sequência, o capítulo número 4, os resultados obtidos por meio dos conceitos e técnicas do capítulo anterior serão exibidos. Contará também com discussões sendo levantadas com base na natureza e ligação com os dados resultantes.

Em último virá as considerações finais, onde soluções serão apresentadas de acordo com as discussões anteriores e servindo como base que precede fundamentações para futuros trabalhos relacionados à arqueologia.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

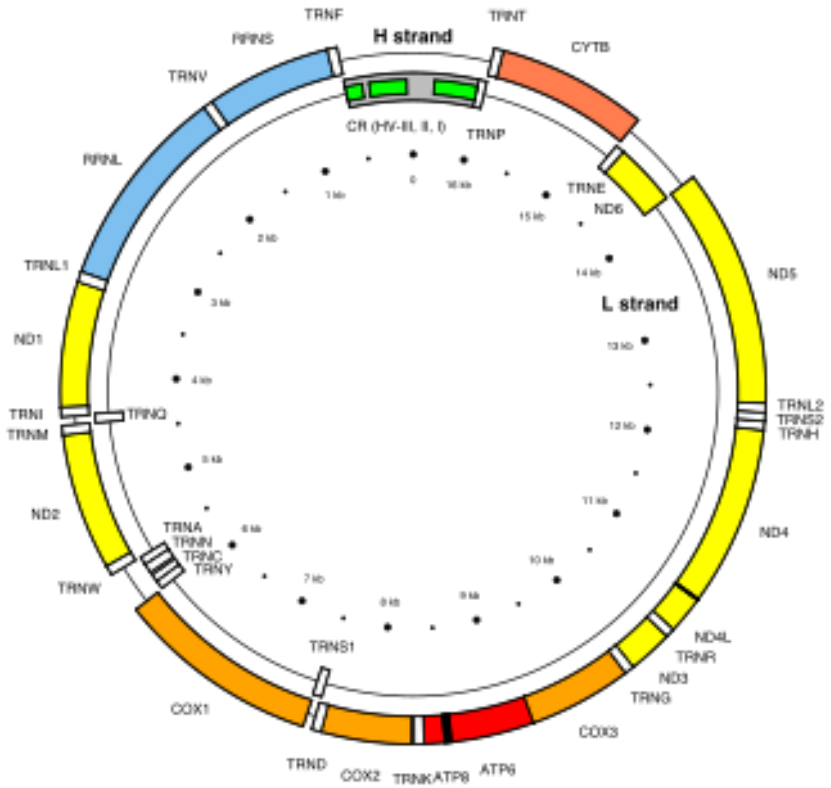
A base teórica utilizada nesta pesquisa parte de 3 premissas. Sendo a primeira de acordo com questões biológicas. Nesta pesquisa serão utilizadas duas fontes de informação genômica: o DNA mitocondrial e o cromossomo Y, responsáveis pelas informações das linhagens maternas e paternas, respectivamente. A segunda com questões geográficas para poder auxiliar a compreensão dos fluxos migratórios e como a geografia pode ter influenciado os caminhos dessas populações. E, por fim, as rotas migratórias. Como é o entendimento desses processos atualmente e quais teorias tentam elucidar esse processo.

2.1 Biológica

O DNA mitocondrial tem o formato de uma fita circular de DNA, com uma média de 16,569 pares de base. Cada célula tem centenas de mitocôndrias, cada uma possui algumas cópias de DNAmt e ausência de recombinação. Essa alta quantidade de cópias pode não se apresentar de forma homogênea, sendo possível que as informações contidas nas mitocôndrias sejam diferentes umas das outras, esse fenômeno é denominado de heteroplasmia. Sua transmissão se dá por linhagem materna, de forma exclusiva (Chial. Craig, 2008; Hofstatter, 2013; Kivisild, 2015; Strachan; Read, 2019).

O DNAmt apresenta regiões hipervariáveis (*hypervariable region*), sendo possível utilizá-las para compreender os polimorfismos que o indivíduo possui. Estas regiões são chamadas de HVR1, a região considerada com “baixa resolução” e HVR2, que é considerada “com alta resolução”. De acordo com o sequenciamento de referência de Cambridge, liderado por Fred Sanger na universidade de Cambridge durante os anos 70, foi possível determinar o comprimento do DNAmt e das suas regiões hipervariáveis (Fig. 6), sendo estas HVR 1 entre as posições de pares de base da mitocôndria 16024-16383 e HVR 2, que é subdividida em HVR-II entre 57-372 e HVR-III entre 438-574 (Andrews *et al*., 1999; van Oven; KAyser, 2009; Aulicino, 2013). O baixo comprimento da fita de informação do DNAmt permite que os recursos computacionais para trabalhá-la também sejam baixos, sendo possível de se realizar em um computador doméstico.

Figura 6 - Comprimento do DNAmt e regiões hipervariáveis (em verde, na parte superior da imagem).



Fonte: Andrews *et al*., 1999.

O cromossomo Y tem aproximadamente 57,227,415 pares de base[7]. Sua combinação determina o sexo biológico do indivíduo, quando há a combinação de dois X, o indivíduo é biologicamente do sexo feminino, já quando ocorre a combinação XY, o indivíduo é biologicamente masculino (Hurle, 2024). Sua leitura é complexa devido a repetição de sequências de alelos de diversas formas, o que resultou em uma demora para seu sequenciamento, vindo a ocorrer apenas em 2023 (T2T-CHM13v2.0), sendo o último cromossomo a ser sequenciado de forma completa (Rhie *et al*., 2023). A cada geração o cromossomo Y acumula aproximadamente duas mutações (Dolgin, 2009) tornando possível estudar a história genética de linhagens paternas humanas, sendo possível vislumbrar cerca de 182.000 anos de evolução humana, entender suas relações com características e variantes específicas do cromossomo (Hallast *et al*., 2023). Embora o cromossomo Y tenha perdido parte de sua informação original ao longo do tempo, visto a

[7] The Genome Reference Consortium (GRCh38.p14. Acesso em: 3 de fev. 2022)

quantidade significativa de mutações ao longo do tempo e a redução da contagem de genes (Strachan; Read, 2019), ainda mostra-se como uma fonte de informação útil para a compreensão de migrações humanas e fluxos gênicos. Embora seu tamanho seja consideravelmente maior do que o da mitocôndria, ainda torna possível que seja realizada a sua análise em computadores domésticos.

A combinação de ambas informações fomentam a discussão de processos migratórios a partir das linhagens. Embora o genoma completo ofereça uma informação substancial e única sobre o indivíduo, sua análise demanda um enorme poder computacional se comparado com o DNAmt e cromossomo Y. Em contrapartida, as partes utilizadas neste trabalho possuem limitações, o DNAmt passa de geração em geração as informações genéticas da mãe para os filhos, ou seja, possui apenas a informação de um lado da ancestralidade do indivíduo (Pennisi, 2001). O cromossomo Y possui limitações ainda maiores, sendo um cromossomo sexual presente apenas em indivíduos do sexo biológico masculino, ou seja, apenas indivídios biologicamente masculinos passarão sua informação genéticas para filhos biologicamente masculinos. Como em pesquisas deste gênero geralmente são utilizadas informações de indivíduos de ambos os sexos, essa informação sobre o cromossomo Y costuma ser descartada (Brown, 2002).

Dois conceitos que serão muito utilizados são: o haplótipo que é um série de alelos encontrados conectados em uma posição específica de um gene no cromossomo e; o haplogrupo que é grupo filogenético que permite separar uma população da outra a partir de marcadores diversos, como os uniparentais.

Na arqueologia o termo adotado para pesquisas deste tipo é “Arqueogenética”, para falar sobre pesquisas que utilizam da Genética Molecular para estudar o passado humano, sendo Colin Renfrew o autor do mesmo (Renfrew, 2001). O avanço da tecnologia aplicada em pesquisas de Genética Molecular alcançou o momento da quebra do código genético do DNA, que em 1953 possibilitou a pesquisa das bases nitrogenadas[8] que fazem parte da composição das fitas de dupla hélice do DNA. Quase três décadas depois, em 1980, a mitocôndria foi identificada, sendo esta uma pequena parte com dados genéticos fora do núcleo relacionada com linhagens matrilineares. Simultaneamente estudos sobre a linhagem patrilinear estavam sendo realizados com base no cromossomo Y.

[8] Adenina, Citosina, Guanina e Timina (A, C, G e T)

Atualmente as informações que compõem o DNA podem ser sequenciadas e analisadas, o que auxilia a compreensão de diversos pontos sobre um indivíduo ou população analisada, sendo possível relacioná-los entre si, com a espacialidade na qual estavam inseridos e fazer ligações que possibilitam desenvolver hipóteses sobre rotas migratórias traçadas pelo indivíduo ou seus ancestrais (Renfrew; Bahn, 2005).

O Nobel de Medicina Svante Pääbo é outro nome relevante ao se falar em genética evolutiva, além de ser um dos fundadores da paleogenômica. Sendo diretor do Departamento de Genética do Instituto Max Planck de Antropologia Evolutiva, na Alemanha, Pääbo foi responsável pela publicação do genoma de um indivíduo Neanderthal, que o sagrou com o prêmio Nobel (Gitschier, 2008; Pääbo, 2014). Seu trabalho abriu portas para diversas pesquisas nesta temática, mostrando novas possibilidades e complementando nosso conhecimento dos processos evolutivos e genéticos.

O termo “DNA antigo” ou “*ancient DNA*” (DNAa) vem se tornando popular na América do Norte e Europa quando se fala sobre questões ligadas à evolução humana, paleomigrações ou paleopatologias, este tipo de técnica resulta em resultados mais precisos que outros tipos de técnicas utilizadas com o mesmo propósito (Santos, 2020). Isto é algo que vem mostrando cada vez mais sua importância na arqueologia, visto que pode mostrar possibilidades que estavam ocultas anteriormente. O uso do DNA antigo é uma ferramenta muito útil para preencher lacunas de conhecimentos nestas temáticas. É um código ao qual ocasionalmente temos acesso, mesmo que degradado, e juntando as informações podemos compor teorias ainda mais aprofundadas e embasadas sobre essas sequências de DNAa estudadas.

2.2 Geografia

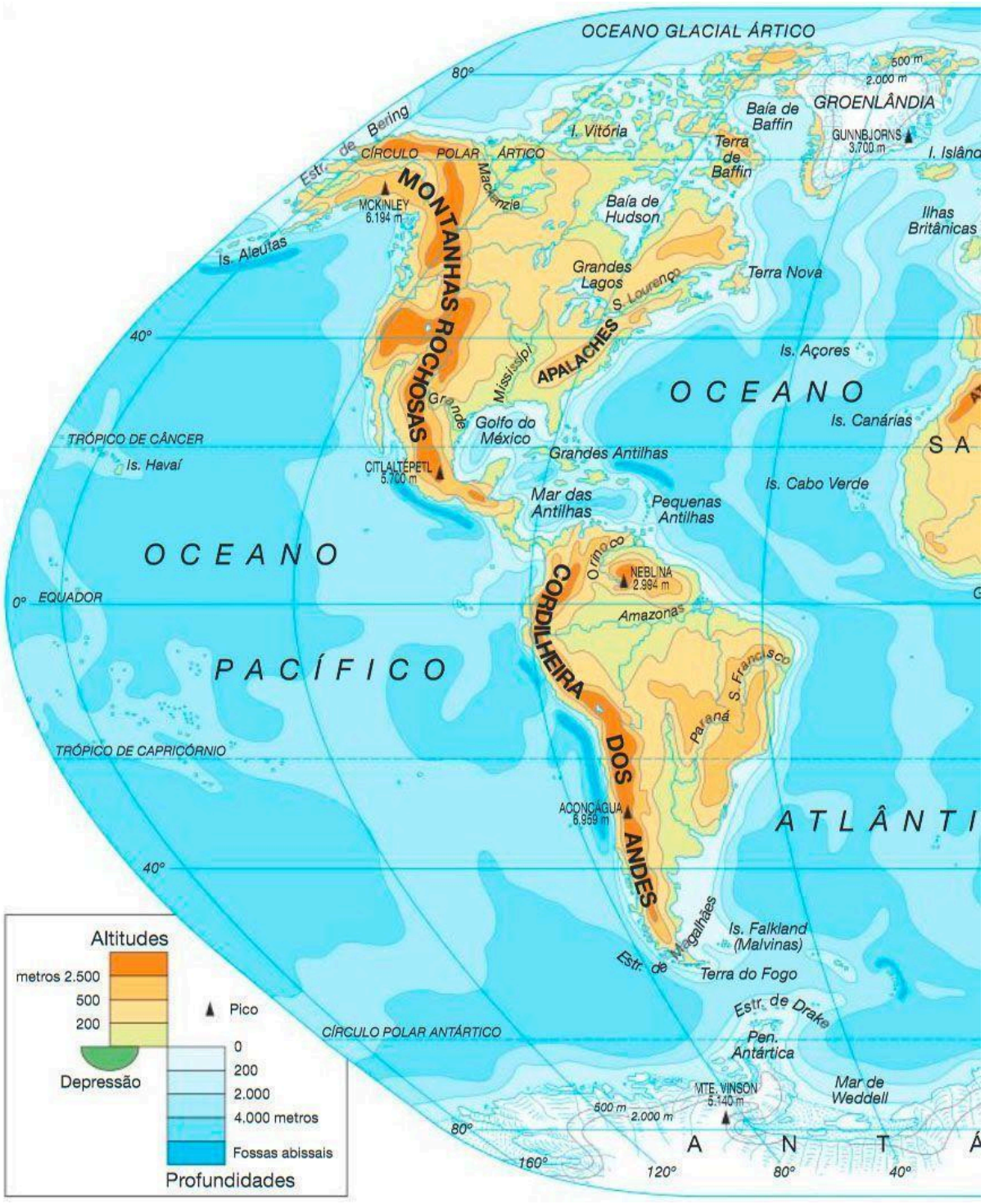
Para Anderson e Gillan (2000), o básico sobre assentamentos humanos é sua presença próxima a recursos. Durante os processos migratórios esses povos podem ter ido em busca de recursos, sendo eles áreas costeras, vales de rios, serras ou regiões com presença de animais para caçar ou pescar, além de recursos para manufatura de materiais líticos. Os autores sugerem que o padrão de movimentação

de povos nativos-americanos pode ser observado junto a fluxos d’água, como o litoral e margem de lagos.

Desta forma podemos expôr a hidrografia e o relevo como partes fundamentais para esses processos. Na figura 7 pode-se observar os pontos chave que podem influenciar esses processos. De início podemos observar as Montanhas Rochosas e os Apalaches na América do Norte, juntamente com a cordilheira dos Andes e o Pico da Neblina na América do Sul. Essas regiões de alto relevo podem fornecer corredores para migrações através do continente.

Em paralelo com a hidrografia, podemos ver a região dos Grandes Lagos, o rio Mississipi, rio São Lourenço, rio Mackenzie, o Golfo do México e a Baía de Hudson como principais pontos hidrográficos na América do Norte. O Mar das Antilhas e Pequenas Antilhas na América Central. Enquanto na América do Sul os rios Amazonas, São Francisco e Paraná, juntamente com seus afluentes possuem papel importante nesses processos. É necessário também pontuar as regiões litorâneas também nesses processos, como pode vir a ser observado ao longo da pesquisa essas áreas tiveram grandes fluxos migratórios associados.

Figura 7 - Relevo e hidrografia dos continentes Americanos.



Fonte: Adaptado de Ferreira e Martinelli (2019).

2.3 Teorias de povoamento humano das Américas

A principal teoria sobre rotas migratórias é através da ponte de gelo ,denominada de Beríngia, que ligava a Rússia aos Estados Unidos da América

durante o Último Máximo Glacial, indo de 30.000 anos AP até 11.000 anos AP, permitindo a entrada no continente americano por volta entre 13.000 e 12.000 anos AP, como explicada durante a introdução. Essa teoria é a mais aceita amplamente, mas pode não explicar de forma satisfatória o extenso cenário do continente Americano (Mandryk *et al*., 2001; Brigham-Grette *et al*., 2004; Misarti *et al*., 2012).

Uma segunda teoria envolve fluxos migratórios costeiros durante esse mesmo período geológico da anterior. Essa teoria envolve a produção de veículos aquáticos através do Arquipélago Kurile, na Costa da Beríngia e os arquipélagos da costa do Alásca e Columbia Britânica, seguindo para o sentido sul, partindo para a costa da América Central e posteriormente a do Sul (Surovell, 2003; Renee *et al*., 2007). Essa hipótese ganhou força com a possibilidade das cavernas de Port Eliza, na Ilha Vancouver, indicar a possibilidade de um clima favorável para a sobrevivência humana por volta de 16.000 anos AP, época em que as geleiras continentais estavam em sua extensão máxima (Al-Suwaidi , 2005).

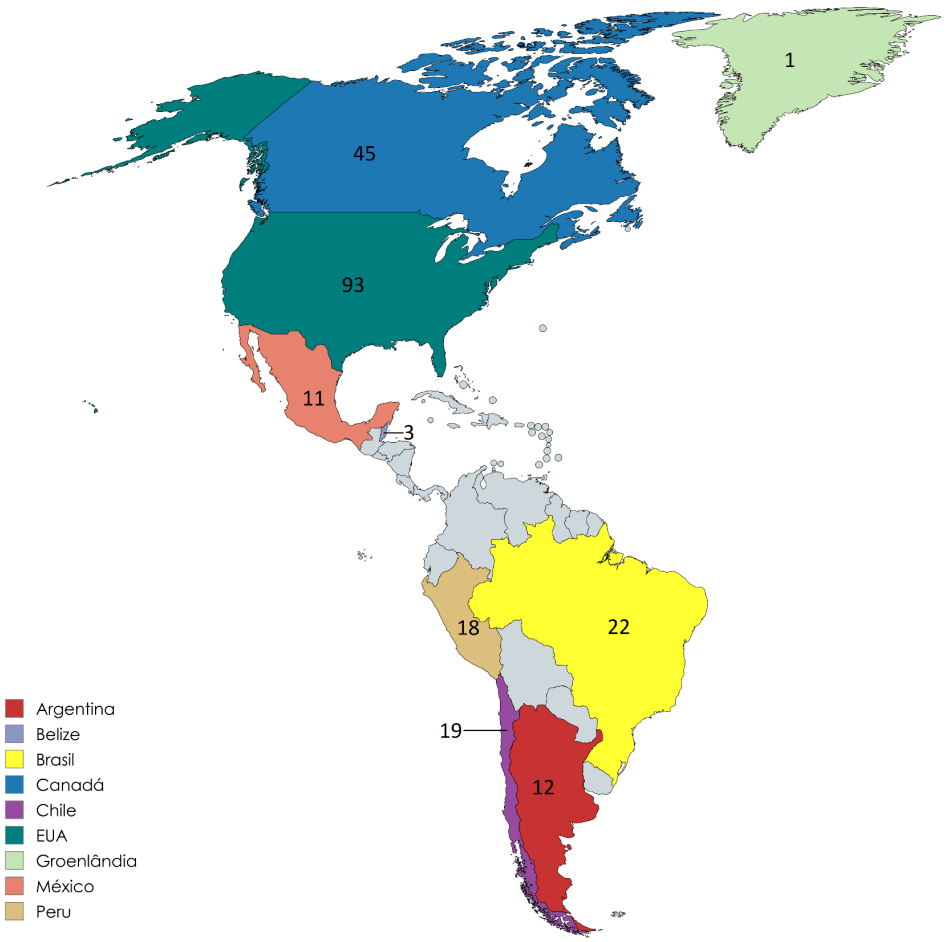
A Hipótese solutreana sugere que povos europeus possam ter sido os primeiros a chegarem no continente americano (Bradley; Stanford, 2010. Essa hipótese propõe que há cerca de 21.000 anos AP indivíduos da região de Solutré, na França, que seriam os antecessores da cultura lítica Clovis. A migração desses indivíduos teria ocorrido via Atlântico, a partir dos blocos de gelo presentes no Último Máximo Glacial (Jochim, 2012). A análise de DNAa de um indivíduo encontrado associado com artefatos Clóvis por volta de 12.500 anos AP, contribuiu para enfraquecer essa hipótese. É o indivíduo Anzick-1, da região de Montana, nos EUA (Rasmussen *et al*., 2014), também utilizado nesta pesquisa.

A teoria australasiana é uma teoria que ganhou mais força em pesquisas recentes como a de Ioannidis e colaboradores (2020), que fez uma análise comparativa entre populações americanas da costa do Pacífico com indivíduos de populações polinésias. Sendo possível encontrar uma forte evidência desse contato em uma das ilhas da porção Leste da Polinésia, num período anterior ao assentamento Rapa Nui. A teoria tenta explicar a entrada de indivíduos no continente americano através do pacífico, vindos da Polinésia.

3. CONTEXTO ARQUEOLÓGICO DAS AMOSTRAS

O presente trabalho irá fazer a análise de um grande número de indivíduos antigos nativos das Américas que foram geneticamente sequenciados, totalizando 224 amostras dos indivíduos. Destes, 219 foram investigados por Santos (2020), destes 66 da América do Sul foram analisados posteriormente por Leal (2021) e 5 novos serão utilizados neste trabalho. Distribuídos por 9 países (Fig. 5) podemos observar a distribuição dos indivíduos como: 12 da Argentina, 3 do Belize, 22 do Brasil, 45 do Canadá, 19 do Chile, 93 dos EUA, 1 da Groenlândia, 11 do México e 18 do Peru. Suas datações vão desde 12.722-12.590 até 500-130 anos AP.

Figura 5 - Países das Américas que tiveram sequenciamento genético de indivíduos humanos antigos.



Fonte: autoria própria (2024).

Dentre as 224 amostras disponíveis por meio de depósito em banco de dados genômicos, Rasmussen e colaboradores (2010; 2014a e; 2015) foram responsáveis por 3, Raghavan e colaboradores (2015) por 23, Lindo e colaboradores (2016 e; 2017) por 25, Moreno-Mayar e colaboradores (2018a e; 2018b) por 18, Posth e colaboradores (2018) por 49, Scheib e colaboradores (2018) por 87, Flegontov e colaboradores (2019) por 15 e, Santos e colaboradores (2022) por 4. Algo que é possível de ser observado claramente é o quão recentes trabalhos nesta temática são, principalmente se tratando de indivíduos nativo-americanos antigos.

Santos (2020) dá ênfase na questão que os autores Moreno-Mayar e colaboradores (2018a e; 2018b) e Posth e colaboradores (2018), mesmo trabalhando com esta temática de ancestralidade, analisaram as amostras com a intenção de identificar e correlacionar ancestralidades já conhecidas previamente, ou seja, as do Nordeste Asiático. Outra questão importante a ser comentada é sobre a baixa presença de países da América Central, em contraponto a principalmente a América do Norte, que aparece com uma grande frequência de pesquisas. Tais discrepâncias de números podem afetar uma expansão da interpretação de hipóteses diversas a teorias sobre rotas migratórias com base em cultura material, formação do registro arqueológico e DNA antigo.

Abaixo no texto serão informadas as características e contextos arqueológicos das amostras.

3.1 ARGENTINA

A Argentina apresenta 12 indivíduos advindos de 3 sítios arqueológicos (Tabela 1).

Tabela 1 - Dados dos indivíduos antigos da Argentina.

Indivíduo	Sítio	Datação (anos AP)	Referência
Aconcagua	Cerro Piramidal	500	Moreno-Mayar et al., 2018a
I0308	Arroyo Seco II	7.570-7.300	Posth et al., 2018
I0309	Arroyo Seco II	7.800-7.500	Posth et al., 2018
I1748	Arroyo Seco II	7.330-6.950	Posth et al., 2018
I2230	Arroyo Seco II	8.960-8.380	Posth et al., 2018
I2232	Arroyo Seco II	8.520-8.200	Posth et al., 2018
I7086	Arroyo Seco II	7.920-7.660	Posth et al., 2018

I7088	Arroyo Seco II	7.570-7.290	Posth et al., 2018
I7090	Arroyo Seco II	7.330-6.950	Posth et al., 2018
I8348	Laguna Chica	6.960-6.790	Posth et al., 2018
I8349	Laguna Chica	6.780-6.650	Posth et al., 2018
I8350	Laguna Chica	6.800	Posth et al., 2018

Fonte: adaptado de Santos (2020).

Próximo à cidade de Tres Arroyos, nos Pampas, *Arroyo Seco 2* é um sítio arqueológico ao ar livre. Sendo um sítio com uma estratigrafia complexa, que demonstra a presença de muitos momentos de ocupação que vão desde o Pleistoceno Superior até tempos históricos (Pucciarelli; Perez; Politis, 2010; Politis *et al*., 2016). O ponto mais recuado na cronologia de ocupação humana na área tem a datação de 12.170 anos AP.

O sítio conta com um alto número de sepultamentos humanos, chegando a 50, com indivíduos de ambos os sexos e diversas faixas etárias. As 27 datações feitas chegam a 7.819±61 e 4.487±45 anos AP. Observa-se diversos tipos de enterramento indo do primário simples aos múltiplos. Adornos vinculados aos enterramentos podem ser encontrados junto de alguns enterramentos, como a presença de colares com dentes caninos de canídeos e peças com conchas marinhas, mostrando a complexidade do tratamento que esse povo dava aos indivíduos (Posth *et al.,* 2018). Um total de 8 amostras foram sequenciadas.

A base do *Cerro Piramidal* é o segundo sítio argentino, faz parte do Aconcágua, na província de Mendoza. Uma múmia congelada de um menino de sete anos foi encontrada enrolada em 18 peças de tecido e rodeada por estatuetas antropomórficas. A forma que a criança foi colocada remetia a um enterro ritual típico Inca, conhecido como “*Capacocha*” (ou “*Capac hucha*”). A múmia data de cerca de 500 anos, o que vem a coincidir cronologicamente com o ponto de expansão máximo da civilização Inca na direção do Cone Sul. Evidências arqueológicas sugerem que o menino possa ter sido deslocado da costa central do Peru (Moreno-Mayar *et al.,* 2018a).

Fechando os sítios argentinos, temos *Laguna Chica*, localizado nos Pampas da região central da Argentina. Quatro enterramentos foram evidenciados e datados como pertencentes do Holoceno Médio e Tardio (6.960-6.650 anos AP) (Scheifler *et al.,* 2017). Os indivíduos encontrados estavam parcialmente expostos devido à erosão causada pelo lago, estavam associados com material lítico, porém não houve

escavações arqueológicas sistemáticas neste sítio. O material lítico encontrado era predominantemente de torquartite, outras matérias-primas líticas como sílex, granito, basalto e sílex silicoso, entre outras, também estavam associadas em baixa frequência. Haviam diversos tipos de ferramentas, como facas, raspadores, pontas de projéteis triangulares, ferramentas multiuso e outros. A análise preliminar de todo material remete a uma possível sucessão de acampamentos residenciais de caçadores-coletores durante o Holoceno Médio e Tardio (Posth *et al.,* 2018). Deste sítio foram datadas 3 amostras.

3.2 BELIZE

As amostras provenientes de Belize são de 2 sítios: *Mayahak Cab Pek* (MHCP) e *Saki Tzul* (ST), este contendo duas amostras. Localizados em um vale da Reserva Natural de Bladen, nas Montanhas Maias do sul de Belize, os sítios podem ser classificados como dois abrigos sob rocha.

Os sítios vieram a ser escavados entre 2014 e 2016, camadas sobrepostas de origem antrópica foram datadas em diversos períodos entre 12.500 e 1.000 anos AP. A datação do enterramento no sítio MHCP possui entre 9.430-9.140 anos AP. Já a datação dos enterramentos do sítio ST possuem entre 7.460-7.310 anos AP (Tabela 2). No sítio ST as datações se deram por meio do esmalte dentário, a confirmação da integridade do material orgânico do esmalte se deu por Espectroscopia no Infravermelho por Transformada de Fourier (FTIR) (Posth *et al.,* 2018)

Tabela 2 - Dados dos indivíduos antigos de Belize.

Indivíduo	Sítio	Datação (anos AP)	Referência
I3443	Mayahak Cab Pek	9.430-9.140	Posth et al., 2018
I5456	Saki Tzul	7.440-7.310	Posth et al., 2018
I5457	Saki Tzul	7.460-7.320	Posth et al., 2018

Fonte: adaptado de Santos (2020).

3.3 BRASIL

As amostras provenientes do Brasil são 22, vindas de 7 sítios arqueológicos diferentes (Tabela 3) dos estados de Minas Gerais (Lapa do Santo e Gruta do

Sumidouro), Pernambuco (Pedra do Tubarão), Piauí (Toca do Enoque), Santa Catarina (Jabuticabeira 2) e São Paulo (Laranjal e Moraes).

Tabela 3 - Dados dos indivíduos antigos do Brasil.

Indivíduo	Sítio	Datação (anos AP)	Referência
Brazil-2	Pedra do Tubarão	981±23	Santos et al, 2022
CP18	Lapa do Santo	9.550-9.470	Posth et al., 2018
CP19	Lapa do Santo	10.160-9.600	Posth et al., 2018
CP21	Lapa do Santo	9.410-9.090	Posth et al., 2018
CP22	Lapa do Santo	9.670-9.490	Posth et al., 2018
CP23	Lapa do Santo	9.550	Posth et al., 2018
CP25	Lapa do Santo	9.680-9.530	Posth et al., 2018
CP26	Lapa do Santo	9.550	Posth et al., 2018
Enoque65	Toca do Enoque	~3.500	Raghavan et al., 2015
I9054_d	Jabuticabeira 2	2.030-1.830	Posth et al., 2018
I9055_d	Jabuticabeira 2	1.990-1.750	Posth et al., 2018
I9056_d	Jabuticabeira 2	1.290-1.080	Posth et al., 2018
I9057_d	Jabuticabeira 2	2.340-2.100	Posth et al., 2018
I9058_d	Jabuticabeira 2	2.340-2.100	Posth et al., 2018
LAR001	Laranjal	6.660-6.450	Posth et al., 2018
LAR002	Laranjal	6.900-6.680	Posth et al., 2018
MOS001	Moraes	6.900-6.680	Posth et al., 2018
Sumidouro4	Gruta do Sumidouro	>10.000	Moreno-Mayar et al., 2018a
Sumidouro5	Gruta do Sumidouro	>10.000	Moreno-Mayar et al., 2018a
Sumidouro6	Gruta do Sumidouro	>10.000	Moreno-Mayar et al., 2018a
Sumidouro7	Gruta do Sumidouro	>10.000	Moreno-Mayar et al., 2018a
Sumidouro8	Gruta do Sumidouro	>10.000	Moreno-Mayar et al., 2018a

Fonte: autoria própria (2024).

A primeira amostra coletada foi na Toca do Enoque, uma caverna na Serra da Capivara, Piauí. Pertencente ao esqueleto 3 do sepultamento 3, a amostra foi extraída do fêmur esquerdo. Sua datação foi feita por Radiocarbono e como resultado foi uma idade aproximada de 3.500 anos AP (Raghavan *et al*., 2015).

Na sequência temos outro sítio, a Lapa do Santo, ao norte de Lagoa Santa, Minas Gerais (MG), outra área arqueológica (Strauss *et al*., 2016; Villagran *et al.,* 2017). A região apresenta grande quantidade de remanescentes ósseos humanos, bem preservados, datados diretamente do início do Holoceno, o local era conhecido desde o século XIX. O sítio é um abrigo sob rocha com cerca de 1.300 m², que veio

a se desenvolver sob uma reentrância de um suporte de calcário com 30 metros de altura. Foram utilizadas 3 técnicas para datação, sendo 21 Luminescência Opticamente Estimulada (LOE) da sedimentação, 53 feitas em carvões por Radiocarbono e 20 a partir da extração de colágeno de ossos humanos. A ocupação se deu em 3 períodos diferentes, pôde-se observar que iam do Holoceno Inicial (12.700-11.700 a 8.300-8.000 anos AP), passando pelo Holoceno Médio (5.400-4.900 a 4.300-3.900 anos AP) e findando no Holoceno Tardio (2.100-800 a 900-200 anos AP) (Strauss *et al*., 2016).

O indivíduo Brazil-2, vindo do sítio arqueológico Pedra do Tubarão, no estado de Pernambuco. O sítio tem associação com pinturas rupestres da Tradição Agreste, a segunda com maior representatividade no Nordeste do Brasil, com sua origem ligada diretamente com sítios da Serra da Capivara, no Piauí, há cerca de 5.000 anos AP, embora as datações mais antigas em Pernambuco sejam próximas dos 2.000 anos AP. Tornando bem complicado fazer correlações diretas entre culturas da tradição agreste dessas diferentes regiões. A amostra foi datada de forma direta, com uso de radiocarbono, em aproximadamente 981 anos AP (Santos *et al*., 2022).

A Lapa do Santo possui 39 enterramentos humanos escavados desde 2001, mas sua descoberta ocorreu ainda no século XIX, sua datação foi realizada de forma direta a partir do colágeno ósseo, juntamente com as observações da estratigrafia, que indicam que o sítio é do período do Holoceno Inicial, sendo estimada entre 12.700 e 11.700 anos AP, embora seu uso com finalidades funerárias date de 10.600 e 10.300 anos AP, com sepultamentos primários. No local foi observado que a principal presença de sedimentação era antropogênica, ocasionada por frequentes ações de acender fogueira. Material lítico associado era composto predominantemente por pequenos núcleos de quartzo, vindo a variar ao longo do tempo, até 9.900 anos AP quando foram observadas matérias-primas exógenas, como silexita, deixando de ser comuns e o quartzo, disponível localmente, virando a principal matéria-prima. Indo em contraponto ao uso diversificado de matéria-prima, as tecnologias líticas foram constantes. Estudos isotópicos e antropológicos indicam baixos níveis de mobilidade entre populações que fizeram uso deste assentamento (Posth *et al*., 2018). Ao todo 11 amostras de DNAa de indivíduos foram sequenciados geneticamente neste sítio.

Dois sítios de sambaquis fluviais (que não estão na costa), localizados a sudeste do Estado de São Paulo (SP), no meio do Vale da Ribeira, são: Moraes e

Laranjal. Estes que continham a presença de artefatos feitos de partes animais, como ossos, dentes e chifres, além de conchas. Evidências de material cerâmico não foram encontradas no local. Em sítios deste tipo é comum a presença de enterramentos de indivíduos durante todo o período do Holoceno. O sítio do Moraes (Plens, 2007) possui formato circular, com diâmetro de 30 metros aproximadamente, sua localização é na cidade de Miracatu. A cronologia do local é cerca de 5.000 anos AP (Santos, 2020).

O sítio Laranjal compartilha da mesma localização e está a cerca de 5 km do Moraes, seu formato é circular com um diâmetro aproximado de 20 metros e sua localização é a 200 metros de um curso de rio, em um topo de colina. Sua semelhança com o sítio Moraes também está presente na cultura material, porém suas datações são distintas, indicando períodos entre 6.980 a 6.585 anos AP (Posth *et al*., 2018). Foram sequenciados 1 amostra do Moraes e 2 do Laranjal.

Jabuticabeira 2 também é um sítio de sambaqui, localizado em Jaguaruna, Santa Catarina. Entre mais de 200 inumações encontradas no sítio, com datações que variam entre 3.137-2.794 a 1.860-1.524 anos AP, foram sequenciados geneticamente 8 indivíduos (Deblasis *et al*., 2007). Existem indícios de fluxo gênico juntamente com indivíduos de áreas costeiras (Hubbe *et al*., 2009).

Por fim, temos a Gruta do Sumidouro, localizada na área arqueológica de Lagoa Santa, MG. No local foram evidenciados 30 indivíduos, que compõem a maior coleção de remanescentes ósseos antigos conhecida. O responsável pela coleta destes indivíduos foi Peter W. Lund, um naturalista dinamarquês que explorou aproximadamente 800 grutas na região entre 1835 e 1845, sendo a do Sumidouro uma delas. Parte expressiva da coleção faz parte do acervo do Museu de Zoologia da Universidade de Copenhague (Moreno-Mayar *et al*., 2018a). Neste sítio foram sequenciadas 5 amostras.

3.4 CANADÁ

No Canadá, o primeiro indivíduo nativo-americano a ser sequenciado geneticamente é o MARC1492, originário do sítio *Old Mission Point*, que está às margens do rio Restigouche, próximo à cidade de Atholville, na região norte de New Brunswick. Redescoberta em 1968 a partir de pesquisas arqueológicas nos condados de Gloucester e Restigouche, o sítio é a representação da aldeia

pré-histórica de Tjigog, que veio a ser escavada de fato apenas entre 1972 e 1973 após trabalhadores de obras civis terem encontrado, em um sítio próximo, remanescentes humanos. Juntamente com os enterramentos foram encontrados artefatos de cultura material como ponta de arpão, ossos modificados, tubos de cobre e contas de concha, uma lâmina de machado, escassos segmentos de cordas e tecidos com fibra vegetal trançada, pele de castor, dentre outros.

Durante as escavações na área dos enterramentos também foram evidenciadas possíveis fundações associadas a finalidades domésticas, junto com uma enorme quantidade de fragmentos de cerâmica adornada, chegando a mais de mil peças. A datação se deu por meio de radiocarbono, diretamente de um único fragmento de carvão encontrado no sítio, suas datas chegaram em 2.030±130 anos AP. As avaliações bioarqueológicas realizadas nos indivíduos escavados em 2011 determinaram que entre os 14, 5 seriam adultos e 9 juvenis de acordo com os vestígios ósseos. A análise de DNA antigo (DNAa) foi realizada em um dente pré-molar mandibular direito solto do indivíduo MARC1492, do sexo feminino, datado em aproximadamente 400 anos AP. O que acaba sendo mais recente em relação a 4 outros esqueletos juvenis que foram datados entre 2.405-415 anosl AP (Raghavan *et al*., 2015).

A região de *Prince Rupert Harbor*, na Colúmbia Britânica, foi responsável por 25 amostras advindas de 7 sítios arqueológicos (denominados como GbTo e numerados). O Museu Nacional do Canadá (atualmente Museu Canadense de História) realizou escavações de grandes proporções entre 1966 e 1973 nestes 7 sítios de concheiro. Foi possível evidenciar habitações, a forma de subsistência (a partir de vestígios de comida e de obtenção de alimento), ferramentas para produção de arte e marcenaria, além dos sepultamentos. É possível compreender o modo de vida dos habitantes daquela região a partir do conteúdo dos concheiros, o que mostra uma evidência de ocupação em um extenso período. Por meio da datação por Radiocarbono foi possível estimar que a região da *Prince Rupert Harbor* foi continuamente ocupada entre 6.000 até 350 anos AP (Raghavan *et al*., 2015; Lindo *et al*., 2016; 2017).

Também na região da Columbia Britânica, na parte central, temos a amostra 19651, vinda de um sítio chamado *Big Bar Lake*, estudado inicialmente em 1970. Entretanto, os remanescentes ósseos humanos foram encontrados em uma prospecção apenas em 2002, numa área bem próxima a estudada em 1970, cerca

de 10 metros a sudoeste. Os locais foram os responsáveis por os encontrar, já em nível superficial, por conta da erosão do solo. A escavação, de fato, veio a acontecer apenas um ano depois. O indivíduo foi sepultado em decúbito lateral, com os ossos orientados no sentido norte-sul, e foram encontrados em uma cova rasa voltada para oeste, no sentido do lago *Big Bar*, que localiza-se nas proximidades. O indivíduo foi encontrado quase completo e em posição anatômica, com exceção apenas de alguns ossos faltantes. Não havia adornos ou outro tipo de objeto associado com o enterramento. Foi determinado que o esqueleto pertencia a uma pessoa do sexo feminino, com uma idade aproximada de 60 anos (no momento da morte). Não foram observadas questões relacionadas a doenças ou traumas, mas alterações degenerativas relacionadas à idade avançada, como perda dentária antes da morte e osteoporose. Fragmentos da costela e da fíbula esquerda foram utilizados na datação por Radiocarbono, resultando em idades entre 5.000 e 4.940±40 anos AP (Moreno-Mayar *et al*., 2018a).

Dando seguimento para um cemitério pré-contato, localizado na cidade de Windsor, a sudoeste de Ontário, temos o sítio arqueológico *Lucier*. Com uma complexidade de enterramentos humanos numerosos com idades entre 750 e 500 anos AP, tendo exceção apenas de um indivíduo datado em aproximadamente 4.200 anos AP. O sepultamento dos indivíduos foi realizado em covas únicas e múltiplas, com presença baixa ou nula de acompanhamentos funerários. Juntamente com os numerosos enterramentos humanos, temos diversas técnicas aplicadas nestas ações de sepultamento, sendo primários, secundários e cremações, também estava presente modificações *post-mortem* em alguns indivíduos, como é de costume encontrar em populações da região. Desde aproximadamente 1935, o sítio foi escavado diversas vezes. O sequenciamento genético foi realizado em 15 amostras (Scheib *et al.,* 2018).

O sítio *Buchanan* forneceu a amostra I10427. Localizado próximo a Baía de Cambridge, Ilha Victoria, Nunavut (NUN), o sítio foi escavado originalmente na década de 1960. Porém, a amostra veio a ser evidenciada apenas no ano de 2007. Tratando-se de um terceiro molar inferior esquerdo de um indivíduo adulto, o dente foi recuperado de uma profundidade de 15 centímetros (cm) abaixo do nível da superfície. A datação por radiocarbono resultou em datas entre 1.900-1.610 anos AP (Flegontov *et al*., 2019).

O contexto arqueológico dos dois últimos sítios canadenses é semelhante, cada um tornou possível evidenciar uma amostra para sequenciamento genético. Localizado a cerca de 30km ao norte de Toronto, em Vaughan, Ontario, está o sítio *Teston Road*, já o sítio *Turnbull* está na margem oeste do lago Coaching, na cidade de Orillia, os dois estão a longo prazo em território de populações nativas. Outra semelhança está no tipo do enterramento encontrado, no qual remanescentes ósseos de centenas indivíduos são encontrados misturados em um mesmo sepultamento, um padrão de sepultamento secundário relacionado ao povo *Wendat.* A descoberta dos dois se deu a partir de intervenções não-arqueológicas e atualmente estão protegidos de novas intervenções. O sequenciamento genético foi realizado a partir de dentes (Scheib *et al.,* 2018).

Abaixo, na tabela 4, pode ser observado a distribuição dos dados dos indivíduos canadenses.

Tabela 4 - Dados dos indivíduos antigos do Canadá.

Indivíduo	Sítio	Datação (anos AP)	Referência
125	GbTo-23	1.870-1.500	Lindo et al., 2016
158	GbTo-23	2.740-2.350	Lindo et al., 2016
163	GbTo-18	N/A	Lindo et al., 2016
167	GbTo-23	N/A	Lindo et al., 2016
168	GbTo-18	2.330-1.840	Lindo et al., 2016
181	GbTo-23	2.250-1.770	Lindo et al., 2016
300	GbTo-30	1.240-800	Lindo et al., 2016
302	GbTo-30	2.120-1.600	Lindo et al., 2016
311	GbTo-31	1.670-1.280	Lindo et al., 2016
318	GbTo-31	1.170-800	Lindo et al., 2016
322	GbTo-31	1.620-1.270	Lindo et al., 2016
357	GbTo-31	N/A	Lindo et al., 2016
365	GbTo-31	1.890-1.440	Lindo et al., 2016
386	GbTo-31	1.036-946	Lindo et al., 2016
406	GbTo-31	N/A	Lindo et al., 2016
412	GbTo-31	1.490-1.120	Lindo et al., 2016
413	GbTo-23	1.500-1.140	Lindo et al., 2016
443	GbTo-31	1.360-1.000	Lindo et al., 2016
468	GbTo-33	1.500-1.130	Lindo et al., 2016
470	GbTo-33	1.180-800	Lindo et al., 2016
507	GbTo-36	1.890-1.410	Lindo et al., 2016
516	GbTo-36	N/A	Lindo et al., 2016

525	GbTo-31	1.340-990	Lindo et al., 2016
532	GbTo-36	N/A	Lindo et al., 2016
939	GbTo-1	6.260-5.890	Raghavan et al., 2015
19651	Big Bar Lake	6.000	Moreno-Mayar et al., 2018a
CK-01	Lucier	N/A	Scheib et al., 2018
CK-02	Lucier	662-536	Scheib et al., 2018
CK-03	Lucier	695-656	Scheib et al., 2018
CK-04	Lucier	N/A	Scheib et al., 2018
CK-07	Lucier	N/A	Scheib et al., 2018
CK-08	Lucier	N/A	Scheib et al., 2018
CK-09	Lucier	351±40	Scheib et al., 2018
CK-10	Lucier	N/A	Scheib et al., 2018
CK-13	Lucier	4.853-4.837	Scheib et al., 2018
I10427	Buchanan	1.900-1.610	Flegontov et al., 2019
LU-01	Lucier	N/A	Scheib et al., 2018
LU-02	Lucier	N/A	Scheib et al., 2018
LU-03	Lucier	N/A	Scheib et al., 2018
LU-04	Lucier	N/A	Scheib et al., 2018
LU-05	Lucier	N/A	Scheib et al., 2018
LU-06	Lucier	N/A	Scheib et al., 2018
MARC1492	Old Mission Point	~400	Raghavan et al., 2015
RM-83	Teston Road	500	Scheib et al., 2018
RM-85	Turnbull	550-450	Scheib et al., 2018

Fonte: adaptado de Santos (2020).

3.5 CHILE

Os primeiros 11 indivíduos antigos que tiveram amostras de DNAa sequenciados do Chile estavam fora de contexto arqueológico, deixando assim, uma lacuna na informação das amostras. Acredita-se que pertenciam a populações nativas da Patagônia chilena, mais especificamente da Terra do Fogo, perto do Estreito de Magalhães. Sua morfologia anatômica é diferente dos povos classificados como “Ameríndios”, é suposto que pertençam ao grupo “Paleoamericano”, com características de povos oceânicos. Todas as amostras foram coletadas originalmente por volta do ano 1800, atualmente foram fornecidas pelo *Musée de l'Homme* em Paris, na França, e pelo Instituto de Antropologia da Universidade de Zurique, na Suíça. Para o sequenciamento genético foram utilizadas amostras ósseas e capilares dos indivíduos (Raghavan *et al.,* 2015).

Mais dois indivíduos antigos de uma área próxima ao Estreito de Magalhães, na Patagônia, tiveram amostras cedidas, porém pela *Universidad de Magallanes*. Ambos foram coletados em sítios arqueológicos com datações do Holoceno Médio (entre 8.000-4.000 anos AP), sendo estes: *Punta Santa Ana-1* e *Cueva Ayayema*. Datações por radiocarbono chegaram em datas entre 7.001-7.584 anos AP, para o primeiro sítio, e de 5308-4.933 anos AP, para o segundo. O primeiro sítio foi classificado como um sítio sambaquieiro multicomponencial, já o segundo pode ser classificado como um abrigo em caverna, na *Isla Madre de Dios*. Análises bioantropológicas feitas de acordo com a morfologia craniana e pélvica sugerem que o indivíduo do primeiro sítio seria adulto e do sexo feminino, tendo aproximadamente 35-50 anos (no momento da morte). Já as análises dos segundo indivíduo indicam que ele era do sexo masculino e com idade aproximada também em 35-50 anos (no momento da morte), seus remanescentes ósseos estavam incompletos, porém conservados para o sequenciamento genético. Ambos os indivíduos podem ser lidos como caçadores-coletores marinhos, incipientes na região da Terra do Fogo chilena (Moreno-Mayar *et al*., 2018a).

O sítio *Los Rieles*, localizado no centro-norte do Chile, é um sítio de sambaqui com presença de cultura entre os períodos de 12.400 anos AP até 4.850 anos AP. Neste sítio temos a presença de 6 enterramentos, nos quais 2 forneceram amostras que foram sequenciadas geneticamente. O primeiro foi constatada a presença de um indivíduo adulto, de idade aproximada entre 40-45 anos (no momento da morte), foi encontrado semiflexionado em decúbito lateral. O indivíduo foi datado diretamente com o uso da técnica de Radiocarbono, a partir de um osso petroso (da têmpora craniana), em 11.140-10.730 anos AP. Tornando-se assim, um dos indivíduos humanos mais antigos a serem datados diretamente na América do Sul (Jackson; Méndez; Aspillaga, 2012). O outro indivíduo sequenciado deste sítio também é um homem adulto, um pouco mais jovem, próximo aos 24-26 anos (no momento da morte), e foi encontrado quase inteiro. Sua datação se deu de forma direta e chegou em 5.310-4.870 anos AP (Posth *et al.,* 2018).

Em sequência vem o indivíduo *Chinchorro*¸ escavado em 1990, originário de Arica. No sítio arqueológico de mesmo nome foram encontrados vários indivíduos mumificados em um enterramento próximo ao nível da superfície. Indícios arqueológicos sugerem que os mesmos, antes de serem sepultados, tenham sido desarticulados, reagrupados e mumificados artificialmente, antes de serem

inumados. A amostra analisada é de um indivíduo do sexo feminino, com idade superior a 25 anos de idade (no momento da morte). Sua datação foi feita de forma direta por radiocarbono, a partir de uma amostra capilar, sendo aproximadamente 5.800 anos AP. Já para o sequenciamento genômico, as amostras utilizadas foram de tecidos ósseos (Raghavan *et al*., 2015).

Localizado dentro dos limites urbanos da capital Santiago, o sítio *Conchali* foi identificado no momento em que obras de construção civil aconteciam. Foram identificados dois indivíduos humanos antigos, sendo o primeiro de aproximadamente 600 anos AP e o segundo de aproximadamente 830 anos AP. Ambos são do sexo masculino e apresentavam bons estados de conservação sendo possível fazer suas análises genéticas. Nenhum material foi encontrado associado (Raghavan *et al.,* 2015).

O último é um sítio cemitério, denominado de *Pica Ocho.* Localizado no oásis de *Pica-Matilla*, no Deserto do Atacama, aproximadamente a 1.350m de altitude. Existem indícios arqueológicos de ligações entre o oásis com regiões costeiras, mesmo a costa estando a surpreendentes 90km de distância. Suas datações estão entre 1450 a 900 anos da Era Comum e um indivíduo foi sequenciado geneticamente (Posth *et al*., 2018).

Abaixo podemos observar a disposição dos dados dos indivíduos geneticamente sequenciados (Tabela 5).

Tabela 5 - Dados dos indivíduos antigos do Chile.

Indivíduo	Sítio	Datação (anos AP)	Referência
890	N/A	N/A	Raghavan et al., 2015
894	N/A	N/A	Raghavan et al., 2015
895	N/A	N/A	Raghavan et al., 2015
5832	Punta Santa Ana-1	6.500	Moreno-Mayar et al., 2018a
A460	Cueva Ayayema	4.500	Moreno-Mayar et al., 2018a
AM71	N/A	N/A	Raghavan et al., 2015
Chinchorro	Chinchorro	~5.800	Raghavan et al., 2015
I11974	Los Rieles	11.140-10.730	Posth et al., 2018
I1752	Conchalí	650-540	Posth et al., 2018
I1753	Los Rieles	5.310-4.870	Posth et al., 2018
I1754	Conchalí	910-740	Posth et al., 2018
I2537	Pica Ocho	720-570	Posth et al., 2018
MA572	N/A	N/A	Raghavan et al., 2015

MA575	N/A	N/A	Raghavan et al., 2015
MA577	N/A	N/A	Raghavan et al., 2015
Nr66	N/A	N/A	Raghavan et al., 2015
Nr72	N/A	N/A	Raghavan et al., 2015
Nr73	N/A	N/A	Raghavan et al., 2015
Nr74	N/A	N/A	Raghavan et al., 2015

Fonte: adaptado de Santos (2020).

3.6 Estados Unidos da América (EUA)

Nos EUA temos indivíduos antigos com dados genômicos sequenciados provenientes de seis Estados em diversas regiões do país, são eles: Alaska (AK), Califórnia (CA), Montana (MT), Nevada (NV), Pensilvânia (PA) e Washington (WA) (Rasmussen *et al*., 2014a; 2015; Lindo *et al*., 2017; Moreno-Mayar *et al*., 2018a; 2018b; Scheib *et al*., 2018; Flegontov *et al*., 2019).

O Alasca está em um contexto bem específico, como não há conexão por terra com o restante do país, pode ser até observado como um território separado. Neste Estado foram sequenciadas 19 amostras vindas de 8 sítios: *Chaluka Midden* (contendo 4 indivíduos), *On Your Knees Cave* (1), *Palm Site* (1), *Ship Rock Island* (1), *Tochak McGrath* (3), *Trail Creek Cave 2* (1), *Upward Sun River* (2) e *Warm Cave* (6) (Lindo *et al*., 2017; Moreno-Mayar *et al*., 2018a; 2018b; Scheib *et al*., 2018; Flegontov *et al*., 2019).

O sítio *Chaluka Midden* está localizado na ilha Umnak, nas proximidades da vila de Nikolski, o local é estrumeira profunda na qual 4 amostras genéticas foram sequenciadas e datadas, sendo 3 do sexo biológico masculino e um do feminino, baseando-se em informações gênicas dos mesmos. Suas datações estão entre 702 a 2.305 anos AP. Estes indivíduos representam populações Pré ou Paleoaleutas (3.600 a 300 anos AP), foram escavados em 1930 e suas amostras ósseas são provenientes de coleções do Instituto Smithsonian (Flegontov *et al*., 2019).

No norte da Ilha do Príncipe de Gales temos um sítio intitulado de *On Your Knees Cave*, como o nome sugere, uma caverna onde foi identificado remanescentes ósseos de um indivíduo conhecido como Shuká Káa com datações próximas aos 9.200±50 anos AP. As evidências apontam que o indivíduo não foi de fato sepultado, mas que possivelmente tenha ido parar lá por motivos fortuitos, como morte acidental ou por processos pós-deposicionais. Análise a partir do colágeno

ósseo mostrou que sua dieta era composta por alimentos marinhos em um longo prazo, o que ia de contraponto com alimentos de origem terrestre. No mesmo nível estratigráfico em que os indivíduos foram evidenciados também foi possível constatar a presença de ferramentas líticas, entretanto não foi possível associá-las diretamente ao indivíduo, sua fabricação foi feita com materiais de ilhas próximas e, pelo menos uma fonte, vinda do continente. A população associada a Shuká Káa, segundo essa evidência, seria composta por navegadores costeiros com adaptações ao mar e com possíveis ligações comerciais entre as ilhas adjacentes e o continente (Lindo *et al*., 2017).

A nordeste da Ilha Umnak está localizado o sítio arqueológico *Ship Rock Island*, onde um único indivíduo do sexo biológico masculino foi identificado com a idade de 749 anos AP. O local está associado a uma população com datação de aproximadamente 800/900 anos AP em diante, que praticam sepultamentos com práticas de mumificação. Estes seriam ancestrais diretos de populações Aleutas Modernas, que ocuparam o espaço de povos Pré- ou Paleoaleutas cerca de um milênio atrás. Este indivíduo também é parte da coleção do Instituto Smithsonian, escavada no final da década de 1930. O sequenciamento se deu por meio de amostras ósseas (Flegontov *et al*., 2019).

No Alasca, cerca de 36 km ao norte de Kenai, em uma praia isolada e erodida de *Cook Inlet*, está o *Palm Site*, um cemitério atabascano Dena'ina (Dene). Foram identificados 3 conjuntos de remanescentes ósseos humanos que estavam na erosão parcial de um penhasco de 4 metros de altura. Durante o século XIX, a região passou por missões ortodoxas que modificaram as práticas funerárias locais, alterando de cremação para enterros em caixões em cemitérios ortodoxos consagrados. Estes sepultamentos foram encontrados em uma profundidade rasa, de aproximadamente 50cm a 1m abaixo do nível da superfície e, estavam em caixões de madeira fora do cemitério ortodoxo, o que pode vir a ser considerado um intermédio que durou um curto prazo entre as práticas de sepultamento. Esta característica única de sepultamento sugere que sua datação seja do início do Século XIX. Nesta época o povo Dena'ina sofreu diversas epidemias de doenças contagiosas, sendo a mais devastadora a epidemia varíola de 1838-40, na qual cerca de 50% da população foi a óbito. É possível que o cemitério tenha associação com um ou mais destes episódios de epidemia, visto que necessitam de inumações bastante urgentes (Scheib *et al*., 2018).

No sudoeste do Alasca Interior, nas proximidades de uma moderna comunidade miscigenada etnicamente de McGrath, temos a área atabascana Tochak, na qual está localizado o sítio *Tochak McGrath*. Foram encontrados 3 indivíduos associados com fogueira, artefatos líticos lascados e ósseos, na zona ribeirinha do alto do rio Kuskokwim, que parecem não terem sido sepultados. Não foi possível associar os indivíduos estratigraficamente com a cultura do local. Sugere-se que eles tenham morrido por exposição ambiental e processos deposicionais da sedimentação do rio os cobriu, visto que foram encontrados quase completamente articulados (Flegontov *et al*., 2019).

O sítio *Trail Creek* é um complexo com cerca de 12 cavernas, aproximadamente a 25 km a sudoeste de Deering, na Península de Seward. Residentes de Deering foram responsáveis por descobrirem as cavernas em 1928. Em 1949 e 1950, houve uma minuciosa escavação nas cavernas 2 e 9. Quando na caverna 2, na Camada III da seção de 4 metros, foi evidenciado um dente que apenas posteriormente, quando foi sequenciado geneticamente, pertencia a um ser humano. O dente era um incisivo central superior esquerdo decíduo, com um leve desgaste e sua raiz apresentava formação incompleta, esta viria completar sua formação com cerca de 2,5 anos de idade (Alqahtani; Hector; Liversidge, 2010). Pelo fato da raiz não estar completa, pode ser presumido que o dente pertencia a uma criança que faleceu enquanto o dente ainda estava no seu devido local. Não foi possível avaliar o sexo da criança. O dente foi datado em aproximadamente 9.020 anos AP, com a utilização da datação por Radiocarbono (Moreno-Mayar *et al*., 2018a).

Em Kagami, a oeste da ilha Umnak, encontra-se o sítio *Warm Cave*. O sítio é associado a uma população existente desde 800/900 anos AP em diante, que pratica sepultamentos com métodos de mumificação. Tal população seria composta por ancestrais diretos de populações Aleutas modernas, que substituíram uma população Pré- ou Paleoaleuta cerca de mil anos atrás. De acordo com as informações genéticas, foi possível descobrir que dos seis indivíduos que tiveram amostras sequenciadas, 3 eram do sexo biológico masculino e 3 do feminino. Suas datações estão entre 479 e 596 anos AP. Estes indivíduos tiveram suas amostras extraídas do acervo do Instituto Smithsonian e foram escavados no final da década de 1930 (Flegontov *et al*., 2019).

Ainda no Lasca, temos os indivíduos USR1 e 2, seus remanescentes ósseos foram encontrados em uma cova no sítio *Upward Sun River* (USR), no vale do rio Tanana, na parte central do Alasca. Ambos se tratam de bebês, a comunidade indígena nativa os nomeou como *Xach'itee'aanenh t'eede gaay* ou “nascer do sol” (USR1) e *Yełkaanenh t'eede gaay* ou “crepúsculo do amanhecer” (USR2). Foram evidenciados em uma cova cerca de 160-170 cm abaixo da superfície, em um lodo maciço. Alterações pós-deposicionais podem ser observadas como baixas. Ambos bebês estavam no Componente 3 do sítio, um local residencial com datação do período entre o Pleistoceno terminal e o Holoceno. Análises dentárias dos remanescentes, com base no desenvolvimento da coroa decídua, estimam que o indivíduo 1 faleceu com 6 a 12 semanas de vida e o segundo indivíduo com idade superior a 30 semanas pré-natais. Com base na morfologia e na genética dos indivíduos foi possível constatar que ambos eram do sexo biológico feminino. Também com base na morfologia houve a correlação entre o indivíduo 1 e populações nativo-americanas. Indivíduos relacionados com o Componente 3 da USR são de uma tradição cultural material que está espalhada por uma enorme porção do noroeste da América do Norte (Moreno-Mayar *et al*., 2018b).

Na costa do Pacífico dos EUA, mais precisamente na Califórnia, um total de 65 amostras de indivíduos antigos foram sequenciadas, sendo de longe o número mais expressivo de amostras neste trabalho, superior aos de demais países. Estas amostras são oriundas de 9 sítios: *Carpenteria* (1 indivíduo), *New Cuyema* (1), *Point Sal* (15), *San Clemente Island* (7), *San Miguel Island* (2), *San Nicolas Island* (35), *Santa Catalina Island* (2), *Santa Cruz Island* (1) e *Síi Túupentak* (1). Sendo o último uma vila ancestral de largas dimensões do povo nativo-americano Ohlone/Costanoan, sendo ocupada de forma contínua desde 685 anos AP, tendo ligação direta com um cemitério localizado ao longo do riacho Alameda, local em que as amostras foram coletadas, a sudeste da Baía de San Francisco. As ilhas do Canal da Califórnia (*San Clemente*, *San Miguel*, *San Nicolas*, *Santa Catalina* e *Santa Cruz*) apresentam sítios arqueológicos com longos períodos de ocupação que incluem espaços caracterizados por extensos concheiros. Na parte do extremo oeste da ilha San Nicolas está o único local com fontes de água doce, parte esta que foi encontrada a maior parte das amostras. A dieta local foi analisada por meio de dados isotópicos, nos quais indicaram que era predominante em recursos marinhos e sofrera poucas alterações durante os 8.000 anos de ocupação. As pequenas ilhas

estavam distantes relativamente do continente e, possivelmente, de outras ilhas, embora existam evidências de outras duas ocupações diferentes em San Nicolas no decorrer do tempo. As amostras estavam sob a curadoria do *American Museum of Natural History* e apresentam escassez nos seus contextos (Scheib *et al*., 2018).

Apenas um indivíduo antigo denominado como Anzick-1, oriundo do estado de Montana, foi sequenciado geneticamente a partir de remanescentes parcialmente fragmentados. Sendo um sepultamento ímpar com associação à cultura Clovis, sendo o único conhecido desta cultura, escavado em 1968 no sítio *Anzick*. Em associação, foram encontradas cerca de 100 ferramentas líticas e 15 fragmentos de ferramentas ósseas (uma delas, pelo menos, produzida com ossos de alce), que apresentam características tecnológicas que condizem com artefatos do complexo Clovis. O indivíduo foi encontrado imediatamente abaixo de tais itens e coberto por ocre vermelho. Por meio da datação por radiocarbono, foi possível obter sua idade entre 12.707-12.556 anos AP, perto do fim do período Clovis (Rasmussen *et al*., 2014a).

Vizinho da Califórnia, Nevada conta com o sequenciamento de 6 indivíduos antigos vindos de 2 sítios: *Lovelock Cave* (4) e *Spirit Cave* (2). A centro-oeste do Estado, no condado de Churchill, em uma formação de calcário está a *Lovelock Cave*. Situa-se na beirada do lago Humboldt, um lago intermitente que compõe uma seção da área do lago Lahontan (com formação remetente ao pleistoceno), que auxiliou na formação da caverna. A escavação e salvamento do sítio arqueológico aconteceu em 3 períodos: 1912, 1929 e 1960. No sítio foram evidenciados uma enorme quantidade de vestígios arqueológicos, chegando a números superiores a 20.000 vestígios. O espaço também conta com um elevado número de inumações, contendo aproximadamente 45 indivíduos humanos. O sequenciamento se deu em indivíduos adultos e com datações feitas por radiocarbono que os conferiu com oriundos do Holoceno Final. O segundo sítio, *Spirit Cave*, é um abrigo sob rocha com localização no mesmo condado, ao norte do leito seco do lago Lahontan. Os remanescentes ósseos dos dois indivíduos foram evidenciados em 1940, ambos estavam envoltos com esteiras de tecido de junco e estavam sobrepostos. O indivíduo acima (AHUR770c), era do sexo biológico feminino e estava quase inteiramente articulada. O abaixo (AHUR2064) estava quase inteiro e parcialmente mumificado, com cabelos, mocassins de couro e uma manta de pele de coelho, tamanha a integridade do indivíduo que foi possível a preservação dos restos da

última refeição, feita em vida, no seu intestino. Este era um indivíduo adulto, do sexo biológico masculino, com aproximadamente 45±5 anos de idade, no momento do óbito. Técnicas de radiocarbono indicam que eles pertencem ao início do Holoceno e análises morfométricas sugerem que os mesmos seriam diferentes de populações paleoamericanas e possivelmente fariam parte de migrações anteriores para as Américas (Moreno-Mayar *et al*., 2018a).

No Nordeste dos EUA, o US-14 foi a única amostra vinda da Pensilvânia, foi descoberta no entorno do *Shohola Creek*, uma afluente do Rio Delaware, na parte leste do Estado. O *American Museum of Natural History* se tornou responsável pelo indivíduo nos anos de 1960. Seu contexto é praticamente nulo, o que torna inviável a associação com qualquer grupo de indivíduos (Scheib *et al*., 2018).

Indo para o último indivíduo que foi sequenciado dos EUA, o *Kennewick Man*, sua descoberta se deu em julho de 1996, de maneira fortuita, nas águas rasas da costa do rio Columbia, arredores de Kennewick, no estado de Washington, próximo à fronteira com o Canadá. No mês seguinte, diversos episódios de visita ao local coletaram aproximadamente 300 vestígios e fragmentos ósseos, compondo cerca de 90% de um esqueleto humano adulto do sexo biológico masculino. Sua datação por radiocarbono remonta ao início do Holoceno. Sua inumação foi realizada de forma intencional e afloraram pouco tempo antes de serem descobertos. Sua morfologia e anatomia assemelham-se aos indivíduos Polinésios e Ainu, embora ele apresente características diferentes dos nativos americanos modernos e algumas semelhanças com características europeias. É suposto que a migração de sua população tenha ocorrido anteriormente à migração que originou os nativos americanos modernos (Rasmussen *et al*., 2015).

A tabela (6) abaixo expõe os dados de todas as amostras sequenciadas dos EUA.

Tabela 6 - Dados dos indivíduos antigos dos EUA.

Indivíduo	Sítio	Datação (anos AP)	Referência
523a	Palm Site, AK	N/A	Scheib et al., 2018
AHUR2064	Spirit Cave, NV	10.000	Moreno-Mayar et al., 2018a
AHUR770c	Spirit Cave, NV	10.000	Moreno-Mayar et al., 2018a
Ala1	Síi Túupentak, CA	N/A	Scheib et al., 2018
Anzick-1	Anzick, MT	12.722-12.590	Rasmussen et al., 2014a
CH-01	Carpenteria, CA	1.555-1.410	Scheib et al., 2018

CR-01	Santa Cruz Island, CA	764-561	Scheib et al., 2018
CT-01	Santa Catalina Island, CA	425-349	Scheib et al., 2018
CT-02	Santa Catalina Island, CA	N/A	Scheib et al., 2018
I0712	Chaluka Midden, AK	1.260-870	Flegontov et al., 2019
I0719	Chaluka Midden, AK	700-310	Flegontov et al., 2019
I0721	Chaluka Midden, AK	2.300-1.840	Flegontov et al., 2019
I1118	Warm Cave, AK	500-130	Flegontov et al., 2019
I1123	Warm Cave, AK	500-130	Flegontov et al., 2019
I1124	Warm Cave, AK	470-10	Flegontov et al., 2019
I1125	Ship Rock Island, AK	710-440	Flegontov et al., 2019
I1126	Chaluka Midden, AK	1.220-710	Flegontov et al., 2019
I1127	Warm Cave, AK	600-270	Flegontov et al., 2019
I1128	Warm Cave, AK	560-250	Flegontov et al., 2019
I1129	Warm Cave, AK	560-230	Flegontov et al., 2019
I5319	Tochak McGrath, AK	900-550	Flegontov et al., 2019
I5320	Tochak McGrath, AK	N/A	Flegontov et al., 2019
I5321	Tochak McGrath, AK	N/A	Flegontov et al., 2019
Kennewick	Columbia River, WA	8.400-8.690	Rasmussen et al., 2015
Lovelock1	Lovelock Cave, NV	2.000	Moreno-Mayar et al., 2018a
Lovelock2	Lovelock Cave, NV	1.900	Moreno-Mayar et al., 2018a
Lovelock3	Lovelock Cave, NV	700	Moreno-Mayar et al., 2018a
Lovelock4	Lovelock Cave, NV	1.800	Moreno-Mayar et al., 2018a
NC	New Cuyama, CA	1.390-1.300	Scheib et al., 2018
PS-02	Point Sal, CA	N/A	Scheib et al., 2018
PS-03	Point Sal, CA	1.521-1.413	Scheib et al., 2018
PS-04	Point Sal, CA	N/A	Scheib et al., 2018
PS-06	Point Sal, CA	1.522-1.414	Scheib et al., 2018
PS-07	Point Sal, CA	1.522-1.423	Scheib et al., 2018
PS-09	Point Sal, CA	N/A	Scheib et al., 2018
PS-12	Point Sal, CA	N/A	Scheib et al., 2018
PS-13	Point Sal, CA	N/A	Scheib et al., 2018
PS-17	Point Sal, CA	N/A	Scheib et al., 2018
PS-18	Point Sal, CA	N/A	Scheib et al., 2018
PS-19	Point Sal, CA	N/A	Scheib et al., 2018
PS-23	Point Sal, CA	N/A	Scheib et al., 2018
PS-26	Point Sal, CA	N/A	Scheib et al., 2018
PS-30	Point Sal, CA	N/A	Scheib et al., 2018
PS-34	Point Sal, CA	N/A	Scheib et al., 2018
SC-01	San Clemente Island, CA	N/A	Scheib et al., 2018
SC-02	San Clemente Island, CA	N/A	Scheib et al., 2018
SC-03	San Clemente Island, CA	665-485	Scheib et al., 2018

SC-04	San Clemente Island, CA	508-274	Scheib et al., 2018
SC-05	San Clemente Island, CA	760-561	Scheib et al., 2018
SC-06	San Clemente Island, CA	N/A	Scheib et al., 2018
SC-07	San Clemente Island, CA	N/A	Scheib et al., 2018
Shuka Kaa	On Your Knees Cave, AK	~10.300	Lindo et al., 2017
SM-01	San Miguel Island, CA	666-616	Scheib et al., 2018
SM-02	San Miguel Island, CA	852-800	Scheib et al., 2018
SN-01	San Nicolas Island, CA	N/A	Scheib et al., 2018
SN-03	San Nicolas Island, CA	1.246-974	Scheib et al., 2018
SN-04	San Nicolas Island, CA	4.346-3.943	Scheib et al., 2018
SN-09	San Nicolas Island, CA	N/A	Scheib et al., 2018
SN-10	San Nicolas Island, CA	N/A	Scheib et al., 2018
SN-11	San Nicolas Island, CA	714-517	Scheib et al., 2018
SN-12	San Nicolas Island, CA	870-643	Scheib et al., 2018
SN-13	San Nicolas Island, CA	508-276	Scheib et al., 2018
SN-15	San Nicolas Island, CA	1.491-1.252	Scheib et al., 2018
SN-16	San Nicolas Island, CA	650-510	Scheib et al., 2018
SN-17	San Nicolas Island, CA	4.774-4.342	Scheib et al., 2018
SN-20	San Nicolas Island, CA	N/A	Scheib et al., 2018
SN-25	San Nicolas Island, CA	3.868-3.514	Scheib et al., 2018
SN-31	San Nicolas Island, CA	N/A	Scheib et al., 2018
SN-32	San Nicolas Island, CA	4.561-4.156	Scheib et al., 2018
SN-37	San Nicolas Island, CA	N/A	Scheib et al., 2018
SN-38	San Nicolas Island, CA	N/A	Scheib et al., 2018
SN-39	San Nicolas Island, CA	N/A	Scheib et al., 2018
SN-40	San Nicolas Island, CA	N/A	Scheib et al., 2018
SN-41	San Nicolas Island, CA	N/A	Scheib et al., 2018
SN-43	San Nicolas Island, CA	2.202-1.888	Scheib et al., 2018
SN-44	San Nicolas Island, CA	4.819-4.450	Scheib et al., 2018
SN-45	San Nicolas Island, CA	N/A	Scheib et al., 2018
SN-48	San Nicolas Island, CA	4.073-3.697	Scheib et al., 2018
SN-50	San Nicolas Island, CA	1.126-826	Scheib et al., 2018
SN-51	San Nicolas Island, CA	1.171-888	Scheib et al., 2018
SN-52	San Nicolas Island, CA	634-414	Scheib et al., 2018
SN-53	San Nicolas Island, CA	427-134	Scheib et al., 2018
SN-54	San Nicolas Island, CA	3.960±70	Scheib et al., 2018
SN-55	San Nicolas Island, CA	4.410±100	Scheib et al., 2018
SN-56	San Nicolas Island, CA	4.410±100	Scheib et al., 2018
SN-57	San Nicolas Island, CA	4.410±100	Scheib et al., 2018
SN-58	San Nicolas Island, CA	4.410±100	Scheib et al., 2018
SN-59	San Nicolas Island, CA	4.430±30	Scheib et al., 2018

SN-60	San Nicolas Island, CA	3.960±70	Scheib et al., 2018
TrailCreek	Trail Creek Cave 2, AK	10.000	Moreno-Mayar et al., 2018a
US-14	Shohola Creek, PA	316-288	Scheib et al., 2018
USR1	Upward Sun River, AK	11.600-11.270	Moreno-Mayar et al., 2018b
USR2	Upward Sun River, AK	11.600-11.270	Moreno-Mayar et al., 2018b

Fonte: adaptado de Santos (2020).

3.7 GROENLÂNDIA

Neste país temos um único indivíduo sequenciado datado de aproximadamente 4.000 anos AP. Escavado em 1986, apenas um tufo de cabelo foi encontrado em Qeqertasussuk (Qt), um sítio da Cultura Saqqaq, localizado no oeste do país, na parte mais ao sul da Baía de Disko. Graças a *permafrost*, o sítio Qt permitiu que o material orgânico fosse preservado de maneira incrível, tornando-se o único sítio Paleoesquimó com a presença preservada de materiais orgânicos como pele, cabelos, barbas e madeira. O tufo de cabelo sequenciado foi encontrado na *permafrost*, junto de um crânio de rena, abaixo de aproximadamente 40cm da superfície atual, O sítio não apresenta vestígios de outras culturas esquimó posteriores (como Dorset e Thule), sendo assim, o único sítio da cultura Saqqaq que remanescentes humanos foram coletados (Rasmussen *et al.,* 2010).

3.8 MÉXICO

Os 5 sítios nos quais os 11 indivíduos mexicanos tiveram suas informações genéticas sequenciados foram: *Comondu* (1 indivíduo), LC-218 (1), *Iron Springs* (1), *Piedra Gorda* (6) e *Sierra Tarahumara* (2) (Raghavan *et al*., 2015; Scheib *et al*., 2018).

Dois sítios arqueológicos estão relacionados aos povos Péricles: *Piedra gorda* e *Sierra Tarahumara*. O povo Pericués ocupou a ponta sul da península de *Baja California*, no México. Eles vieram a ser extintos há aproximadamente 200 anos, é proposto que sejam indivíduos “paleoamericanos”, por conta da distinta forma do seu crânio. São povos associados à cultura *Las Palmas*, que existiu entre 800 e 300 anos AP. O sítio *Piedra Gorda* é localizado ao sul da península *Baja California* e o sítio *Sierra Tarahumara* está no norte do México. As amostras deste último foram

coletadas no Museu Nacional de Antropologia, dentre elas havia amostras vindas de duas múmias. (Raghavan *et al.,* 2015).

Os indivíduos encontrados nos demais sítios apresentam dados contextuais quase inexistentes e estavam sob a curadoria do *American Museum of Natural History (*Scheib *et al*., 2018). Abaixo (Tabela 7) podemos observar a distribuição dos indivíduos de acordo com os sítios, no entanto não possuem dados sobre a cronologia dos mesmos.

Tabela 7 - Dados dos indivíduos antigos do México.

Indivíduo	Sítio	Datação (anos AP)	Referência
B-03	LC-218	N/A	Scheib et al., 2018
B-04	Comondu	N/A	Scheib et al., 2018
BC23	Piedra Gorda	N/A	Raghavan et al., 2015
BC25	Piedra Gorda	N/A	Raghavan et al., 2015
BC27	Piedra Gorda	N/A	Raghavan et al., 2015
BC28	Piedra Gorda	N/A	Raghavan et al., 2015
BC29	Piedra Gorda	N/A	Raghavan et al., 2015
BC30	Piedra Gorda	N/A	Raghavan et al., 2015
F9	Sierra Tarahumara	N/A	Raghavan et al., 2015
MOM6	Sierra Tarahumara	N/A	Raghavan et al., 2015
MX-01	Iron Springs	N/A	Scheib et al., 2018

Fonte: adaptado de Santos (2020).

3.9 PERU

Temos 18 amostras sequenciadas geneticamente, vindos de 8 sítios arqueológicos no Peru (Tabela 8), são eles: *Botigiriayocc* (com 3 indivíduos), *Cueva Yacotogia* (1), *Tranca* (1) e *Huayuncalla* (1), em *Laramate*; *Cuncaicha* (3); *La Galgada* (1); *Lauricocha* (5); e *Ilave* (3).

Tabela 8 - Dados dos indivíduos antigos do Peru.

Indivíduo	Sítio	Datação (anos AP)	Referência
CP29	Cuncaicha	9.240-8.770	Posth et al., 2018
CP8	Cuncaicha	4.290-4.080	Posth et al., 2018
CUN008	Cuncaicha	3.370-3.180	Posth et al., 2018
I0038	Lauricocha	8.730-8.520	Posth et al., 2018
I0039	Lauricocha	8.580-8.420	Posth et al., 2018

I0040	Lauricocha	5.940-5.740	Posth et al., 2018
I0041	Lauricocha	8.580-8.420	Posth et al., 2018
I0237	Botigiriayocc	920-800	Posth et al., 2018
I0238	Lauricocha	8.560	Posth et al., 2018
I1357	Botigiriayocc	880	Posth et al., 2018
I1484	Botigiriayocc	900-730	Posth et al., 2018
I1485	Cueva Yacotogia	1.160-960	Posth et al., 2018
I1742	Tranca	880	Posth et al., 2018
I2261	La Galgada	4.230-3.980	Posth et al., 2018
I2551	Huayuncalla	910-740	Posth et al., 2018
IL2	Ilave	1830-1850	Santos et al, 2022
IL3	Ilave	1830-1850	Santos et al, 2022
IL7	Ilave	1830-1850	Santos et al, 2022

Fonte: autoria própria (2024).

No departamento de Ayacucho (AY), localizado entre três colinas, na parte superior de um planalto alongado que divide os rios Llauta e Lamarate, o sítio *Botigiriayocc* está a cerca de 3.500 metros acima do nível do mar. A região apresenta muitos abrigos sob rocha com diferentes tamanhos que foram utilizados para práticas funerárias. O mais provável é que as ocupações remontam do período intermediário tardio. Na margem esquerda do rio Lamarate está o sítio *Tranca*, a cerca de 2.800 metros acima do nível do mar, num espaço com leve declive da colina Cutamalla até o rio Lamarate, no setor de Santa María. Ocupado durante o Horizonte Médio (1.300-950 anos AP), caracteriza-se como o sítio residencial, com túmulos isolados e com terraços agrícolas. Também na margem esquerda do rio Lamarate, localiza-se o sítio *Huayuncalla* cerca de 3.100 metros acima do nível do mar. Sua área ocupa mais de seis hectares, sendo composto por diferentes setores de edificações feitas de pedra, inclusive gabinetes ovais/circulares e quadrangulares, além de estruturas funerárias. Sua ocupação aconteceu durante o período Tardio dos Paracas, o período médio dos Nasca e a era de Wari. Dois gabinetes circulares cercados por um gabinete retangular eram locais funerários importantes, localizados no topo do sítio. Outras três estruturas funerárias (também chamadas de *kuntis*), duas retangulares e uma, estavam lado a lado e foram encontradas um pouco mais abaixo das anteriores, na direção norte. As estruturas em sua totalidade ao longo do tempo acabaram colapsando. Na parte extrema leste do local, está uma estrutura funerária com formato ovalado, onde foram encontrados

mais de 30 indivíduos sepultados. No *Cerro Susana*, margem esquerda do rio Llauta, está o sítio *Cueva Yacotogia* a cerca de 3.400 metros acima do nível do mar. O local é composto por diversos afloramentos rochosos que formam cavernas e abrigos naturais. Dentre eles, dois foram utilizados para finalidades funerárias durante o Horizonte Médio e o Período Intermediário Final (Posth *et al*., 2018).

Na região dos Andes, cerca de 4.480 metros acima do nível do mar, está o abrigo sob rocha *Cuncaicha*, no departamento de Arequipa (ARE). Datando do Pleistoceno Terminal, este é o sítio mais antigo e bem datado dos Andes peruanos (Rademaker *et al*., 2014). A ocupação residencial do sítio, por caçadores-coletores, se deu de maneira espaçada a partir de 12.500-12.000 anos AP. O local veio a se tornar um cemitério para estes indivíduos a cerca de 9.000 anos atrás, sendo também utilizado por pastores para enterrar seus mortos em tempos posteriores. A ocupação é alternada com momentos de sepultamento até o Holoceno Tardio (Chala-Aldana *et al*., 2018).

No departamento de Ancash, nas terras altas do norte do Peru, está o sítio cerimonial e administrativo *La Galgada,* associado à Tradição Religiosa Kotosh. Suas datações são do período arcaico e inicial tardio (4.700-3.500 anos AP). A altitude do sítio pode ser considerada relativamente baixa, com cerca de 1.100 metros acima do nível do mar, em um desfiladeiro de Tablachaca, na margem de um rio homônimo. As inumações ocorreram em câmaras de pedra, mas o local apresenta diversos tipos de arquitetura com pedras monumentais (Grieder *et al*., 1988).

Na sequência temos mais um abrigo sob rochas, o sítio *Lauricocha,* com uma altitude de cerca de 4.050 metros acima do nível do mar. Sua localização é na província de Huanuco, próximo do lago Lauricocha e da nascente do rio Marañón. A descoberta de remanescentes ósseos humanos se deu em diversas campanhas, entre 1958 e o início dos anos 1960, evidenciando 11 indivíduos completos, sendo 8 adultos e 3 subadultos. As datas dos sepultamentos são diversas e vão desde o início do Período Arcaico (8.600 anos AP) até o Inicial (3.500 anos AP). (Fehren-Schmitz *et al*., 2015).

Por fim temos o sítio Ilave, próximo do Lago Titicaca, nos Andes, no Departamento de Arequipa (ARE). O local tem grande relevância histórica e cultural para as civilizações andinas, a região de Ilave é conhecida devido a presença de várias culturas pré-colombianas e tradições indígenas. Os 3 indivíduos encontrados

(IL2, IL3 e IL7) foram datados de forma direta, por meio da datação por Radiocarbono, em 1.830-1.850 anos AP (Santos et al, 2022).

4.MÉTODOS DE SEQUENCIAMENTO E CLASSIFICAÇÃO

Esta pesquisa utiliza material antigo (DNAa) extraído de populações americanas e disponível em bancos de dados genômicos populacionais, para lidar com tal é necessário realizar uma série de procedimentos de filtragem (pré-processamento), alinhamento e montagem com chamada de variantes (processamento) e estimativa de haplogrupo de marcador uniparental (análise terciária) para compreender as linhagens materna e paterna (DNAmt e Y). Com base nestas informações é possível fazer correlações entre as amostras, levantar hipóteses sobre rotas migratórias e estimar a demografia das Américas ao longo do Holoceno.

Atualmente a técnica para obter dados genômicos de amostras pesquisadas é o Sequenciamento de Nova Geração (NGS, *Next-Generation Sequencing*), este que consegue obter milhões de leituras curtas do genoma, inclusive de indivíduos antigos ou de contexto arqueológico (Linderholm, 2016). As informações resultantes da técnica são um arquivo de texto no formato FASTQ, contendo as informações sobre os fragmentos de genoma da amostra analisada.

Desta forma, o genoma do indivíduo analisado é amplificado dezenas ou centenas de vezes por meio das leituras curtas, deixando assim muito mais confiável o resultado da análise da amostra do indivíduo, visto que esta pode vir a apresentar uma alta frequência de danos com o passar do tempo, após a morte do indivíduo (hummel, 2007; Mutzenberg *et al*., 2015; Linderholm, 2016; Santos, 2016; Santos; Sullasi, 2016; Sullasi *et al*., 2017; Sullasi; Santos; Silva, 2018).

A empresa Illumina® é a principal na área de sequenciamento genômico por NGS, suas tecnologias propiciaram uma queda sem precedentes nos valores dos processos de sequenciar um genoma inteiro (*whole genome sequencing*)(Linderholm, 2016).

Antes das inovações tecnológicas serem aplicadas para a análise genômica, o processo era muito caro e levava muito tempo, podendo chegar a resultados negativos. A evolução da técnica, no sentido mais literal da palavra, trouxe a mudança como as amostras são trabalhadas e quais resultados elas entregam. Diferenciando dos processos anteriores para segmentação e análise de partes do genoma.

Para a realização da segmentação do DNAmt, utilizada mais comumente em estudos incipientes, nos anos 1980, é realizada a centrifugação por gradiente de densidade de cloreto de césio. Este método foi responsável pela popularização dos estudos de variação na reação de cadeia pré-polimerase (PCR, *pre-polymerase chain reaction*), embora muitas vezes esta reação só seria possível com a utilização de enzimas de restrição (endonuclease), *Southern blots*, sondas etiquetadas e autoradiografia nas amostras. Inicialmente os estudos levavam muito tempo e eram muito trabalhosos, visto que cada DNAmt era digerido por algumas ou muitas endonucleases, em um processo de polimorfismo de comprimento de fragmento de restrição (RFLP, *restriction fragment length polymorphism*), no entanto, os resultados estabeleceram padrões que foram denominados de “haplogrupo” (Strachan; Read, 2019; Torroni *et al*., 2020).

Os haplogrupos do cromossomo Y são classificados de forma semelhante, a partir do polimorfismos presentes em cada amostra do sexo biológico masculino. O que vem a se tornar discrepante é que eles utilizam além dos SNPs, os STRs (*short tandem repeats*) ou microssatélites também são utilizados para classificar os indivíduos em seus haplogrupos Y (Miesfeld; Krystal; Arnheim, 1981). Os STRs do cromossomo Y são sequências de alelos que se repetem dentro de 27 locais do cromossomo (Bini *et al*., 2021). São utilizados comumente para fins forenses e antropológicos, como análise de parentesco paterno, pesquisa por parentesco ou identificação genética de remanescentes humanos (Coble et al., 2009; Haas et al., 2013; Kyser, 2017). Embora também possa esclarecer questões sobre rotas migratórias e processos demográficos que ocorreram em tempos históricos e pré-históricos (Jobling; Tyler-Smith, 2003; Larmuseau; Ottoni, 2018). Mesmo com essas aplicabilidades, os SNPs são utilizados principalmente para estudos de migração e origem humana (Miesfeld; Krystal; Arnheim, 1981).

Estes “haplogrupos” foram essenciais para detecção de uma enorme quantidade de variações interindividuais inesperadas entre seres humanos, estas áreas foram cunhadas como “polimorfismos” (*morphs*) do DNAmt e seus “tipos” que foram encontrados em uma população que compartilha o mesmo ancestral em comum (Brown, 1980; Denaro *et al*., 1981; Johnson *et al*., 1983; ISOGG, 2015). Assume-se que a eliminação ou surgimento desses polimorfismos ocorriam em locais específicos, foi realizado o mapeamento desses locais com o uso de

endonucleases[9], juntamente com o mapeamento completo do DNAmt, foi possível identificar e fazer uma correlação dos “tipos”, para propor as primeiras filogenias[10] do DNAmt (Ferris; Wilson. Brown, 1981; Cann; Brown; Wilson, 1984). Correlacionando-se a mutações de indivíduos modernos, foi realizada a identificação filogenética e do RFLP do DNAmt de indivíduos antigos. Desta forma, 147 DNAmts de origens continentais diferentes e utilizando 12 enzimas de restrição, Rebecca Cann e colaboradores (1984) conseguiram identificar um total de 133 tipos de DNAmt (Torroni *et al*., 2020).

4.1 GENÔMICA E BIOINFORMÁTICA

O cariótipo humano é composto por 22 cromossomos autossomos, com números referentes a cada um indo de 1 a 22, que definem o genótipo[11]. Juntamente com dois cromossomos sexuais X e Y. A mitocôndria, definida por Renfrew e Bahn (2005) como uma parte pequena do código genético fora do núcleo, também é fonte para estudos na (arqueo)genômica.

A Mitocôndria é uma pequena parcela do DNA, juntas compõem aproximadamente 2% de todo o genoma (Brown, 2002). Embora pareçam uma parte muito pequena, que por vezes não chega a ser analisada durante as pesquisas com genoma humano, tanto atuais quanto antigos. Os dados gerados podem apresentar resultados muito relevantes, visto que as regiões estudadas apresentam baixa mutabilidade ao decorrer do tempo, sendo possível estudar linhagens humanas e rotas migratórias. A Mitocôndria apresenta a matrilinhagem e cromossomo Y a patrilinhagem. Mesmo que nem todos os indivíduos apresentem o Cromossomo Y, é possível levantar diversas questões que podem vir a suplementar as pesquisas na área e propor hipóteses juntamente com a contraparte materna, o DNAmt.

O SNP (Fig. 6) é uma das principais fontes de dados utilizada na genômica para definir os haplogrupos das amostras, mas para pesquisas com cromossomo Y as áreas chamadas de microssatélites[12] (ou STR - *Short Tandem Repeats*) também são fontes para classificação de indivíduos com o cromossomo Y em seus

[9] Enzimas de restrição que são utilizadas para manipular as informações do DNA em locais escolhidos (Strachan; Read, 2019)
[10] História evolutiva de uma ou mais espécies
[11] Informação que passa entre gerações
[12] Áreas com até 100 pares de base que se repetem (Miesfeld; Krystal; Arnheim, 1981).

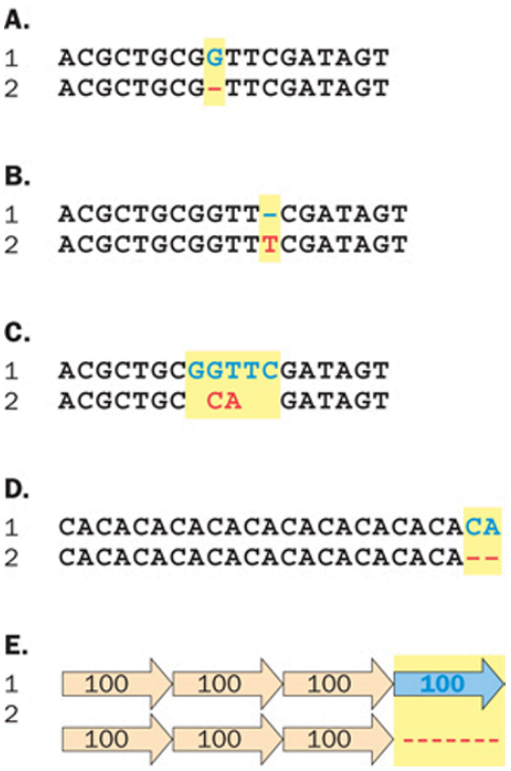
haplogrupos. Nas situações abaixo podemos compreender como ocorrem esses STRs. Strachan e Read (2019) também classificam variantes comuns, que são as que ocorrem em número superior a 5% da população e incomuns, que ocorrem em menos do que 5%.

Figura 6 - Exemplo de um SNP (letras em vermelho)

Fonte: Santos (2020, p. 69).

Além dos SNPs temos outras situações que podem ocorrer com os alelos do genoma (Fig. 7). O genoma de cima (em azul) seria o de referência e o abaixo (vermelho) o que está sendo comparado, na situação (A) podemos ver a ausência de alelo na posição, sendo resultado de uma deleção (*deletion*); na situação (B) o inverso acontece, o que é chamado de inserção (insertion); a situação (C) é um tanto mais complexa e rara, podendo ser uma junção das anteriores que ocorre ao mesmo tempo inserção e deleção, sendo classificada como *indel* pela Human Genome Variation Society. Para a genética evolutiva este termo abrange inserções, duplicações e deleções. Em projetos de sequenciamento genômico o "*indel"* pode ser utilizado em um sentido mais amplo, mas qualificado por ser restrito a porções pequenas com tamanhos de até 50 pares de base, sendo classificados como "*short indel*"; o termo "*copy number variant*" (CNV) é utilizado para todas as variantes que possuem um número variável de repetições em seus pares de base como os microssatélites (os *short tandem repeats)* que podem ser vistos em (D), no qual há 12 ou 11 cópias dos alelos "CA"; em projetos de sequenciamento genômico todas as situações de (A) a (D) podem ser classificadas como "*short indel*", já a situação (E), com mais de 100 deleções poderia ser classificado como "*copy number variant*" e representam um tipo de variação estrutural (*structural variation* - SV) (Strachan; Read, 2019).

Figura 7 - Exemplos de outras variações em alelos, letras em azul representam o genoma de referência e vermelho o testado nas análises.



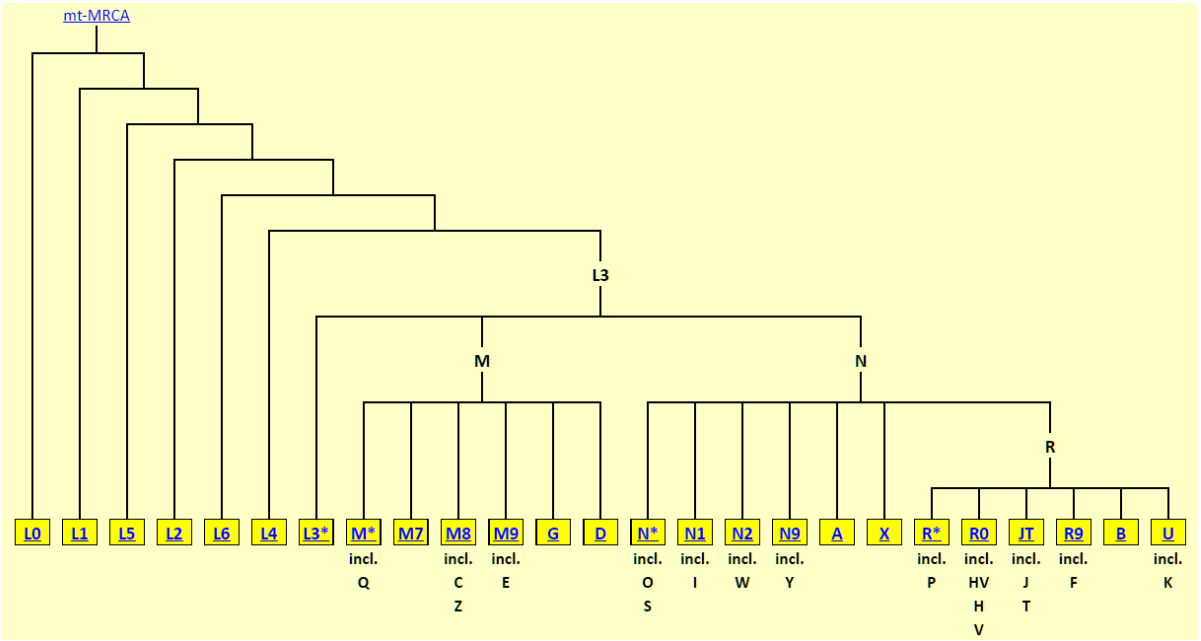
Fonte: Strachan e Read (2019, p. 769).

De acordo com modelos matemáticos, tendo como base as mutações, seria possível traçar um caminho reverso e estimar qual seria o mais recente ancestral comum (MRCA, *Most Recent Common Ancestor*) de todos haplogrupos (Jota; Santos, 2014) mitocondriais e do cromossomo Y. A ancestral mais antiga, conhecida como “Eva Mitocondrial”, poderia ser não apenas um indivíduo, mas um grupo de indivíduos do sexo biológico feminino que compartilhavam o mesmo haplogrupo. Este que teria surgido na África cerca de 200 mil anos atrás, dando origem a todos os atuais haplogrupos mitocondriais (Schwartz; Vissing, 2002). O mesmo se aplica para o cromossomo Y, no qual o “Adão do cromossomo Y”, pode ser mais de um indivíduo de uma mesma linhagem paterna que poderia ter sido contemporânea à Eva Mitocondrial, tendo entre 200 e 300 mil anos, coincidindo com o surgimento dos humanos anatomicamente modernos (Dawkins, 2005; Cann, 2013; Mendez *et al.*, 2013; Karmin *et al*., 2015) e contribuindo com a hipóteses das migrações humanas com a origem no continente africano (Torroni, 2020).

Os haplogrupos do DNAmt podem ser divididos em 3 linhagens primitivas[13]: L1, L2 e L3. Que se derivam em outros haplogrupos (Fig. 7), sendo boa parte dos atuais nativos-americanos com a maior frequência das seguintes linhagens: A2, B2, C1b, C1c, D1, D4h3a e X2a. Estes haplogrupos também podem ser encontrados no continente Asiático, fortalecendo a ideia de que os indivíduos podem compartilhar ancestrais em comum que possivelmente migraram através da Beríngia, via Nordeste Asiático rumo a América do Norte, entre 12.000 e 24.000 anos atrás, durante a última glaciação. Os demais grupos, classificados de acordo com suas mutações específicas, são haplogrupos africanos: L0, L1, L2, L3, L4, L5 e L6; os do continente europeu: H, V, U, J, T, R, K, W e I; terminando com os do continente asiático: Q, G, E, D, C, Z, A, B, S, O, Y, F e P (Van Oven; Kayser, 2009; Jota; Santos, 2014).

[13] O termo “primitivo”, adotado pela cladística ao classificar evolutivamente seres vivos, não significa necessariamente que o grupo mais antigo não ocorra atualmente, apenas que outros grupos ao decorrer do tempo são “derivados” destes grupos.

Figura 7 - Derivação dos haplogrupos a partir do mais recente ancestral comum mitocondrial (mt-MRCA) exposto na PhyloTree.

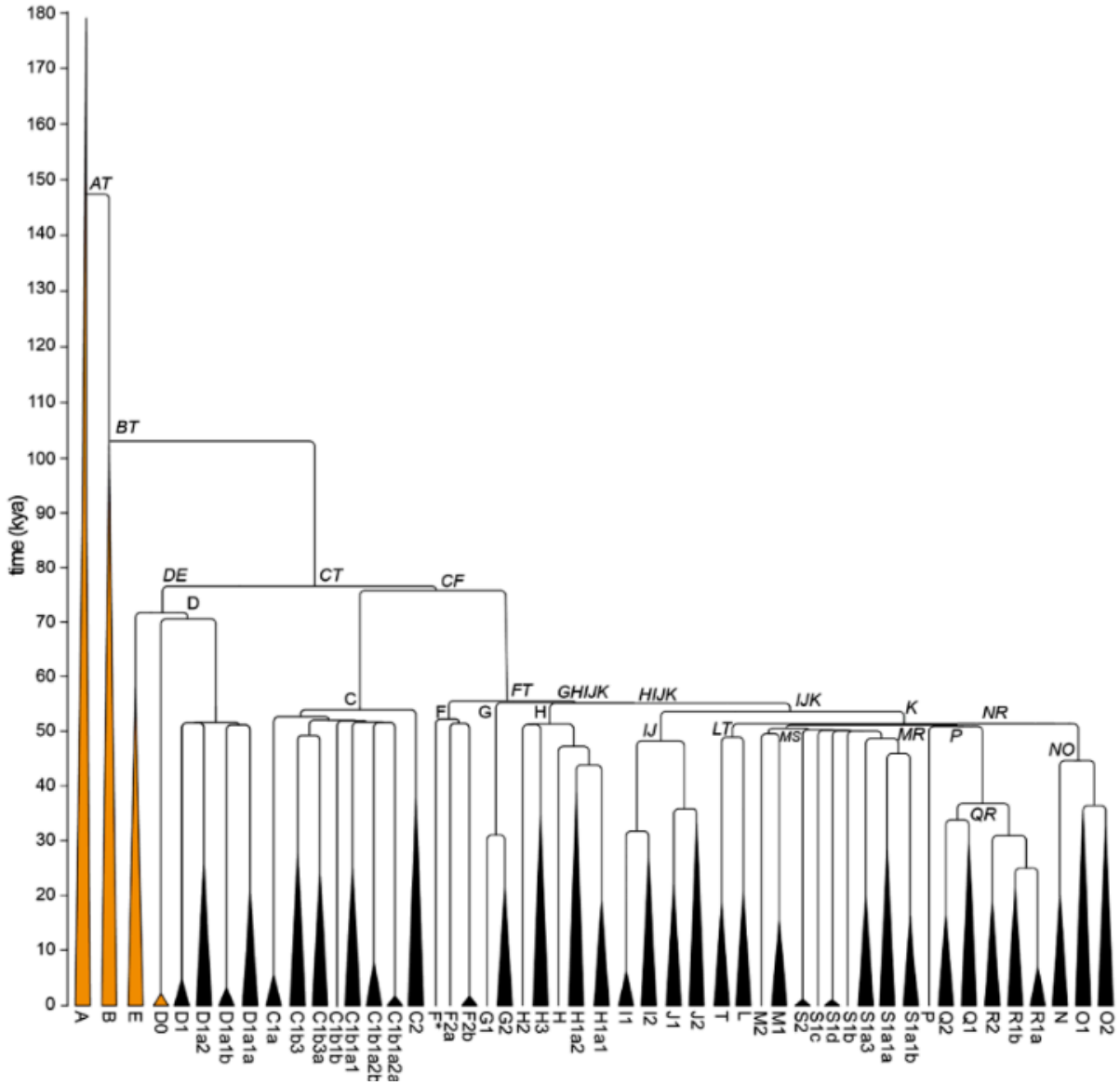


Fonte: adaptado de PhyloTree. Disponível em: <http://www.phylotree.org/>. Acesso em: 19 dez. 2024.

As linhagens paternas também apresentam a mesma lógica de agrupamentos de acordo com os SNPs, logo após mais recente ancestral comum Y, temos a derivação em dois ramos, sendo A e BT, este último que por sua vez segue sendo derivado em B e CT e vão sendo derivados até os haplogrupos mais recentes como ilustrado na Figura 8. Sendo os haplogrupos-Y presentes em indivíduos nativos-americanos: C2, K2*, P1, Q1a3a, Q1a3a1 e R1b (YFull, 2024) sendo este último uma incógnita sobre sua origem nas Américas, se seria a partir de migrações espontâneas ou forçadas, devido ao tráfico de escravizados durante a colonização. O surgimento dos haplogrupos apresentam origens semelhantes também, sendo todos com uma possível origem asiática, o Haplogrupo C surgiu cerca de 48.400 anos AP, mas se espalhou próximo aos 34.000 anos AP, podendo ter coincidido quando o haplogrupo Q surgiu, entre 17.000 e 31.700 anos atrás (Zegura *et al.*, 2004; Hammer *et al.*, 2006a), o haplogrupo K2* tem sua origem em aproximadamente 48.500 anos AP, no sudoestes asiático (Fu *et al.*, 2014; Karafet *et al.*, 2015; Hallast *et al.*, 2021) e o R1b foi derivado a partir do R1, surgiu entre 14.000 e 18.000 anos atrás, com uma origem do sudoeste asiático, do norte da eurásia ou do leste europeu (Haak *et al.*, 2015; Fu *et al.*, 2016). Já P1 estima-se que tenha

surgido cerca de 38.000 anos AP, entre a parte Central da Ásia ou Sibéria (Sahoo *et al*., 2006; Magoon *et al*., 2013; Tumonggor, 2014; Karafet *et al*., 2014; YFull, 2024).

Figura 8 - Derivação dos haplogrupos-Y, com datação (eixo Y) por cada mil anos atrás (kya), a partir do mais recente ancestral comum Y.

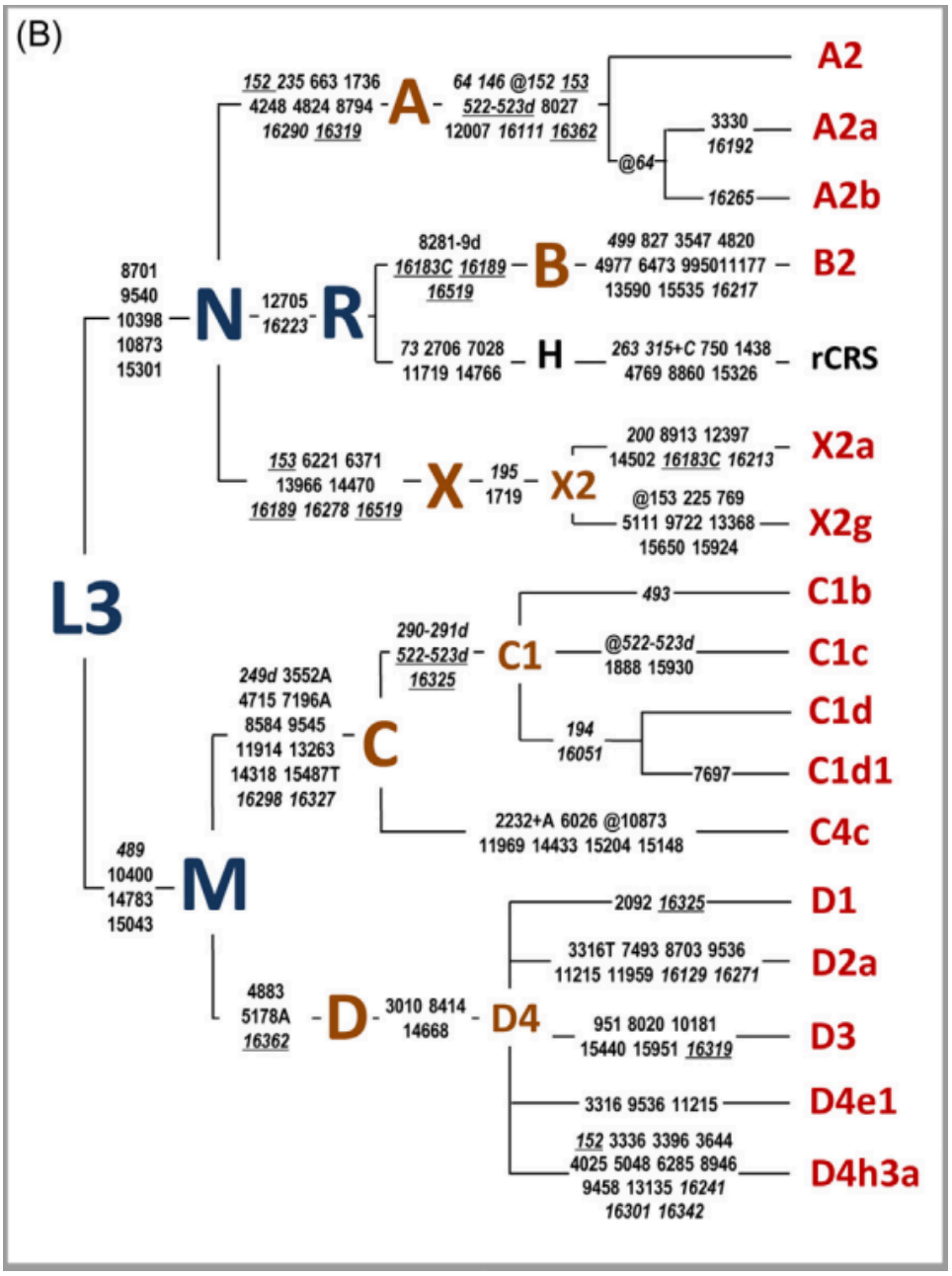


Fonte: Adaptado de Hallast *et al.* (2020).

A classificação dos indivíduos em seus respectivos grupos se dá de acordo com os polimorfismos específicos de cada haplogrupo, como o exemplo da figura 9, que expressa os haplogrupos mitocondriais. A classificação do DNAmt é realizada pelo HaploGrep 3 atualmente, enquanto a do cromossomo Y é realizada pelo Y-LineageTracker. Anteriormente as classificações eram realizadas de forma

manual, checando os SNPs e os classificando de acordo com o correspondente haplogrupo. Por exemplo, L3 (em azul, na esquerda) quando apresenta algum dos SNPs (com a fonte menor, em preto) pode ser designada como M ou N, a depender dos SNPs, mas quando há a presença dos polimorfismos “12705” e “16223” (entre o N e o R), ele passa a ser classificado como R e assim por diante, caso haja algum outro polimorfismo detectado.

Figura 9 - Classificação dos haplogrupos de acordo com os SNPs correspondentes.



Fonte: Adaptado de Torroni (2020, p. 116).

Como citado no parágrafo anterior, os *softwares* hospedados na internet, HaploGrep 3 e Y-LineageTracker são ferramentas que surgiram para auxiliar a classificação dos polimorfismos com a utilização de um algoritmo que estima o(s) haplogrupos(s) de um ou mais indivíduos com base nos polimorfismos que ele(s) carrega(m). Ambas ferramentas utilizam arquivos no formato VCF (*Variant Call Format*), arquivos de texto com uma lista de informações contendo os polimorfismos de cada indivíduo, muito utilizados em pesquisas de bioinformática.

4.2 PROCEDIMENTOS TÉCNICOS

Esta pesquisa tem como base o Cromossomo Y e o DNA mitocondrial. O primeiro contém 57,227,415 pares de base, enquanto o segundo contém apenas 16,569 pares de base. Esta menor quantidade de dados torna mais acessível e rápida a pesquisa. Cerca de 68,3% dos indivíduos foram datados com técnicas de datação absoluta, ou seja, 153 dos 224 indivíduos, outro ponto a ser observado é que o México não possui datações em nenhuma das amostras. Os próximos parágrafos irão esmiuçar os procedimentos realizados na obtenção e análise dos dados genômicos.

Santos (2020) foi responsável por produzir os arquivos contendo variantes (VCFs) de 219 das amostras. Incluímos os dados de outras cinco amostras, quatro são provenientes de Santos *et al*. (2022) e uma (Sumidouro5) de Moreno-Mayar et al. (2018a).

Com a utilização do *software* BCFtools podemos fazer a segmentação das informações do genoma completo, apenas a parte de interesse da pesquisa foi utilizada, o cromossomo Y e o DNA mitocondrial. O resultado dessa segmentação sai em formato VCF (*Variant Call Format*) que apresenta os SNPs de ambos marcadores[14].

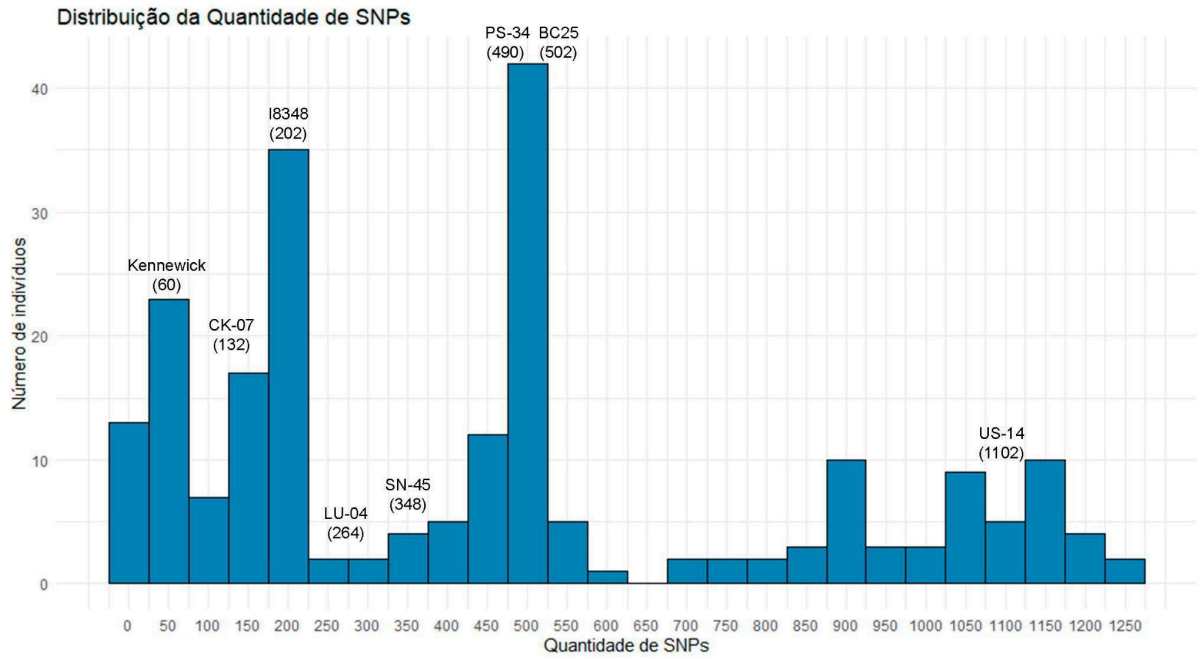
Assim, é possível fazer a separação apenas da parte que se tem interesse, que seriam as partes com os dados genômicos do cromossomo Y e da mitocôndria e mapeá-los de acordo com o genoma humano de referência GRCh37 (*Genome Reference Consortium Human Build 37*), que foi compilado e publicado pelo

[14] BCFtools HowTo, 2024. Disponível em: <http://samtools.github.io/bcftools/bcftools.html>. Acesso em: 30 de dez. de 2024.

Genome Reference Consortium (Consórcio de Genoma de Referência), também conhecido como seu sinônimo HG19 (*Human Genome* 19). Sua compilação em um genoma artificial foi resultante de um número expressivo de genomas naturais doados anonimamente, tendo como fonte as bases nitrogenadas mais frequentes em cada posição genômica (Santos, 2020).

O arquivo VCF gerado do DNAmt apresenta o total de SNPs referentes aos 224 indivíduos, sendo um total de 3595. Se tratando de indivíduos antigos, o genoma contendo as informações necessárias para serem analisadas podem, e provavelmente estão, muito degradadas. Quando feita a comparação com o genoma de referência, a amostra com maior percentual de conservação denota um total de 1236 SNPs (65,6% do total), enquanto 5 amostras não apresentam SNPs necessários para identificação. A média por indivíduo estabelecida é de 458 SNPs (ou 12,76% do total). O histograma abaixo (fig. 10) expõe a relação entre indivíduos e a quantidade de SNPs.

Figura 10 - Distribuição da quantidade de SNPs em relação ao número de indivíduos.



Fonte: autoria própria (2025).

Na figura 10 estão marcados o número de SNPs presentes em algumas amostras que tiveram classificações pouco usuais que serão comentadas mais

adiante, no capítulo 4. A baixa presença de SNPs em algumas amostras podem resultar em haplogrupos não esperados, embora a presença de marcadores significativos possam influenciar positivamente nessa classificação. A qualidade das amostras será exposta juntamente com os haplogrupos designados no próximo capítulo e a quantidade de SNPs por amostra está exposta na Tabela Suplementar S3.

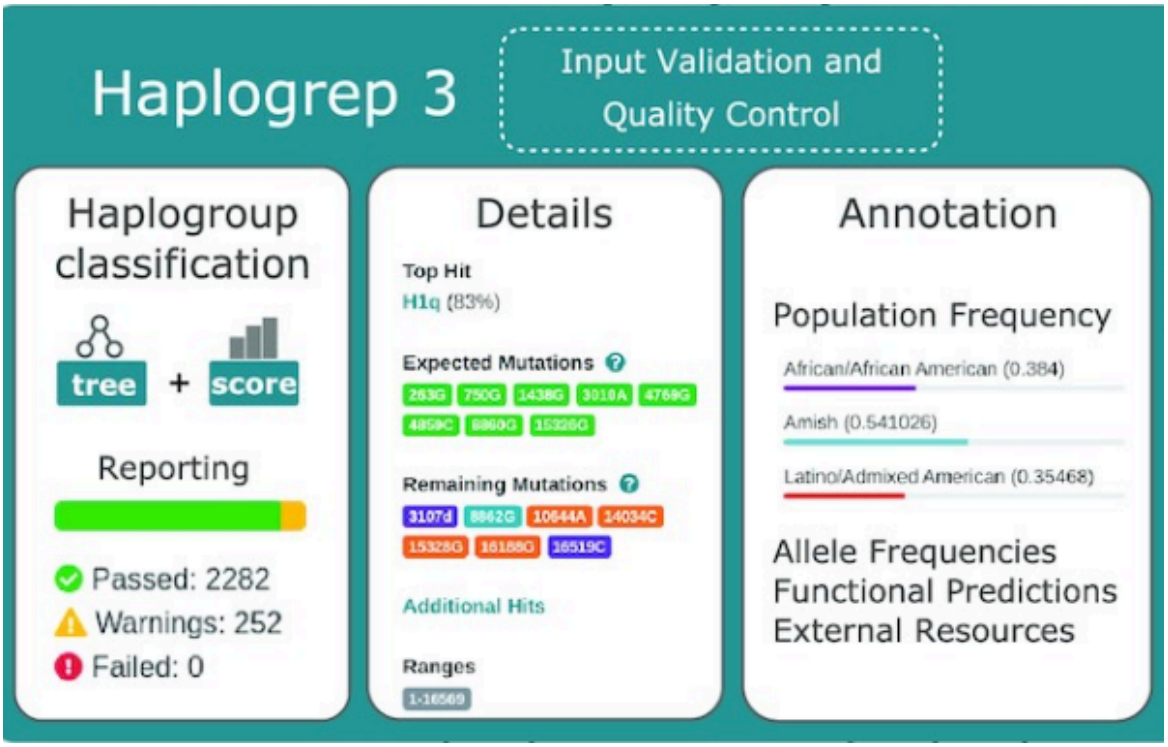
Cada SNP presente na amostra apresenta uma localização específica na PhyloTree, determinando assim, a posição mais correta e confiável na qual a amostra se encaixa (Kloss-Brandstätter *et al*., 2010). Com isso, o *webservice*[15] Haplogrep 3 utiliza estas posições (e das posições de outros conjuntos de dados) para propor qual a posição mais confiável e correta na qual a amostra possa ser designada, juntamente com uma sequência de passos (Fig. 11) para validação e controle de dados.

Após o arquivo em formato VCF ser enviado para análise do Haplogrep 3, os SNPs são observados e as amostra designadas para seus respectivos haplogrupos. A qualidade da amostra é apresentada, na qual abaixo de 90% é classificada como uma amostra “ruim”, entretanto, ao lidar com DNA antigo, lidamos basicamente com amostras “ruins”, onde muita informação estará faltando. Sendo necessário adotar um protocolo próprio para encarar a qualidade das amostras. A presença de SNPs chave é fundamental para definir a confiabilidade das amostras, pode ser observado no segundo quadro que no topo há a informação do haplogrupo, abaixo em letras verdes há os SNPs esperados para o haplogrupo, é possível (e até esperado) que alguns estejam faltando, mas com a presença de outros SNPs chave é possível montar um quebra-cabeças e classificar no grupo que mais se encaixa. Abaixo disso os SNPs que podem ser de mutações privadas globais (em azul) ou locais (em amarelo) são mostrados, com essas informações podemos observar mutações mais específicas daquela população e tendo o motivo no qual seu haplogrupo pode ser mais derivado que outros que apresentam os SNPs esperados (em verde). Também há a presença de *hotspots* (em azul), que são SNPs endêmicos de uma região. Por fim, o próprio programa associa os SNPs encontrados com a frequência em que são encontrados em populações atuais, tal informação mostra-se como o passo inicial para levantar hipóteses sobre a origem daquele haplogrupo, mas diversas questões

[15] Meio utilizado para aplicativos diferentes se comunicarem ou para integrar sistemas.

precisam ser analisadas antes de confirmar ou falsear estes resultados, estas questões serão abordadas nos tópicos dos respectivos haplogrupos.

Figura 11 - Passos para classificação do DNAmt nos haplogrupos designados de acordo com o Haplogrep 3.



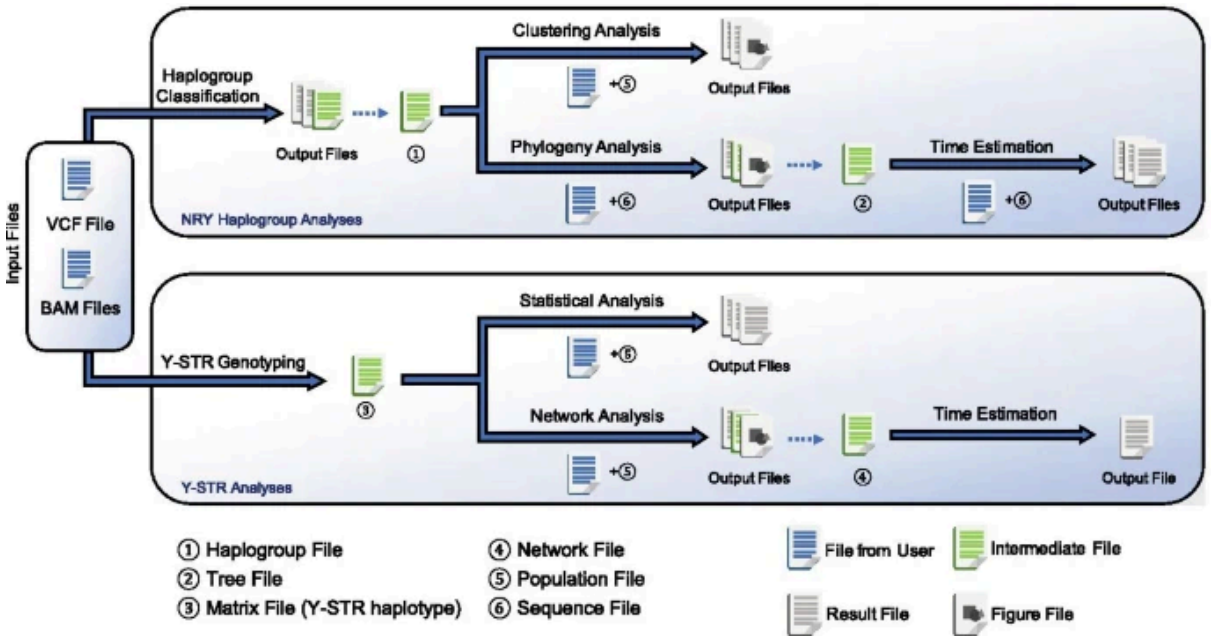
Fonte: Adaptado de *Nucleic Acids Research* (v. 51, n. 1, P. 263-268, 2023).

Para trabalhar com o cromossomo Y, para analisar linhagens paternas, foi utilizada a linha de comando baseada em Python3 chamada Y-LineageTracker que foi publicada por Chen *et al*., (2021) e, embora não possua uma interface polida como o Haplogrep 3, utiliza dos mesmos princípios para fazer a análise dos haplogrupos-Y, o adicional do programa é que ele também utiliza dos STRs para fazer a genotipagem. A linha de código “LineageTracker classify --vcf brazil_2_chrY.vcf.gz -b 37” foi executada para trabalhar um arquivo VCF, a primeira parte “LineageTracker” era para designar o programa que deve rodar, seguido por “classify –vcf” que é para rodar o arquivo em formato VCF denominado de “brazil_2_chrY.vcf.gz”, no final do comando há a parte “-b 37” que seleciona a versão do GRCh37, o genoma de referência a ser utilizado, em sua versão 37.

Após executar o comando para analisar o arquivo no formato VCF é gerado 3 arquivos de texto (como pode ser observado na figura 12), o primeiro contendo as

informações do haplogrupo, do qual este é derivado, as mutações presentes que o fizeram ser designado aquele haplogrupo e a trajetória de derivação do haplogrupo ancestral até o derivado atual, o segundo apenas com as informações do nome da amostra e o haplogrupo na qual esta faz parte e, o último arquivo mostra as informações de entrada no programa e o que aconteceu, como quais amostras possuem mutações ou haplogrupos que podem ser catalogados, juntamente com o tempo em que o processo ocorreu. O sistema de classificação é muito semelhante ao utilizado pelo Haplogrep 3, passando por uma comparação com arquivos de referência[16], mas essa classificação obedece estes dois critérios: 1) Calcular a taxa de correspondência de cada haplogrupo descendente possível e selecionar os que são confiáveis e 2) Calcular a taxa de rastreio tendo como base o número de haplogrupos correspondentes para resultar num haplogrupo final. Os próximos capítulos irão mostrar os resultados obtidos por meio destes métodos e uma breve discussão será realizada.

Figura 12 - Passos para classificação do DNAy nos haplogrupos designados de acordo com o Y-LineageTracker.



Fonte: adaptado de Chen *et al* (2021).

[16]Todas as mutações de referência estão disponíveis na árvore de DNAy da International Society of Genetic Genealogy (ISOGG).

5.RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os próximos tópicos começarão comentando sobre os resultados do DNAmt e posteriormente os resultados do cromossomo Y. Outro ponto que faz-se necessário salientar é sobre amostras que não apresentam dados necessários para compôr resultados satisfatórios, por não conter SNPs necessários para serem designados a um haplogrupo de forma confiável (tabela 9). Indivíduos do sexo biológico feminino também não apresentam o cromossomo Y, logo não podem contribuir com as informações de linhagens paternas e serão excluídos das tabelas e mapas que virão adiante.

Os indivíduos que não possuem nenhum SNP que possa vir a identificar o haplogrupo mitocondrial ou Y estão expostos na tabela 9. Estes indivíduos podem até ser do sexo biológico masculino, mas a informação pode ter se desgastado a ponto de não ser possível reconhecer a presença do cromossomo Y. Outros indivíduos nos quais apresentam, mesmo que poucos, SNPs que identificam o haplogrupo do DNAmt serão expostos e comentários serão tecidos sobre a confiabilidade da amostra. As amostras do Haplogrep 3 que foram listadas na tabela 9 apresentam qualidade de 50%, que seria uma confiabilidade muito baixa, visto que esta porcentagem não apresenta nenhum SNP que possa identificar o haplogrupo da amostra. O Y-LineageTracker, programa que faz análise dos SNPs para compôr os haplogrupos Y, não faz juízo de valores sobre a qualidade das amostras, apenas mostra as mutações chave para encaixar os indivíduos nos haplogrupos. Tal questão denota o caráter incipiente das pesquisas de bioinformática com cromossomo Y, mas é preciso salientar que resultados são promissores visto que é necessário compor a base para pesquisas futuras.

Tabela 9 - Indivíduos sem a presença de SNPs para designar o haplogrupo mitocondrial ou do cromossomo Y.

Indivíduo	País	Sítio	Datação (anos AP)	Referência
PS-19	EUA	Point Sal, CA	N/A	Scheib et al., 2018
SC-02	EUA	San Clemente Island, CA	N/A	Scheib et al., 2018

Fonte: autoria própria (2025).

Destas amostras destaca-se o indivíduos SC-02, que possuem SNPs presentes, mas que não são designados para nenhum haplogrupo de maneira confiável. Possivelmente as amostras podem ser de algum haplogrupo no qual o Haplogrep 3 não conhece, visto que suas mutações são marcadas como não conhecidas. É necessário haver uma investigação sobre tais mutações para compreender se são pertencentes a um haplogrupo novo ou se apenas estão desgastadas a ponto de perderem as informações que são chave para classificação, embora mantenha outras mutações que não são conhecidas pelo Haplogrep 3.

5.1 HAPLOGRUPOS MITOCONDRIAIS ENCONTRADOS

Como pôde ser visto no capítulo introdutório, os haplogrupos mitocondriais esperados de estarem presentes em indígenas americanos são os A, B, C, D e X (Jablonski, 2002; Achilli *et al*., 2008). Também é suposto que 95% são pertencentes aos haplogrupos derivados A2, B2, C1b, C1c, C1d, D1, e X2a, a porcentagem restante de 5% seria referente a outros haplogrupos mais derivados como C4c, D2a e D4h3a (Eshleman; Malhi; Smith, 2003; Achilli *et al*., 2008; Tamm *et al*., 2008). Sendo que é possível atribuir ancestralidade asiática a estes haplogrupos (exceto X2a) de uma provável migração através da Beríngia em direção a América do Sul, possivelmente pela costa do Pacífico, entre 12.000 e 24.000 anos atrás (Bodner *et al*., 2012; De Sant Pierre *et al*., 2012; Jota; Santos, 2014; Perego *et al*., 2019).

Os haplogrupos mitocondriais presentes nos indivíduos desta pesquisa foram um total de 11, sendo estes os: A, B, C, D, H, L, M, N, R, U e X. Sendo mais especificamente derivações destes haplogrupos, por exemplo: o haplogrupo A foi encontrado como “A2”, o B como “B2” etc. Estas derivações podem ser de populações asiáticas (ou de outra origem, a depender da população em que podem estar relacionadas) que migraram de outros locais para uma área, populações locais dos continentes americanos ou de uma população com uma derivação restrita de uma área. Tais derivações e possíveis rotas migratórias serão expostas nos subcapítulos adiante.

Uma questão importante a ser informada antes de prosseguir o capítulo é sobre a baixa quantidade de amostras vindas da América Central sendo apenas 3 de Belize. A baixa frequência de amostras pode acabar resultando em mais uma lacuna ao estudar rotas migratórias. O que pode ser observado em contraponto às

amostras vindas da América do Norte, totalizando 149 (Canadá com 45, EUA com 93 e México com 11). A relação de dados entre locais com mais amostras e locais com menos podem virar resultados “direcionados” por quem tem mais amostras, enquanto os locais com menos amostras não conseguem fundamentar teorias por não possuírem tantas amostras. A falta de dados evidente da América Central e a baixa quantidade da América do Sul em relação aos da América do Norte só mostram o quanto é carente pesquisas deste tipo na ao longo destes continentes, mesmo adicionando o México com o restante dos países da América Latina, temos um total de 95 amostras, o que é quase o número que os EUA possuem de amostras (93).

Sendo necessário pontuar que a qualidade das amostras a ser considerada é superior a 65%, amostras abaixo disso não possuem confiabilidade no haplogrupo designado pelo Haplogrep 3, o programa classifica como 50% amostras que não possuem dados suficientes. Algumas amostras tiveram seu haplogrupo retirado da publicação original, por não serem classificados de forma satisfatória pelo Haplogrep 3, sendo marcados com “**”. O método de classificação das amostras nas pesquisas fonte diverge do utilizado neste trabalho, em sua maioria a classificação foi realizada com o uso de PCR, enquanto aqui a classificação foi feita a partir de dados já publicados e ferramentas para a leitura e classificação desta informação, que é o Haplogrep 3.

Modos diferentes de classificação naturalmente podem resultar em resultados diferentes, o que pode ser observado em alguns casos, principalmente em amostras que não conseguiram ser classificadas devidamente pelo Haplogrep 3. De modo geral é possível observar que a ferramenta utilizada nesta pesquisa chegou a resultados muito próximos aos da pesquisa fonte. E que as classificações discrepantes podem ser levadas em consideração, visto o avanço do sistema de classificação por meio de ferramentas mais atualizadas e a descoberta de novos SNPs. Investigações futuras podem vir a confirmar a presença de haplogrupos não esperados no continente.

5.1.1 HAPLOGRUPO DNAmt A

O total de 71 indivíduos (tabela 10) do haplogrupo mitocondrial A foram encontrados ao longo de 6 países: Argentina (3 amostras), Brasil (6), Canadá(24),

Chile (2), EUA (29) e Peru (7). O período cronológico das amostras vai desde a mais antiga, sendo originária dos EUA entre 9.680-9.530 anos AP e o mais recente com datações por volta de 351±40 anos AP. As amostras que apresentaram qualidade inferior a 65% foram: 125 (50%), 158 (64,59%), 163 (50%), 167 (50%), 322 (50%), 365 (57,7%), 386 (50%), 412 (50%), 516 (58,3%), LU-02 (58,7%), PS-03 (com 61,8%) e SN-20 (64%). As amostras com 50% não foram classificadas de forma satisfatória pelo Haplogrep 3 e as informações sobre o haplogrupo foram retiradas da publicação de origem.

Tabela 10 - Indivíduos antigos do haplogrupo mitocondrial A.

Indivíduo	Haplogrupo	Qualidade (%)	País	Datação (Anos AP)	Referência
I0308	A2+(64)+@153	75,03	Argentina	7.570-7.300	Posth et al., 2018
I7088	A2+(64)	86,44	Argentina	7.570-7.290	Posth et al., 2018
I8350	A2+(64)	77,13	Argentina	6.800	Posth et al., 2018
CP18	A2+(64)+@16111	78	Brasil	9.550-9.470	Posth et al., 2018
CP25	A2+(64)	85	Brasil	9.680-9.530	Posth et al., 2018
CP26	A2+(64)+@16111	73,41	Brasil	9.550	Posth et al., 2018
Enoque65	A2+(64)+@153	72,6	Brasil	~3.500	Raghavan et al., 2015
LAR001	A2+(64)+@153	82,74	Brasil	6.660-6.450	Posth et al., 2018
LAR002	A2+(64)+@153	76	Brasil	6.900-6.680	Posth et al., 2018
125	A**	50	Canadá	1.870-1.500	Lindo et al., 2016
158	A2	64,59	Canadá	2.740-2.350	Lindo et al., 2016
163	A2**	50	Canadá	N/A	Lindo et al., 2016
167	A**	50	Canadá	N/A	Lindo et al., 2016
168	A2aq	88,8	Canadá	2.330-1.840	Lindo et al., 2016
181	A2+(64)+16129*	82,56	Canadá	2.250-1.770	Lindo et al., 2016
302	A2+(64)	90,67	Canadá	2.120-1.600	Lindo et al., 2016
322	A**	50	Canadá	1.620-1.270	Lindo et al., 2016
357	A2+(64)+@16111	67,77	Canadá	N/A	Lindo et al., 2016
365	A2+(64)+@153	57,7	Canadá	1.890-1.440	Lindo et al., 2016
386	A**	50	Canadá	1.036-946	Lindo et al., 2016
412	A2ao**	50	Canadá	1.490-1.120	Lindo et al., 2016
413	A2+(64)+16129	70,96	Canadá	1.500-1.140	Lindo et al., 2016
443	A2+(64)+16129*	77,18	Canadá	1.360-1.000	Lindo et al., 2016
468	A2+(64)+16129	80,11	Canadá	1.500-1.130	Lindo et al., 2016
470	A2+(64)+16129*	82,94	Canadá	1.180-800	Lindo et al., 2016

Indivíduo	Haplogrupo	Qualidade (%)	País	Datação (Anos AP)	Referência
516	A2v1+152*	58,27	Canadá	N/A	Lindo et al., 2016
525	A2+(64)+16129*	80,83	Canadá	1.340-990	Lindo et al., 2016
532	A2+(64)+16129*	79,03	Canadá	N/A	Lindo et al., 2016
19651	A2+(64)	85,06	Canadá	6.000	Moreno-Mayar et al., 2018a
CK-09	A2i	80,4	Canadá	351±40	Scheib et al., 2018
LU-02	A2i	58,7	Canadá	N/A	Scheib et al., 2018
MARC1492	A2i	85,72	Canadá	~400	Raghavan et al., 2015
RM-83	A2i	85,77	Canadá	500	Scheib et al., 2018
Chinchorro	A2	80,25	Chile	~5.800	Raghavan et al., 2015
I2537	A2+(64)	97,95	Chile	720-570	Posth et al., 2018
523a	A2a	91	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
CH-01	A2	69,77	EUA	1.555-1.410	Scheib et al., 2018
CR-01	A2	80,83	EUA	764-561	Scheib et al., 2018
I1123	A2a	70,35	EUA	500-130	Flegontov et al., 2019
I5319	A2a1	87,53	EUA	900-550	Flegontov et al., 2019
I5320	A2+(64)	87,3	EUA	N/A	Flegontov et al., 2019
I5321	A2+(64)	91,91	EUA	N/A	Flegontov et al., 2019
PS-03	A2	61,88	EUA	1.521-1.413	Scheib et al., 2018
PS-09	A2	66,35	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
SM-01	A2	75,36	EUA	666-616	Scheib et al., 2018
SM-02	A2	80,83	EUA	852-800	Scheib et al., 2018
SN-04	A2	69,57	EUA	4.346-3.943	Scheib et al., 2018
SN-17	A2	77,96	EUA	4.774-4.342	Scheib et al., 2018
SN-20	A2ag	64,07	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
SN-25	A2	71,96	EUA	3.868-3.514	Scheib et al., 2018
SN-32	A2	74,06	EUA	4.561-4.156	Scheib et al., 2018
SN-37	A2	72,3	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
SN-39	A2+(64)+@153	71,06	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
SN-40	A2	76,97	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
SN-41	A2	66,97	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
SN-44	A2	83,69	EUA	4.819-4.450	Scheib et al., 2018
SN-48	A2	76,65	EUA	4.073-3.697	Scheib et al., 2018
SN-54	A2	81,4	EUA	3.960±70	Scheib et al., 2018
SN-55	A2+(64)+@153	75,37	EUA	4.410±100	Scheib et al., 2018
SN-56	A2	83,35	EUA	4.410±100	Scheib et al., 2018
SN-57	A2	78,48	EUA	4.410±100	Scheib et al., 2018

Indivíduo	Haplogrupo	Qualidade (%)	País	Datação (Anos AP)	Referência
SN-58	A2	75,75	EUA	4.410±100	Scheib et al., 2018
SN-59	A2	73,69	EUA	4.430±30	Scheib et al., 2018
SN-60	A2	73,93	EUA	3.960±70	Scheib et al., 2018
CP29	A2+(64)+@153	85,04	Peru	9.240-8.770	Posth et al., 2018
CP8	A2+(64)	79,92	Peru	4.290-4.080	Posth et al., 2018
CUN008	A2	73,2	Peru	3.370-3.180	Posth et al., 2018
I0038	A2+(64)+16129	89,56	Peru	8.730-8.520	Posth et al., 2018
I0039	A2+(64)	95,02	Peru	8.580-8.420	Posth et al., 2018
I0040	A2+(64)+@16111	87,15	Peru	5.940-5.740	Posth et al., 2018
I0238	A2+(64)	76,27	Peru	8.560	Posth et al., 2018

Fonte: autoria própria (2025).

**Haplogrupos obtidos através da pesquisa de referência.

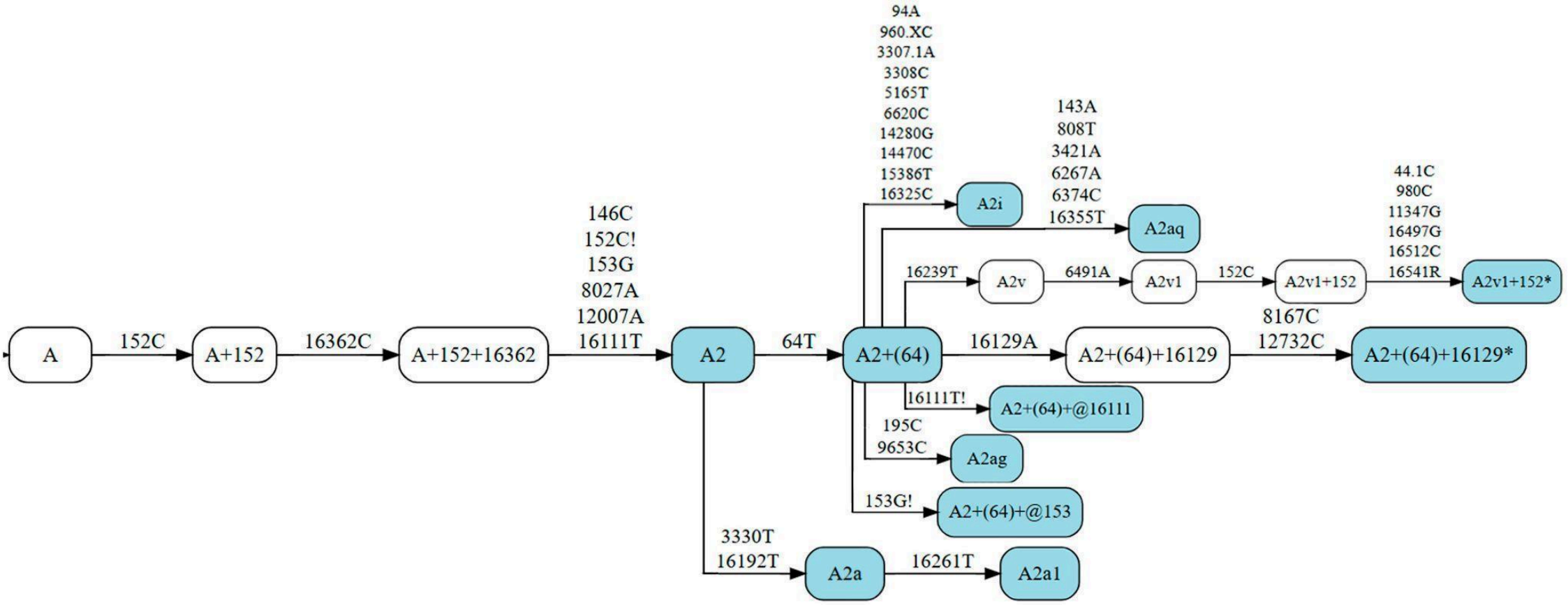
O local de origem do haplogrupo mitocondrial A possivelmente pode ter sido a Ásia, entre 37.900 e 43.200 anos AP[17], sendo uma derivação do haplogrupo N. Esta derivação apresenta baixa variabilidade genética se comparado com outros derivados do haplogrupo N, o que pode sugerir que estes indivíduos passaram por um processo de rápida queda populacional chamado de “Efeito de gargalo” (*Population bottleneck*) há cerca de 20.000 anos atrás. Este haplogrupo é encontrado com maior frequência em indivíduos nativos-americanos, porém a maior variabilidade genética está junto de sua maior população geral, no Leste asiático. Este é um grande indício que tenha surgido nesta região e migrado para o continente americano através do extremo leste do continente asiático (Fagundes *et al*., 2008). Este efeito de gargalo pode ter sido evidenciado por meio da migração de um ou mais grupos com mesma linhagem via Beríngia, que podem ter sofrido conta de pressões ambientais, visto que no período em que estas populações entraram em um área totalmente nova, o continente americano, em um momento de glaciação. As populações que vieram em direção ao continente americano podem ter declinado numericamente, causando essa baixa variabilidade genética.

Como foi exposto na Tabela 10, temos um total de 11 derivações do haplogrupo mitocondrial A classificados pelo Haplogrep 3, juntamente das amostras classificadas apenas como pertencentes do haplogrupo “A” e um como “A2ao” de

[17] YFull MTree 1.02.22517. Disponível em: https://www.yfull.com/mtree/a/ Acesso em: 04 jan.2025

acordo com a publicação original, sendo estas: A2, A2+(64), A2+(64)+@153, A2+(64)+@16111, A2+(64)+16129, A2+(64)+16129*, A2a, A2a1, A2ag, A2aq, A2i e A2v1+152*. Todos os indivíduos compartilham SNPs em comum até serem designados ao haplogrupo A2, após isso eles são derivações destes, a depender da presença de certos SNPs. O exemplo mais fácil está com o “A2+(64)”, que por conter a mutação 64T é uma derivação do A2 com uma mutação a mais. Quando há mais mutações em sequência o indivíduo pode ser designado a outro haplogrupo, como o “A2a”, que contém os SNPs 3330T e 16192T. A figura 12 abaixo especifica as derivações a partir do haplogrupo A encontradas em populações americanas de acordo com a classificação do Haplogrep 3.

Figura 12 - Ramificações do Haplogrupo DNAmt A. Em azul estão os haplogrupos presentes nas amostras americanas, sobre as setas pretas estão os SNPs chaves para identificar o haplogrupo.



Fonte: autoria própria (2025).

O mais recente ancestral comum dos indivíduos é do haplogrupo A2, que pode ser encontrado também entre povos falantes das línguas Chukotko-Kamchatkanas, da região ao extremo leste da Rússia (Tanaka *et al*., 2004). Entre os povos Inuítes, Na-Dene e a maior parte dos grupos étnicos das Américas Central e do Norte este é o haplogrupo mais comum, sendo que a maior diversidade genética está em povos Inuítes e seus vizinhos, os Chukchis, na parte extrema do nordeste da Sibéria (Tanaka *et al*., 2004; Derenko *et al*., 2007; Volodko *et al*., 2008).

É possível observar a presença de linhagens derivadas do haplogrupo A2 por todas as Américas, indo de norte a sul. Fazem parte deste haplogrupo os grupos étnicos: Aché, Arsario, Caiapós, Cayapa, Dogrib, Guaraní, Katuena, Oiapis, Suruí, Waiwai, Zapotecas, Zoés e Zoró. Pode também ser encontrada em povos na Argentina, Colômbia, Cuba, Equador, Estados Unidos, Peru, República Dominicana, Venezuela e povos antigos no Canadá (van Oven; Kayser, 2009) juntamente com os indivíduos vistos neste trabalho, presentes também no Brasil e Chile.

Devido ao fato de todas as amostras serem derivações do haplogrupo A2, é possível sugerir que derivam de um mesmo grupo de indivíduos do sexo biológico feminino que compartilham as mesmas informações genéticas. Podendo fazer uma correlação de possível ancestralidade com povos asiáticos que apresentam maior diversidade genética dentro deste mesmo haplogrupo.

5.1.2 HAPLOGRUPO DNAmt B

Foram encontrados um total de 25 indivíduos pertencentes ao haplogrupo mitocondrial B (tabela 11), estes foram observados em 5 países: Brasil (3 amostras), Chile (2), EUA (10), México (4) e Peru (6). As datações mais recentes estão entre 427-134 anos AP, enquanto as mais antigas estão entre 11.600-11.270 anos AP, ambas sendo oriundas dos EUA. Apenas duas amostras apresentaram uma qualidade baixa, a denominada como BC23 apresenta 63,8% de qualidade e IL3, que não foi classificado pelo Haplogrep 3, sendo utilizada a classificação da publicação original. As demais estão acima de 65% de qualidade.

Tabela 11 - Indivíduos antigos do haplogrupo mitocondrial B.

Indivíduo	Haplogrupo	Qualidade (%)	País	Datação (anos AP)	Referência
CP21	B2*4	75,94	Brasil	9.410-9.090	Posth et al., 2018
CP22	B2	75	Brasil	9.670-9.490	Posth et al., 2018
I9056_d	B2	73,26	Brasil	1.290-1.080	Posth et al., 2018
A460	B2b	77,38	Chile	4.500	Moreno-Mayar et al., 2018a
I1752	B2i2	90,02	Chile	650-540	Posth et al., 2018
Lovelock3	B2a1	75	EUA	700	Moreno-Mayar et al., 2018a
SC-04	B2a	74,19	EUA	508-274	Scheib et al., 2018
SN-01	B2a	72,71	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
SN-09	B2a	76,16	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
SN-10	B2a	77,3	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
SN-16	B2a5	78,31	EUA	650-510	Scheib et al., 2018
SN-52	B2y	74,96	EUA	634-414	Scheib et al., 2018
SN-53	B2a5	77,69	EUA	427-134	Scheib et al., 2018
TrailCreek	B2	80,7	EUA	10.000	Moreno-Mayar et al., 2018a
USR2	B2	81,09	EUA	11.600-11.270	Moreno-Mayar et al., 2018b
BC23	B2g1	63,84	México	N/A	Raghavan et al., 2015
BC27	B2g1	75,92	México	N/A	Raghavan et al., 2015
BC30	B2g1	71,83	México	N/A	Raghavan et al., 2015
MX-01	B2a5	71,87	México	N/A	Scheib et al., 2018
I0041	B2	80,06	Peru	8.580-8.420	Posth et al., 2018
I0237	B2	67	Peru	920-800	Posth et al., 2018
I1357	B2l	78,61	Peru	880	Posth et al., 2018
I1484	B2	83,84	Peru	900-730	Posth et al., 2018
I1485	B2	81,81	Peru	1.160-960	Posth et al., 2018
IL3	B2**	50	Peru	1830-1850	Santos et al, 2022

Fonte: autoria própria (2025).

**Haplogrupos obtidos através da pesquisa de referência.

O haplogrupo mitocondrial B[18] tem sua origem há cerca de 50.000 anos AP, tendo surgido na Ásia derivado do haplogrupo eurásico R. A China apresenta a maior variabilidade genética deste haplogrupo, visto a quantidade de haplogrupos derivados e sua primeira diversificação provavelmente ocorreu na região leste ou sudeste da Ásia (Yao *et al*., 2001). Sendo o sudeste asiático a localidade em que o

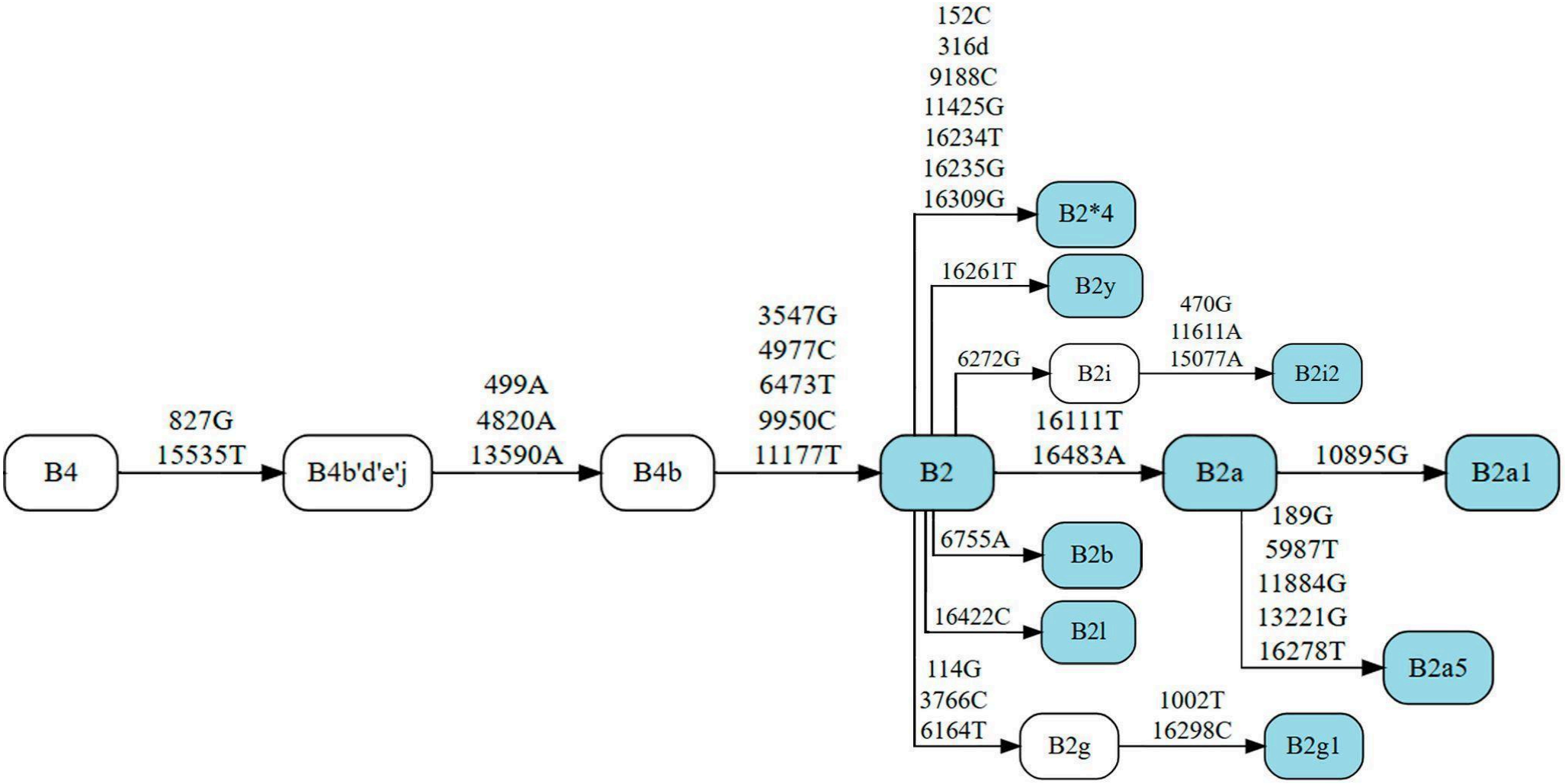
[18] Também pode ser conhecido como B4.

haplogrupo B é o mais comum entre povos nativos [19], além dos falantes das línguas Sino-Tibetanas e Austronésias. A derivação B2 pode ser observada nas Américas, tendo sua possível rota a partir do nordeste Siberiano, através da Beríngia, embora não seja possível encontrar o haplogrupo B em populações Paleo-Siberianas (Fagundes *et al*., 2008), mas o mesmo pode ser observado em povos nativos de outras regiões da Sibéria como os falantes das línguas Mongólicas, Túngusicas e Turcomanas (Derenko *et al*., 2007).

Como pode ser observado na tabela 11, temos presente nas Américas 10 derivações do haplogrupo mitocondrial B, sendo estas: B2, B2*4, B2a, B2a1, B2a5, B2b, B2g1, B2i2, B2l e B2y. Até o B2 os indivíduos compartilham das mesmas informações genéticas, a presença de outros SNPs os designa a derivações, como por exemplo: a derivação B2b que apresenta o SNP 6755A, que o caracteriza como pertencente deste haplogrupo. O mesmo pode ser observado em B2l, que conta com a presença do SNP 16422C, o caracterizando como uma derivação específica. A classificação de acordo com os SNPs foi realizada com auxílio do Haplogrep 3 e podem ser observadas suas variações de acordo com as mutações presentes nos indivíduos na figura 13, abaixo.

[19] **‘DNAmt’** - Haplogroup B. Disponível em: http://www.ianlogan.co.uk/discussion/hap_B.htm. Acesso em: 06 jan. 2025.

Figura 13 - Ramificações do Haplogrupo DNAmt B. Em azul estão os haplogrupos presentes nas amostras americanas antigas, sobre as setas pretas estão os SNPs chaves para identificar o haplogrupo.



Fonte: autoria própria (2025).

O Haplogrupo mitocondrial B2 é encontrada entre povos Aché, Coreguaje, Gavião, Guaraní, Katuena, Quéchua, Waunana, Xavante e povos nativos da Argentina, Colômbia, Equador, Estados Unidos, Peru, República Dominicana (van Oven; Kayser, 2009) além do Brasil como observado na tabela 11. O haplogrupo B2*4 aparenta ser uma derivação local de B2, mas a presença de apenas uma amostra dificulta saber se pode ser uma derivação global ou local.

O haplogrupo B2b é encontrado em povos Cayapa, Pomo e Xavante, além de ser presente na Argentina, Colômbia, Equador e Peru; O B2l está presente no Equador e Venezuela; B2a1 e B2a5 podem ser encontrados no Canadá, EUA e México; B2g1 pode ser encontrada no México e EUA. B2i2 no Chile; B2l na Venezuela e Equador e; B2y na América do Sul, mais especificamente nos Andes e no Peru (van Oven; Kayser, 2009). Entretanto, algumas amostras foram encontradas em outras localidades, como a presença do Haplogrupo B2b no Chile, juntamente com o B2l no Peru e B2y nos EUA.

Embora o haplogrupo mitocondrial B seja encontrado em amostras de diversas populações siberianas, o haplogrupo que seria geneticamente mais próximo ao B2 americano seria o B4b1, que pode ser encontrado em populações do Sul da China e do Sudeste Asiático, em especial Filipinos e falantes Austronésios da Indonésia oriental e aborígenes de Taiwan e Hainan (Mona *et al*., 2009; Kristina *et al*., 2010; Peng *et al*., 2011).

5.1.3 HAPLOGRUPO DNAmt C

Este haplogrupo conta com um total de 54 indivíduos oriundos de 7 países (tabela 12), sendo estes: Argentina (com 6 indivíduos), Brasil (6), Canadá (11), Chile (5), EUA (17), México (6) e Peru (3). A amostra mais recente está entre 508-276 anos AP, enquanto a mais antiga está entre 11.600-11.270 anos AP, sendo ambas dos EUA. As amostras que apresentaram menor qualidade foram: IL7 (50%), LU-01 (com 58,6%), LU-03 (63,8%), LU-05 (56%), BC28 (59,6%), MA575 (60.9%) e CK-02 (64,1%). As demais apresentaram qualidade superior a 65%.

Tabela 12 - Indivíduos antigos do haplogrupo mitocondrial C.

Indivíduo	Haplogrupo	Qualidade (%)	País	Datação (anos AP)	Referência
Aconcagua	C1b	81	Argentina	500	Moreno-Mayar et al., 2018a
I1748	C1c	85,22	Argentina	7.330-6.950	Posth et al., 2018
I2230	C	95,63	Argentina	8.960-8.380	Posth et al., 2018
I2232	C	96,65	Argentina	8.520-8.200	Posth et al., 2018
I7090	C1c	86,88	Argentina	7.330-6.950	Posth et al., 2018
I8349	C	92	Argentina	6.780-6.650	Posth et al., 2018
Brazil-2	C1b	N/A***	Brasil	981±23	Santos et al, 2022
CP19	C1d1	70,77	Brasil	10.160-9.600	Posth et al., 2018
I9054_d	C1c	69,04	Brasil	2.030-1.830	Posth et al., 2018
I9055_d	C1c	68,82	Brasil	1.990-1.750	Posth et al., 2018
I9057_d	C1c	79,45	Brasil	2.340-2.100	Posth et al., 2018
I9058_d	C1c	78,11	Brasil	2.340-2.100	Posth et al., 2018
CK-01	C	68,23	Canadá	N/A	Scheib et al., 2018
CK-02	C1d1*6	64,13	Canadá	662-536	Scheib et al., 2018
CK-04	C**	N/A	Canadá	N/A	Scheib et al., 2018
CK-08	C1b*4	65,04	Canadá	N/A	Scheib et al., 2018
CK-10	C1b5a	65,81	Canadá	N/A	Scheib et al., 2018
CK-13	C1b*4	74,48	Canadá	4.853-4.837	Scheib et al., 2018
LU-01	C	58,61	Canadá	N/A	Scheib et al., 2018
LU-03	C5d1	63,85	Canadá	N/A	Scheib et al., 2018
LU-05	C1b*4	55,6	Canadá	N/A	Scheib et al., 2018
LU-06	C1d1a1	68,62	Canadá	N/A	Scheib et al., 2018
RM-85	C1c*5	78,01	Canadá	550-450	Scheib et al., 2018
895	C	83,8	Chile	N/A	Raghavan et al., 2015
5832	C1c8	85	Chile	6.500	Moreno-Mayar et al., 2018a
I11974	C	93,84	Chile	11.140-10.730	Posth et al., 2018
I1753	C	95,71	Chile	5.310-4.870	Posth et al., 2018
MA575	C	60,93	Chile	N/A	Raghavan et al., 2015
Ala1	C	86,75	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
CT-01	C1b	85,78	EUA	425-349	Scheib et al., 2018
CT-02	C1c+195*	66,22	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
SC-01	C1b	78,71	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
SC-03	C	79,03	EUA	665-485	Scheib et al., 2018
SC-05	C	78,07	EUA	760-561	Scheib et al., 2018
SC-06	C1b	69,94	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
SC-07	C1b	78	EUA	N/A	Scheib et al., 2018

Indivíduo	Haplogrupo	Qualidade (%)	País	Datação (anos AP)	Referência
SN-03	C1b	79,37	EUA	1.246-974	Scheib et al., 2018
SN-12	C1b	76,33	EUA	870-643	Scheib et al., 2018
SN-13	C	74,46	EUA	508-276	Scheib et al., 2018
SN-15	C1b	80,88	EUA	1.491-1.252	Scheib et al., 2018
SN-38	C1b	80,7	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
SN-43	C	73,98	EUA	2.202-1.888	Scheib et al., 2018
SN-50	C1b	77,89	EUA	1.126-826	Scheib et al., 2018
SN-51	C1b	77,44	EUA	1.171-888	Scheib et al., 2018
USR1	C1b	90,84	EUA	11.600-11.270	Moreno-Mayar et al., 2018b
B-03	C1b11*1	82,93	México	N/A	Scheib et al., 2018
B-04	C	77,25	México	N/A	Scheib et al., 2018
BC28	C	59,67	México	N/A	Raghavan et al., 2015
BC29	C1c1b	76,1	México	N/A	Raghavan et al., 2015
F9	C1c1a	83,22	México	N/A	Raghavan et al., 2015
MOM6	C1b11	79,57	México	N/A	Raghavan et al., 2015
I2261	C	92,74	Peru	4.230-3.980	Posth et al., 2018
I2551	C	95,22	Peru	910-740	Posth et al., 2018
IL7	C1b**	50	Peru	1830-1850	Santos et al, 2022

Fonte: autoria própria (2025).

**Haplogrupos obtidos através da pesquisa de referência.

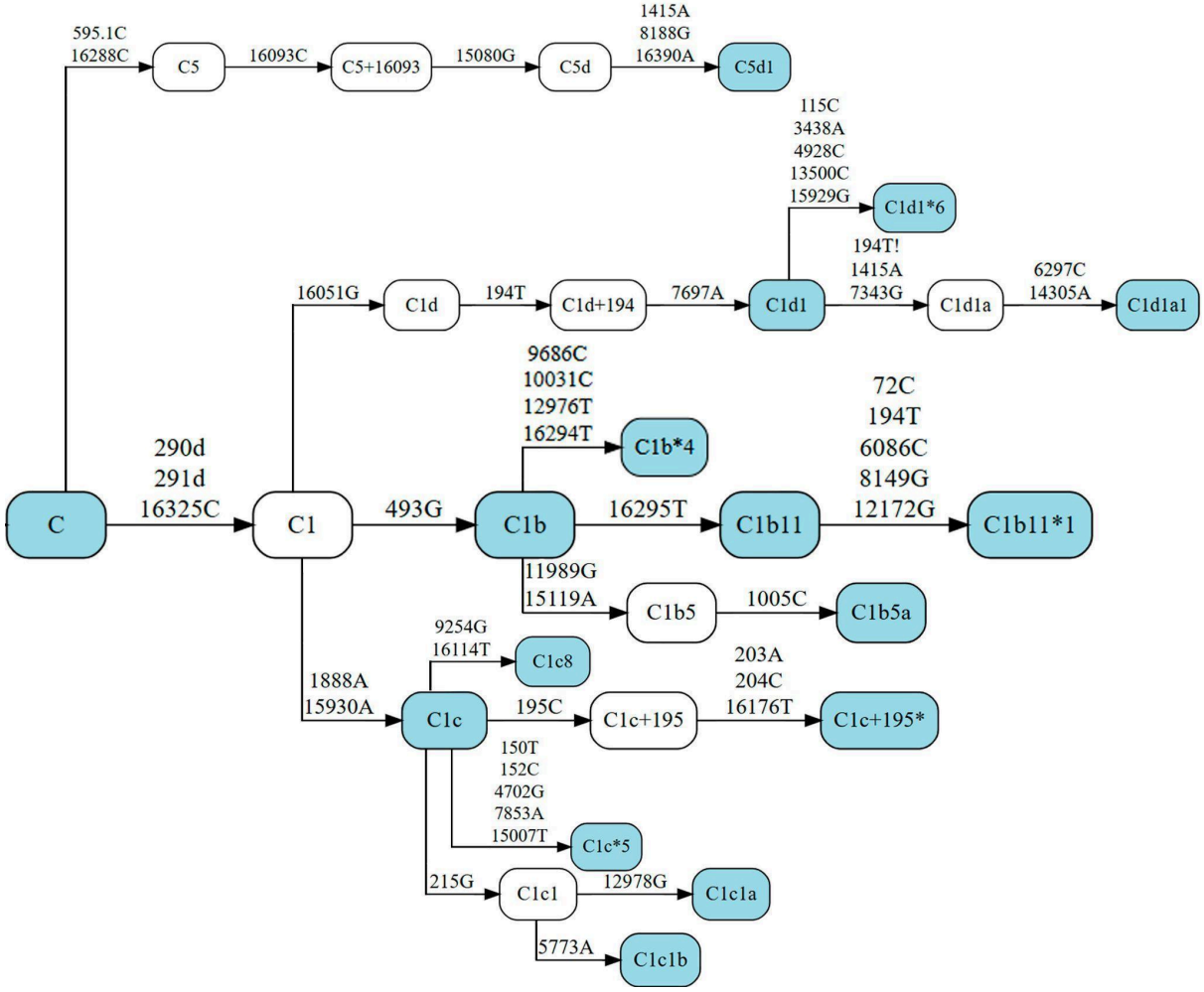
***Valores apresentados na publicação original: 3.6% de contaminação, 11.65% de DNA Endógeno e Mean read depth 10.67. Estimado originalmente com Haplocheck (Santos et al., 2022).

A origem deste haplogrupo está vinculada à região Oriental da Ásia, tendo surgido provavelmente entre 27.370 anos AP e 21.700 anos AP, sendo uma derivação do haplogrupo CZ (van Oven; Kayser, 2009; Derenko *et al*., 2010). O Nordeste Asiático, juntamente com a Sibéria e as Américas contam com a presença deste haplogrupo, sendo frequentemente observado em populações do Ártico Siberiano, como os Coriacos, Dolgans, Evenkis, Evens, Iacutos, Nganasans e Yukaghir (Volodko *et al*., 2008; Duggan *et al*., 2013; Fedorova *et al*., 2013).

Na figura 14 abaixo, podemos observar as derivações do haplogrupo mitocondrial C, classificados pelo Haplogrep 3 de acordo com a presença de SNPs característicos. Até o haplogrupo C todos os indivíduos partilham das mesmas mutações, sendo possível observar derivações de acordo com a presença de novos SNPs. A derivação C5d1 apresenta uma diferença de apenas 1% na classificação

do Haplogrep 3 para a classificação como C1d1a, que foi encontrado com maior confiabilidade no sítio em que as amostras foram coletadas. Enquanto o classificado como C1b*4 possui uma baixa taxa de qualidade (56%), mesmo que apresente o SNP 10031C que é um dos chave para caracterizar o haplogrupo. Ambas amostras são do sítio Canadense Lucier e não possuem datações.

Figura 14 - Ramificações do Haplogrupo DNAmt C. Em azul estão os haplogrupos presentes nas amostras americanas antigas, sobre as setas pretas estão os SNPs chaves para identificar o haplogrupo.



Fonte: autoria própria (2025).

O haplogrupo mitocondrial C pode ser encontrado em Bascortostão, na Rússia, China, Índia, Coreia (van Oven; Kayser, 2009; He *et al*., 2023), Argentina, Canadá, Chile, EUA, México e Peru.

O haplogrupo C1b e suas derivações (C1b*4, C1b11 e C1b11*1) foram observadas entre populações da Argentina, Brasil, Canadá, EUA e México. O C1c e derivações (C1c*5, C1c+195*, C1c1a, C1c1b e C1c8) foram encontrados em populações da Argentina, Brasil, Canadá, Chile, EUA e México.

C1d aparece em populações da Argentina, Canadá, Colômbia, México e EUA (Perego *et al*, 2010; Malhi *et al*., 2010; Kumar *et al*., 2011). Entretanto, apenas derivações como C1d1 e derivados (C1d1*6 e C1d1a1) foram observados no Brasil e no Canadá.

5.1.4 HAPLOGRUPO DNAmt D

O haplogrupo mitocondrial D apresenta um total de 56 indivíduos (tabela 13), advindos de 8 países, sendo estes: Argentina (2 indivíduos), Belize (3), Brasil (7), Canadá (4), Chile (10), EUA (27), Groenlândia (1) e Peru (2). A datação das amostras vai desde 12.722-12.590 anos AP até 470-10 anos AP. Ambas amostras são de sítios estadunidenses. Apenas uma amostra do Chile apresenta datação, enquanto o México, com apenas uma amostra, não possui datação. As amostras que apresentam menor qualidade são: I1126 (59,5%), I1128 (62%), IL2 (50%), Saqqaq (50%), Sumidouro5 (50%) e Sumidouro 8 (59%). Sendo as com 50% não classificadas pelo Haplogrep 3 e tendo suas informações obtidas através das pesquisas fonte. As demais apresentam qualidade superior a 65%.

Tabela 13 - Indivíduos antigos do haplogrupo mitocondrial D.

Indivíduo	Haplogrupo	Qualidade (%)	País	Datação anos (AP)	Referência
I0309	D4	81,34	Argentina	7.800-7.500	Posth et al., 2018
I7086	D1g	87,49	Argentina	7.920-7.660	Posth et al., 2018
I3443	D4h3a	98,59	Belize	9.430-9.140	Posth et al., 2018
I5456	D1	95,16	Belize	7.440-7.310	Posth et al., 2018
I5457	D1	95,16	Belize	7.460-7.320	Posth et al., 2018
CP23	D4h3a5	86,6	Brasil	9.550	Posth et al., 2018
MOS001	D4h3a5	78,03	Brasil	6.900-6.680	Posth et al., 2018
Sumidouro4	D1	78,11	Brasil	>10.000	Moreno-Mayar et al., 2018a
Sumidouro5	D4h3a**	50	Brasil	>10.000	Moreno-Mayar et al., 2018a
Sumidouro6	D1	78,43	Brasil	>10.000	Moreno-Mayar et al., 2018a

Indivíduo	Haplogrupo	Qualidade (%)	País	Datação anos (AP)	Referência
Sumidouro7	D1	79,41	Brasil	>10.000	Moreno-Mayar et al., 2018a
Sumidouro8	D4h1a	59	Brasil	>10.000	Moreno-Mayar et al., 2018a
300	D1	86,51	Canadá	1.240-800	Lindo et al., 2016
318	D**	N/A	Canadá	1.170-800	Lindo et al., 2016
939	D4h3a7	91	Canadá	6.260-5.890	Raghavan et al., 2015
I10427	D2a1	92,48	Canadá	1.900-1.610	Flegontov et al., 2019
890	D4h3a5*	94,7	Chile	N/A	Raghavan et al., 2015
894	D4h3a5*	91,26	Chile	N/A	Raghavan et al., 2015
AM71	D4h3a5*	87,79	Chile	N/A	Raghavan et al., 2015
I1754	D4h3a1a2	99,58	Chile	910-740	Posth et al., 2018
MA572	D4h3a5*	76,95	Chile	N/A	Raghavan et al., 2015
MA577	D4	82,05	Chile	N/A	Raghavan et al., 2015
Nr66	D4h3a5*	87,69	Chile	N/A	Raghavan et al., 2015
Nr72	D4h3a5*	88,71	Chile	N/A	Raghavan et al., 2015
Nr73	D1g	84,02	Chile	N/A	Raghavan et al., 2015
Nr74	D4h3a5*	92,56	Chile	N/A	Raghavan et al., 2015
Saqqaq	D2a**	50***	Groenlândia	4.170-3.600	Rasmussen *et al*., 2010
AHUR2064	D1	92	EUA	10.000	Moreno-Mayar et al., 2018a
AHUR770c	D1	96,16	EUA	10.000	Moreno-Mayar et al., 2018a
Anzick-1	D4h3a	94,38	EUA	12.722-12.590	Rasmussen et al., 2014a
I0712	D2a1	88,96	EUA	1.260-870	Flegontov et al., 2019
I0719	D2a1a	96,18	EUA	700-310	Flegontov et al., 2019
I0721	D2a1a	89,37	EUA	2.300-1.840	Flegontov et al., 2019
I1118	D2a1a	94,58	EUA	500-130	Flegontov et al., 2019
I1124	D2a	82,92	EUA	470--10	Flegontov et al., 2019
I1125	D2a1a	96,18	EUA	710-440	Flegontov et al., 2019
I1126	D4j1a2	59,54	EUA	1.220-710	Flegontov et al., 2019
I1127	D2a1a	96,18	EUA	600-270	Flegontov et al., 2019
I1128	D4	62,08	EUA	560-250	Flegontov et al., 2019
I1129	D2a1a	96,18	EUA	560-230	Flegontov et al., 2019
Lovelock1	D1	90	EUA	2.000	Moreno-Mayar et al., 2018a
Lovelock2	D1	90,3	EUA	1.900	Moreno-Mayar et al., 2018a
Lovelock4	D1	84,36	EUA	1.800	Moreno-Mayar et al., 2018a
NC	D1	86,43	EUA	1.390-1.300	Scheib et al., 2018
PS-02	D1	76,41	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
PS-04	D1	72,4	EUA	N/A	Scheib et al., 2018

Indivíduo	Haplogrupo	Qualidade (%)	País	Datação anos (AP)	Referência
PS-06	D1	77,65	EUA	1.522-1.414	Scheib et al., 2018
PS-07	D1	78,71	EUA	1.522-1.423	Scheib et al., 2018
PS-17	D1	78,71	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
PS-18	D1	80,1	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
PS-23	D1	66,59	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
PS-26	D1	77,77	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
Shuka Kaa	D4h3a	85,09	EUA	~10.300	Lindo et al., 2017
SN-11	D1	80,63	EUA	714-517	Scheib et al., 2018
I1742	D1	95,11	Peru	880	Posth et al., 2018
IL2	D1**	50	Peru	1830-1850	Santos et al, 2022

Fonte: autoria própria (2025).

**Haplogrupos obtidos através da pesquisa de referência.

***A amostra não passou no filtro de qualidade na pesquisa fonte por não conter SNPs suficientes e não foi classificada de forma satisfatória pelo Haplogrep 3, tendo apenas 50% de qualidade..

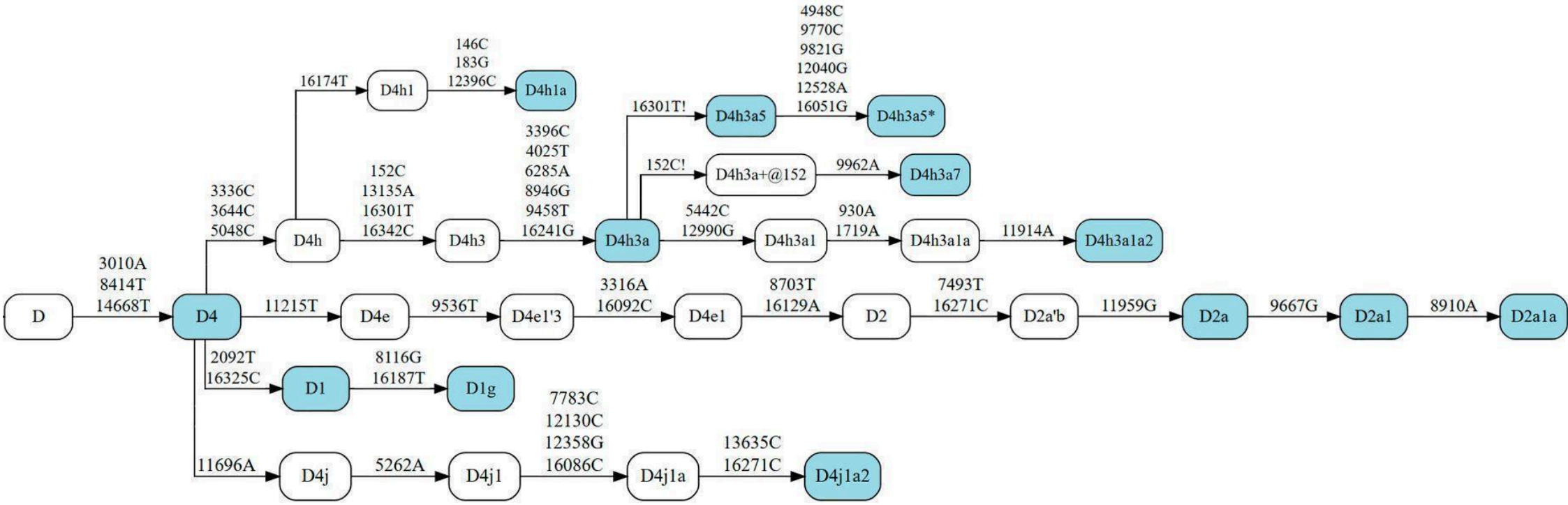
O haplogrupo mitocondrial D, tem como possível origem a região da Ásia Oriental, sendo derivado do haplogrupo M em algum momento entre 60.000-40.000 anos AP, período do Pleistoceno Tardio, anterior ao Último Máximo Glacial e o povoamento das Américas (Soares *et al*., 2009; van Oven; Kayser, 2009) através da Beríngia. Em populações contemporâneas este haplogrupo pode ser encontrado na região central e nordeste da Ásia (Comas *et al*., 2004; Pimenoff *et al*., 2008), enquanto nas Américas a derivação D4 é uma das 5 principais entre povos nativos. O haplogrupo D1 é uma das derivações de D4 que podem ser encontradas ao longo destes continentes, sendo também possível de ser encontrada entre populações atuais do Nordeste Asiático (Helgason *et al*., 2006; van Oven; Kayser, 2009).

A figura 15 abaixo apresenta os caminhos em que o haplogrupo D4 vai sendo derivado de acordo com as mutações particulares de cada linhagem, com a utilização do Haplogrep 3 é possível classificar as amostras em 13 haplogrupos. Até o D4 os indivíduos partilham dos mesmos SNPs e a partir de cada mutação nova gerada vão sendo designados para outros grupos de acordo com as mutações particulares deles. Por exemplo: a presença dos SNPs 2092T e 16325C indicam que o indivíduo pertence ao haplogrupo D1, derivado do D4. Se houver também a presença dos SNPs 8116G e 16187T o indivíduo pode ser da derivação D1g.

De acordo com as mutações podem ser observadas derivações locais e globais. Mais uma vez é necessário pontuar que nem sempre as amostras

apresentarão todos os SNPs por conta de estarem degradadas pelo processo de decomposição dos tecidos orgânicos dos indivíduos, este é o motivo que o Haplogrep 3 quantifica a qualidade das amostras de acordo com a presença de SNPs chave.

Figura 15 - Ramificações do Haplogrupo DNAmt D. Em azul estão os haplogrupos presentes nas amostras americanas antigas, sobre as setas pretas estão os SNPs chaves para identificar o haplogrupo.



Fonte: autoria própria (2025).

Como observado na figura 15, temos os haplogrupos D4, que pode ser encontrado na China, Coreia, Japão, Tailândia, USA, Rússia, Geórgia, Iraque, Turquia, Grécia (van Oven; Kayser, 2009; He *et al*., 2023), Argentina e Chile. Todos os demais haplogrupos são derivações de D4,

Podemos observar na faixa do meio D2a, D2a1 e D2a1a, que podem ser encontrados da região entre o Alaska e o Canadá (van Oven; Kayser, 2009). As amostras que foram designadas a estes haplogrupos são todas da região do Alaska.

Abaixo de D4 vemos as derivações D1, que é encontrado nas Américas e D1g que é referente ao Cone Sul da América do Sul (van Oven; Kayser, 2009), nas amostras trabalhadas podemos encontrar o haplogrupo D1 em Belize, Brasil, Canadá, EUA e Peru. Enquanto D1g foi encontrado na região do Cone Sul, mais especificamente na Argentina e no Chile.

O haplogrupo D4h possui outras 6 derivações que foram encontradas nas amostras, começando por D4h1a, que é encontrado entre populações da China e Coreia. Dh3a é observado na Tailândia[20], D4h3a1a2 no Chile, e a amostra trabalhada também é da área. D4h3a5 está presente em povos da Argentina, Chile e Peru. D4h3a7 aparece em povos antigos do Canadá, e a amostra referente a este grupo também é da localidade. Outra amostra fora desta sequência é D4j1a2, que foi constatada a presença entre povos do Tibet e no Ladaque, no extremo norte da Índia (van Oven; Kayser, 2009). Nas amostras os haplogrupos D4h1a foi observado no Brasil; Dh3a em povos de Belize e EUA; D4h3a5 foi encontrado no Brasil e sua derivação D4h3a5* no Chile e; D4j1a2 foi encontrado também em uma amostra dos EUA.

5.1.5 HAPLOGRUPO DNAmt H

Um total de 7 indivíduos (tabela 14) do haplogrupo mitocondrial H foram encontrados no Canadá e EUA, com 4 e 3 amostras, respectivamente. A amostra mais antiga está datada entre 1.890-1.410 anos AP, enquanto a mais recente está entre 695-656 anos AP, ambas do Canadá. Todas as amostras dos EUA não possuem datações. As amostras CK-03, com qualidade de 59,2% e 406 com 56,4%, são as únicas amostras que contam com qualidade inferior a 65%.

[20] Derenko *et al*., 2010.

Tabela 14 - Indivíduos antigos do haplogrupo mitocondrial H.

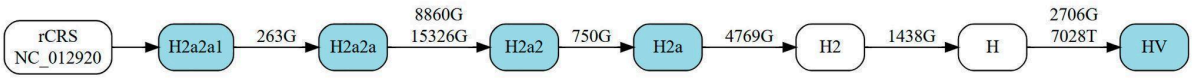
Indivíduo	Haplogrupo	Qualidade (%)	País	Datação (anos AP)	Referência
311	H2a2	67,3	Canadá	1.670-1.280	Lindo et al., 2016
406	HV	56,43	Canadá	N/A	Lindo et al., 2016
507	H2a2a	67,45	Canadá	1.890-1.410	Lindo et al., 2016
CK-03	H2a2a	59,19	Canadá	695-656	Scheib et al., 2018
PS-12	H2a	74,29	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
PS-13	H2a2a	70,6	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
PS-30	H2a2	67,3	EUA	N/A	Scheib et al., 2018

Fonte: autoria própria (2025).

O local de origem do haplogrupo mitocondrial H é creditado como sendo o Sudoeste Asiático, próximo do que seria a atual Síria, entre 20.000 e 25.000 anos AP, sendo uma derivação direta do HV (Achilli *et al*., 2004), que teria se originado no Leste Asiático, pelo Oriente Próximo ou Cáucaso, com datações anteriores a 24.000 anos AP (Malyarchuk *et al*., 2008). A distribuição de HV está principalmente no Sudoeste Asiático, Ásia Central, Europa Meridional, Europa Oriental e porção Norte da África (Kujanova *et al*., 2009). Já o H é predominantemente encontrado na Europa, teria migrado em direção ao Oriente Próximo e Cáucaso do Sul, migrações posteriores para Ibéria sugerem que este haplogrupo tenha chegado na Europa antes do Último Máximo Glacial, além de partes da África, Sibéria e Ásia Interior. A composição atual das linhagens matrilineares da Europa derivadas de H são cerca de 40% (Achilli *et al*., 2004).

Na tabela (14) acima é possível observar um total de 5 haplogrupos que foram classificados de acordo com os SNPs restantes pelo Haplogrep 3, sendo um do ancestral HV e 3 derivados de H: H2a, H2a2, H2a2a. A figura 16 abaixo mostra os processos de ramificação do haplogrupo ancestral aos derivados, em contraponto às outras imagens de derivações dos haplogrupos, esta segue a ordem contrária, sendo a derivação H2a2a1 o ponto inicial e seguimento para o HV que é o ancestral.

Figura 16 - Ramificações do Haplogrupo DNAmt H. Em azul estão os haplogrupos presentes nas amostras americanas antigas, sobre as setas pretas estão os SNPs chaves para identificar o haplogrupo.



Fonte: autoria própria (2025).

O motivo no qual esta ramificação pode parecer estranho quando se comparado com as outras imagens se dá ao fato da ordem em que a classificação é realizada, visto que o rCRS (revised Cambridge Reference Sequence) na sua versão NC_012920[21] é o genoma de referência utilizado pelo Haplogrep 3, o genoma de referência é do haplogrupo mitocondrial H2a2a1. Compilado por um grupo liderado pelo pesquisador Frederick Sanger, vencedor do Nobel de Química por duas vezes, na Universidade de Cambridge. Nos anos 1970 o genoma mitocondrial de uma pessoa do sexo biológico femino descendente de europeus foi sequenciado, gerando um resultado que contém 16.569 pares de base, sua publicação aconteceu em 1981, foi revisado e corrigido em 1999, a partir de uma publicação de Andrews *et al*., 1999 (Anderson *et al*., 1981; Behar *et al*., 2012; Aulicino, 2013).

É bastante inesperado encontrar indivíduos destes haplogrupos nas Américas, embora possa ser encontrado em populações atuais derivações do haplogrupo HV (especificamente HV0* nos EUA) e H2a (van Oven; Kayser, 2009; Rishishwar; Jordan, 2017), não foram encontradas amostras antigas destes em populações Americanas, além das vistas na tabela 14. A presença do haplogrupo H em populações pós-contato pode estar vinculada pelas ondas migratórias durante os períodos das grandes navegações, onde indivíduos com este haplogrupo passaram a habitar o continente. Entretanto, sua presença anterior no continente, como pode observado nas amostras vindas do Canadá que possuem datações, pode indicar que teriam vindo de um outro fluxo migratório anterior. Sendo possível imaginar uma rota anterior do mesmo sentido, da Europa para América do Norte, via parte Norte do Oceano Atlântico.

4.1.6 OUTROS HAPLOGRUPOS DNAmt

[21]National Center for Biotechnology Information. Disponível em: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_012920.1 Acesso em 20 Jan. 2025.

Além dos haplogrupos mitocondriais anteriores foram encontrados outros 6 haplogrupos (tabela 15) com baixa frequência se comparado com os demais. São eles: L4, M, M46, N, N13, R, U4c1a e X2a. As amostras são referentes a 4 países: Argentina, Canadá, EUA e México. Apenas 3 amostras contam com datações, sendo uma da Argentina e duas dos EUA, a mais antiga está entre 8.400-8.690 anos AP e a mais recente está entre 316-288 anos AP, ambas são dos EUA. A qualidade das amostras SN-45, CK-07, SN-31 e LU-04 estão todas muito próximas do 55%, sendo que o Haplogrep 3 refere-se a 50% quando não é possível encontrar um haplogrupo de acordo com os SNPs restantes, embora tenham SNPs eles não são suficientes para designar com confiança, desta forma a presença destes haplogrupos nas Américas será desconsiderada nesta pesquisa.

Tabela 15 - Indivíduos de outros haplogrupos mitocondriais.

Indivíduo	Haplogrupo	Qualidade (%)	País	Datação	Referência
I8348	R	83,7	Argentina	6.960-6.790	Posth et al., 2018
CK-07	M46	55,44	Canadá	N/A	Scheib et al., 2018
LU-04	N13	54,71	Canadá	N/A	Scheib et al., 2018
Kennewick	X2a	77,91	EUA	8.400-8.690	Rasmussen et al., 2015
PS-34	R	74,61	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
SN-31	N	56,92	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
SN-45	L4	56,29	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
US-14	U4c1a	71,06	EUA	316-288	Scheib et al., 2018
BC25	M	76,44	México	N/A	Raghavan et al., 2015

Fonte: autoria própria (2025).

Dentre estas amostras o haplogrupo mitocondrial que seria esperado seria o X2a, que é um dos haplogrupos 5 principais entre povos nativos americanos, juntamente com derivações de A, B, C e D (Jablonski, 2002; Achilli *et al*., 2008). A origem do haplogrupo X possivelmente foi entre 45.000 e 20.000 anos AP, vindo da área leste do Mar Mediterrâneo (Soares *et al*., 2009; Havaš Auguštin *et al*., 2023). A derivação para os grupos X1 e X2 aconteceu por entre 30.000 e 20.000 anos AP, ocorrendo em populações que podem ter migrado da Sibéria, juntamente com os demais 4 haplogrupos mitocondriais comumente encontrados nas Américas (Raff; Bolnick, 2015). O indivíduo denominado de Kennewick, viveu durante o Holoceno inicial (entre 8.400 e 8.690 anos AP), no que hoje é o estado de Washington

(Rasmussen *et al*., 2015), foi o único utilizado nesta pesquisa que seria referente a este haplogrupo. A presença deste genoma é esperada de ser encontrada nos EUA.

Partindo para os haplogrupos mitocondriais que eram inesperados de serem encontrados em indivíduos americanos, com uma boa qualidade na amostra, temos M, R e U4c1a. Por ordem alfabética temos o haplogrupo M, vindo da amostra sem datação denominada BC25, vinda do sítio Piedra Gorda, no México. O haplogrupo M tem sua origem entre 50.000 e 65.000 anos AP, possivelmente no Sudoeste Asiático, Sul da Ásia, Sudeste Asiático ou África Oriental (Rajkumar *et al*., 2005; Chandrasekar *et al*., 2009; Soares *et al*., 2012; Marrero *et al*., 2016; Vai *et al*., 2019). É um haplogrupo ancestral de duas linhagens americanas C e D, que também existem na região Norte da Eurásia (van Oven; Kayser, 2009). É uma grande incógnita o motivo deste haplogrupo ser encontrado na América do Norte, a falta de datação da amostra acaba sendo mais um empecilho para que haja alguma interpretação deste dado com maior fundamentação.

Juntamente com esta amostra temos os indivíduos I8348, vindo da Argentina entre 6.960 e 6.790 anos AP e PS-34, vindo dos EUA, sem datação absoluta. Ambos são pertencentes ao Haplogrupo mitocondrial R. O surgimento deste haplogrupo foi entre 70.000 e 50.000 anos AP, no Sudoeste Asiático (Soares *et al*., 2009; Larruga, 2017), sendo associado com o curso de migração costeira do Leste Africano para Oeste, Sul e Sudeste asiático (Karmin, 2005), foi observado que no sul da Índia há uma maior diversidade quando se comparado com outras regiões, o que sugere que seria um haplogrupo nativo do local (Maji; Krithika; Vasul, 2008), a presença do derivado R* foi encontrada na Sibéria, no fóssil do Ust'-Ishim man, com datação de 45.000 anos AP (Marrero *et al*., 2016; Larruga; *et al*., 2017). Durante as pesquisas de Leal (2021) foi evidenciado a presença do indivíduo argentino I8348, que novamente apareceu aqui junto com o indivíduo estadunidense PS-34. A presença do haplogrupo aumenta em números o que fornece uma maior fundamentação sobre sua presença nas Américas, mas ainda permanece baixa para ser possível fazer quaisquer correlações diretas.

Por fim temos o indivíduo US-14, vinda dos EUA, entre 316-288 anos AP. O haplogrupo mitocondrial ao qual foi designado é o U4c1a. A origem do haplogrupo mitocondrial U é por volta de 46,500 ± 3,300 anos AP, provavelmente no Leste Asiático, sendo uma derivação do ancestral R (van Oven; Kayser, 2009; Behar *et al*., 2012; Hervella *et al*., 2016). A derivação U4c1, encontrada no indivíduo, pode ser

observada também em um indivíduo Ibero-Maurisiano denominado de “TafXIXa” com datação entre 23.000 e 10.800 anos AP, no sítio pré-histórico Taforalt (Secher *et al*., 2014; Kefi *et al*., 2018). A presença deste indivíduo nas américas em datações tão recentes pode refletir o fluxo migratório que ocorreu durante o período das grandes navegações, entretanto seria necessário investigar mais a fundo sobre carga genética do indivíduo para levantar hipóteses sobre como este haplogrupo mitocondrial foi encontrado nos EUA.

O mesmo pode ser considerado com os demais indivíduos abordados neste tópico, é necessário encontrar outros indivíduos para elaborar possíveis rotas migratórias e fazer uma investigação mais a fundo para compreender o processo de migração destes haplogrupos para as Américas. Uma análise dos 22 cromossomos dos indivíduos pode elucidar sobre as questões levantadas, visto que apenas os indivíduos Kennewick e I8348 possuem o cromossomo Y como uma outra fonte de informações sobre as linhagens paternas.

5.2 HAPLOGRUPOS DNAy

No capítulo 1 podemos observar que a presença esperada de haplogrupos do cromossomo Y nas Américas está atrelada às seguintes linhagens: C[22], K, P, Q, e R, mais precisamente as suas derivações: C2, K2*, P1, Q1a3a, Q1a3a1 e R1b. A presença destes haplogrupos em regiões próximas a Beríngia, juntamente com a presença de haplogrupos derivados destes (YFull, 2024) pode apontar uma concordância com as teorias atuais de migração por meio da travessia da ponte de gelo que conectava os continentes Americano e Asiático.

Em partes o que é tido como padrão foi observado na presente pesquisa, podemos encontrar os haplogrupos C, Q, e R, juntamente com suas derivações. Entretanto, junto com estes haplogrupos podemos também observar a presença de outros (e seus derivados) que não eram esperados para os continentes, são eles: CT, E, I, J, N e A0000. Este último é um haplogrupo referente a outra espécie humana, os denisovanos. Mais uma vez é necessário fazer a pontuação que nem todos os indivíduos possuem o cromossomo Y, logo isto afetará a quantidade de indivíduos se comparado com os haplogrupos mitocondriais. Todas as amostras

[22] 崎谷満 (2009) - Tradução livre da publicação em japonês da Sakiyatani Mitsuru pela Bensei Publishing em 2009.

foram analisadas a partir do software Y-Lineage Tracker e as que continham as informações genéticas do cromossomo Y, serão dispostas em tabelas no decorrer das próximas páginas. A classificação do software leva em conta os STRs dos indivíduos, que pode resultar em resultados diferentes das fontes originais, essa discrepância também pode ser ocasionada para além do funcionamento da ferramenta e indicar uma contaminação na informação que foi lida e classificada, justificando assim a diferença na classificação, na Tabela Suplementar S2 as informações de classificação pelo Y-Lineage Tracker podem ser observadas, enquanto na S3 as informações originais de classificação em paralelo com as desta pesquisa estão expostas.

5.2.1 HAPLOGRUPO DNAy C

Foram designadas um total de 4 amostras para este haplogrupo de DNAy (tabela 16), sendo 1 vinda do Brasil e 3 do Canadá. Apenas uma de cada país possui datação, sendo a mais antiga vinda do Brasil, com datação entre 10.160-9.600 anos AP e a mais recente vinda do Canadá entre 1.890-1.410 anos AP.

Tabela 16 - Indivíduos do haplogrupo de DNAy C.

Indivíduo	Haplogrupo	País	Datação (anos AP)	Referência
507	C2a	Canadá	1.890-1.410	Lindo et al., 2016
516	C2a	Canadá	N/A	Lindo et al., 2016
532	C2a	Canadá	N/A	Lindo et al., 2016
CP19	C	Brasil	10.160-9.600	Posth et al., 2018

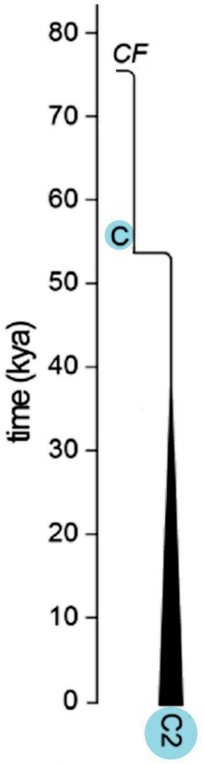
Fonte: autoria própria (2025).

O haplogrupo C tem sua possível origem no Sudoeste Asiático, há cerca de 53.000 anos AP, durante as migrações para fora da África. Derivando-se do haplogrupo CF, paralelamente com o F (fig. 17). Sua presença pode ser observada em muitos povos indígenas do Leste Asiático, Ásia Central, Sibéria, América do Norte e Austrália, assim como populações europeias, do Levante e, posteriormente, do Japão. Sua definição é realizada pela presença dos SNPs M130/RPS4Y771, P184, P255 e P260 (Mitsuru, 2009[23]; Zhong *et al*., 2010). O outro haplogrupo

[23] 崎谷満 (2009) - Tradução livre da publicação em japonês da Sakiyatani Mitsuru pela Bensei Publishing em 2009.

encontrado C2a, é uma derivação de C, que contém os SNPs L1373 e F1396 como característicos. Pode ser encontrado em populações desde a Ásia Central através do Norte Asiático até às Américas, sendo encontrado raramente em populações vizinhas, como na Europa e Leste Asiático. Na América do Sul pode ser encontrado em populações viventes, também pode ser observado em indivíduos arqueológicos assim como acontece em sítios na Sibéria (YFull, 2024).

Figura 17 - Ramificações do Haplogrupo DNAy C. Em azul estão os haplogrupos presentes nas amostras americanas antigas, do lado esquerdo está a cronologia que surgiu (a cada mil anos (kya)).



Fonte: Adaptado de Hallast *et al.* (2020).

Podemos observar que C e derivações (como C2a) são haplogrupos já esperados de serem encontrados nas Américas, a presença de C base é estimada entre 6.000 e 8.000 anos AP, sendo levada pelos falantes das línguas Na-Dene através do noroeste da costa do Pacífico da América do Norte (Mitsuru, 2009[24]).

Entretanto o C base pode ser encontrado na América do Sul com datações bem anteriores entre 10.160-9.600 anos AP, podem indicar uma possível migração

[24] 崎谷満 (2009) - Tradução livre da publicação em japonês da Sakiyatani Mitsuru pela Bensei Publishing em 2009.

anterior ou por outros caminhos, que não a Beríngia. É difícil compor ideias com uma quantidade baixa de amostras, sendo necessário aguardar novos dados surgirem para haver uma correlação. Embora seja um haplogrupo presente nas Américas, sua presença nesta pesquisa foi diminuta se comparado com outros haplogrupos esperados.

C2a é uma das duas divisões primárias do haplogrupo C2-217, sendo esta chamada de “ramificação do norte”, justamente pelo rumo em que esta derivação se originou nos processos migratórios (Mao *et al*., 2021). Dos indivíduos C2a apenas 1 possui datação entre 1.890 e 1.410 anos AP, mas todos compartilham o mesmo espaço geográfico, vindo do sítio GbTo-36, o que torna forte a sugestão de serem fizeram parte da mesma linhagem vinda de um ou mais indivíduos com as mesmas informações do cromossomo Y.

5.2.2 HAPLOGRUPO DNAy Q

Após uma sequência de haplogrupos que não são encontrados no continente americano, temos o haplogrupo do DNAy Q, que é um dos característicos de serem encontrados em populações americanas. Tal quantidade se reflete nos números absolutos entre as amostras, sendo um total de 47 ao longo dos 3 continentes e de 9 países (tabela 17). Sendo estes: Argentina (com 4), Belize (3), Brasil (3), Canadá (3), Chile (8), EUA (19), México (1) e Peru (7). A amostra mais antiga data entre 12.722-12.590 anos AP e a mais recente entre 560-230 anos AP, ambas são dos EUA.

Tabela 17- Indivíduos do haplogrupo de DNAy Q.

Indivíduo	Haplogrupo	País	Datação (anos AP)	Referência
Aconcagua	Q1b1a1a	Argentina	500	Moreno-Mayar et al., 2018a
I0308	Q	Argentina	7.570-7.300	Posth et al., 2018
I2232	Q1a2**	Argentina	8.520-8.200	Posth et al., 2018
I7090	Q1b	Argentina	7.330-6.950	Posth et al., 2018
I8350	Q	Argentina	6.800	Posth et al., 2018
I5456	Q	Belize	7.440-7.310	Posth et al., 2018
I5457	Q	Belize	7.460-7.320	Posth et al., 2018
Brazil-2	Q1b1a1a1p	Brasil	981±23	Santos et al, 2022

CP18	Q1b1	Brasil	9.550-9.470	Posth et al., 2018
LAR001	Q1a2a**	Brasil	6.660-6.450	Posth et al., 2018
Sumidouro4	Q1	Brasil	>10.000	Moreno-Mayar et al., 2018a
Sumidouro5	Q1b1a1a**	Brasil	>10.000	Moreno-Mayar et al., 2018a
468	Q1b1	Canadá	1.500-1.130	Lindo et al., 2016
470	Q	Canadá	1.180-800	Lindo et al., 2016
I10427	Q1a1**	Canadá	1.900-1.610	Flegontov et al., 2019
RM-85	Q	Canadá	550-450	Scheib et al., 2018
890	Q1b	Chile	N/A	Raghavan et al., 2015
A460	Q1b1a1a1	Chile	4.500	Moreno-Mayar et al., 2018a
I11974	Q1b1a1a	Chile	11.140-10.730	Posth et al., 2018
I1753	Q1b1a1a	Chile	5.310-4.870	Posth et al., 2018
I1754	Q1b1a2a~	Chile	910-740	Posth et al., 2018
I2537	Q	Chile	720-570	Posth et al., 2018
MA577	Q1b1a1a	Chile	N/A	Raghavan et al., 2015
Nr74	Q	Chile	N/A	Raghavan et al., 2015
523a	Q1b1a1a	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
AHUR_2064	Q1b1a1a1	EUA	10.000	Moreno-Mayar et al., 2018a
Anzick-1	Q1b1a2a1b	EUA	12.722-12.590	Rasmussen et al., 2014a
CT-01	Q1b1a1a1	EUA	425-349	Scheib et al., 2018
I0719	Q1b1b~	EUA	700-310	Flegontov et al., 2019
I1123	Q1a**	EUA	500-130	Flegontov et al., 2019
I1124	Q1a2a**	EUA	470--10	Flegontov et al., 2019
I1129	Q1b	EUA	560-230	Flegontov et al., 2019
I5319	Q1b1a1a2b2~	EUA	900-550	Flegontov et al., 2019
I5320	Q1b1a1a2b2~	EUA	N/A	Flegontov et al., 2019
Lovelock4	Q1b1	EUA	1.800	Moreno-Mayar et al., 2018a
NC	Q2a1a2b	EUA	1.390-1.300	Scheib et al., 2018
PS-03	Q1a**	EUA	1.521-1.413	Scheib et al., 2018
PS-06	Q1b1a1a1	EUA	1.522-1.414	Scheib et al., 2018
PS-09	Q1a**	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
SC-06	Q1a**	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
SM-01	Q1b1	EUA	666-616	Scheib et al., 2018
SN-11	Q1b1a1a2b2~	EUA	714-517	Scheib et al., 2018
SN-17	Q1b1a1a1	EUA	4.774-4.342	Scheib et al., 2018
SN-20	Q1a**	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
SN-32	Q	EUA	4.561-4.156	Scheib et al., 2018

SN-38	Q1a**	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
SN-44	Q1b1a1a1	EUA	4.819-4.450	Scheib et al., 2018
SN-54	Q	EUA	3.960±70	Scheib et al., 2018
SN-55	Q2a1a2b	EUA	4.410±100	Scheib et al., 2018
SN-58	Q1	EUA	4.410±100	Scheib et al., 2018
SN-59	Q1**	EUA	4.430±30	Scheib et al., 2018
Saqqaq	Q1a**	Groenlândia	4.170-3.600	Rasmussen et al., 2010
B-03	Q1b1a1a1	México	N/A	Scheib et al., 2018
I0038	Q1b1a2	Peru	8.730-8.520	Posth et al., 2018
I0040	Q1b1a1a	Peru	5.940-5.740	Posth et al., 2018
I0237	Q	Peru	920-800	Posth et al., 2018
I0238	Q1a**	Peru	8.560	Posth et al., 2018
I1357	Q1b1a1a1h1	Peru	880	Posth et al., 2018
I1484	Q1b1a1a1	Peru	900-730	Posth et al., 2018
I1485	Q1b1a1a1	Peru	1.160-960	Posth et al., 2018
I2261	Q1b1a1a1	Peru	4.230-3.980	Posth et al., 2018

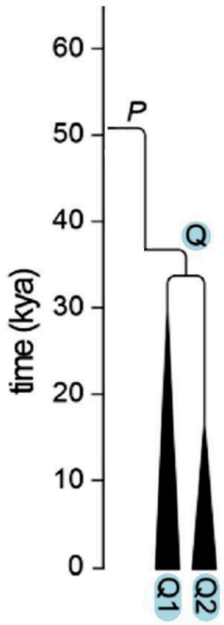
Fonte: autoria própria (2025).

**Haplogrupos obtidos através da pesquisa de referência.

A origem da linhagem diverge entre os pesquisadores, mas o mais aceito é que tenha surgido em algum lugar entre a Ásia Central ou a parte Central-Sul da Sibéria, entre 17.200 e 31.700 anos AP, sendo seu ancestral o haplogrupo P e seus derivados Q1 e Q2 (fig. 20) (Zegura *et al*., 2004; Sharma *et al*., 2007; Fagundes *et al*., 2008; ISOGG, 2019; YFull, 2024). A mutação que o define é M242, enquanto dos seus derivados Q1 e Q2 é F1096 e L275, respectivamente (ISOGG, 2019). Destes são derivados parte das amostras, o total de haplogrupos encontrados foram 14, na sequência dos haplogrupos serão expostas as mutações que foram encontradas nas amostras, sendo elas: Q, com a presença dos SNPs FGC1754/Y1987, FGC1751, F826/M1064, F1829/M992/V2569/Z801, F1728/M1092 e M1074; Q1 com CTS6354/M1126 e F1426/M1083; Q1b, com L56/S324, L56/S324 e CTS2656/L892/M1098; Q1b1, com L476, L475 e L213/SA23; Q1b1a1a, com FGC8414, CTS4564/M861, M836, CTS11663 e CTS7799/M884; Q1b1a1a1, com M907/Y775 e CTS2610/M848; Q1b1a1a1h1, com Z19513; Q1b1a1a1p, com YP4141.2/Z35499.2; Q1b1a1a2b2~, com FGC8471/Y4277, FGC8418/Y4284 e FGC8442/Y4312; Q1b1a2, com M944; Q1b1a2a~, com Z19278; Q1b1a2a1b, com Z789; Q1b1b~, com YP4010 e; Q2a1a2b, com YP1226. Dentre os haplogrupos

temos alguns com o símbolo “~”, que marcam linhagens que ainda não possuem uma caracterização concreta, sendo que a última letra ou número seria a adição com o haplogrupo mais próximo, por exemplo o Q1b1a2a~, que é uma derivação ainda não confirmada de Q1b1a2, podendo ser derivações locais ou globais.

Figura 20 - Ramificações do Haplogrupo DNAy Q. Em azul estão os haplogrupos presentes nas amostras americanas antigas, do lado esquerdo está a cronologia que surgiu (a cada mil anos (kya)).



Fonte: Adaptado de Hallast *et al.* (2020).

A presença de Q é predominante em populações do sexo biológico masculino no período pré-contato nas Américas. A maioria dos indivíduos dessa linhagem descendem de povos que migraram da Ásia através da Beríngia. Pode ser observado em falantes das línguas Na-Dene, povos Navajo e Apache (Zegura *et al*., 2004; Malhi *et al*., 2008). É estimado que ocupe cerca de 3.1% da população atual dos EUA, sendo cerca de 68% dos nativos americanos e 11.7% de Hispânicos (Hammer *et al*., 2006b). Na América Central e do Sul este haplogrupo pode ser achado em cerca de 94% dos povos indígenas (Bortolini *et al*., 2003). Sendo possível de ser encontrado na Argentina, Bolívia, Brasil, Guatemala, Chile, Colômbia, Costa Rica, El Salvador, Equador, México, Nicarágua, Peru, Panamá e etc (Villalta *et al*., 2008; Ramallo *et al*., 2009; Lovo-Gómez *et al*., 2009; Corach *et al*., 2010; Rojas *et al*., 2010; Núñes *et al*., 2012; Palha *et al*., 2012; Battaglia *et al*., 2013;

Gaviria *et al*., 2013; Vullo *et al*., 2014; Grugni, 2015; Söchtig *et al*., 2015). Também pode ser encontrado em povos da Eurásia, com maior frequência próximo as região de Altai, na Sibéria (Zegura *et al.,* 2004).

Algo que parece fugir do padrão sobre a presença em indivíduos Americanos é quando vemos a presença do haplogrupo Q1b em indivíduos Ingleses, Suecos e Franceses, como também acontece com Q1b1b~, que pode ser encontrado entre Russos e Poloneses e com Q2a1a2b, que seu ancestral Q2a1a2 pode ser encontrado no Marrocos, Jordânia, Iraque, Turquia, Suíça, Rússia, China e Índia (ISOGG, 2019). A presença dessas linhagens não indicam necessariamente que sua chegada nas Américas se deu por outra rota, mas que é necessário direcionar o olhar e fazer uma análise em separado para ter uma melhor compreensão desses processos.

Em pesquisas anteriores, as amostras Anzick-1 e Kennewick Man, vindas dos EUA foram classificadas como pertencentes ao haplogrupo DNAy Q1a2 (Rasmussen *et al*., 2014; Raff; Bolnick, 2014; Rasmussen *et al*., 2015), algo semelhante que ocorreu com a amostra da Groenlândia Saqqaq, que foi classificada como Q1a (YFull, 2024). A ferramenta Y-Lineage Tracker, utilizada nesta pesquisa, com base nos dados do ISOGG (2019), classificou apenas a amostra Anzick-1 de com proximidade aos dados prévios, entretanto em um haplogrupo irmão de Q1a2, que seria o Q1b1a2a1b. A amostra Kennewick Man foi classificada em um haplogrupo completamente diferente, sendo I1a2a1a1d1a1a1b1~, enquanto Saqqaq não apresentou informações suficientes para ser classificado, embora na publicação original ele seja classificado como Q1a. Novas pesquisas surgem sempre para revisitar dados antigos com novas ferramentas, o mesmo acontece na classificação das mutações dos indivíduos que podem ser reclassificadas em outras linhagens no decorrer das pesquisas, como pode ser observado no próprio site da ISOGG (2019), que faz ajustes constantes nas classificações dos haplogrupos.

A presença significativa deste haplogrupo nas Américas era esperada, visto que é um dos principais em indivíduos nativos. Tamanha quantidade de dados abre um leque de possibilidades sobre rotas de migração de uma forma que auxilie a compreensão destes processos no interior do continente. Sua presença em Belize, na América Central, pode ser encontrada em 2 das 3 amostras belizenses. É claro que esses dados são extremamente importantes, mas são muito escassos, contendo a informação apenas de duas linhagens, a terceira amostra pertence ao

haplogrupo R, abordado abaixo. As pesquisas na América Central possuem pouquíssimos indivíduos com genoma completo publicados, o que deixa essa lacuna quase literal na espacialidade das rotas migratórias.

5.2.3 HAPLOGRUPO DNAy R

Outro haplogrupo DNAy que pode ser encontrado entre indivíduos nativos é o R, contendo a segunda maior quantidade de indivíduos entre as amostras, sendo um total de 13 (tabela 18), nos seguintes países: Argentina (com 2), Brasil (3), Chile (1), EUA (3), México (1) e Peru (3). A datação mais antiga está entre 9.680-9.530 anos AP, vinda do Brasil, e a mais recente entre 650-540 anos AP, vinda do Chile.

Tabela 18 - Indivíduos do haplogrupo de DNAy R.

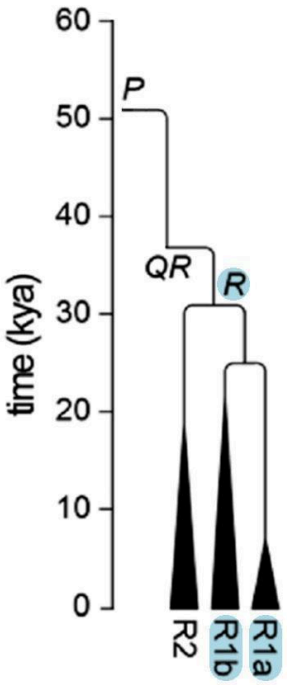
Indivíduo	Haplogrupo	País	Datação (anos AP)	Referência
I0309	R1b1a1b1a1a2b1e~	Argentina	7.800-7.500	Posth et al., 2018
I2230	R1b1a1b1a1a2b1e~	Argentina	8.960-8.380	Posth et al., 2018
CP21	R1b1a1b1a1a2b1e~	Brasil	9.410-9.090	Posth et al., 2018
CP25	R1b1a1b1a1a2b1e~	Brasil	9.680-9.530	Posth et al., 2018
LAR002	R1b1a1b1a1a2b1e~	Brasil	6.900-6.680	Posth et al., 2018
I1752	R1b1a1b1a1a2b1e~	Chile	650-540	Posth et al., 2018
I1125	R1b1a1b1a1a2b1e~	EUA	710-440	Flegontov et al., 2019
ShukaKaa	R	EUA	~10.300	Lindo et al., 2017
SN-25	R	EUA	3.868-3.514	Scheib et al., 2018
MX-01	R1b1a1b	México	N/A	Scheib et al., 2018
CP8	R1b1a1b1a	Peru	4.290-4.080	Posth et al., 2018
CUN008	R1b1a1b1a1a	Peru	3.370-3.180	Posth et al., 2018
I0039	R1a1a1b1a1a1c1f~	Peru	8.580-8.420	Posth et al., 2018

Fonte: autoria própria (2025).

O possível local de origem do haplogrupo do DNAy R é atribuída ao Norte da Ásia ou Subcontinente Indiano, durante o Paleolítico Superior, por volta de 27.000 anos AP. O marcador genético característico é a mutação M207 (Raghavan *et al*., 2014; Mahal; Matsoukas, 2018; ISOGG, 2019; Driem, 2021). O ancestral de R é P1, que também pode ser encontrado como P-M45 e K2b2a. Seus derivados são R1, com marcador M420 e R2 (fig. 21), com FGC21706, suspeita-se que suas

derivações tenham surgido na Sibéria, Ásia Central, Sul da Ásia ou Sudoeste Asiático, por volta de 27.000 anos AP, assim como o R base (Wells *et al*., 2001; Kivisild *et al*., 2003; Soares *et al*., 2010; ISOGG, 2019). Essa proximidade cronológica e a raridade de R base e R1 podem indicar uma rápida expansão geográfica e numérica de derivações de R1. Essas expansões são chamadas por Karafet e colaboradores (2008) como “star-like expansions”, o que pode ser interpretado como expansões radiantes no sentido dos raios que são emitidos da estrela são ramos novos gerados dessa derivação. Que é algo que reflete totalmente no número de linhagens derivadas nas amostras, sendo um total de 6, variando a sua cronologia e espacialidade. Estas linhagens e suas mutações características que os fizeram ser designados ao haplogrupo são: R, com as mutações F370/M708/Y479; F652/M805, F33/M603/PF6013 e M764/PF5953; R1a1a1b1a1a1c1f~, com FGC66342; R1b1a1b, com L150.1/PF6274.1/S351.1, PF6441 e L777/YSC0000248; R1b1a1b1a, com L51/M412/PF6536/S167; R1b1a1b1a1a, com L151/PF6542 e ; R1b1a1b1a1a2b1e~, com F1237.2/M1077.2/V2083.2. Os haplogrupos que possuem “~” no final são uma aproximação que ainda não foi confirmada pelos pesquisadores como uma derivação, R1a1a1b1a1a1c1f~ é uma aproximação de R1a1a1b1a1a1c1, o mesmo se aplica com os demais.

Figura 21 - Ramificações do Haplogrupo DNAy R. Em azul estão os haplogrupos presentes nas amostras americanas antigas, do lado esquerdo está a cronologia que surgiu (a cada mil anos (kya)).



Fonte: Adaptado de Hallast *et al.* (2020).

Derivados de R são podem ser observados desde a pré-história no Sul da Ásia, Ásia Central e Europa, sendo encontrados em baixa frequência também em indivíduos do Leste Asiático e África. Pesquisadores sugerem que a presença de R base também pode ser encontrada entre nativos americanos da América do Norte, embora essa teoria não seja amplamente aceita (Zhao *et al*., 2009). O mesmo ocorre com a presença de R1 base, embora não haja confirmações entre indivíduos arqueológicos ou viventes (Karafet *et al*., 2008). Nesta pesquisa foram encontrados 2 indivíduos do haplogrupo R na América do Norte, mais precisamente nos EUA, sendo algo que corrobora com a ideia da presença de R base no continente. O único exemplar arqueológico que é amplamente aceito como R base data de 24.000 anos AP, sendo denominado como *M41*, foi encontrado próximo ao Lago Baikal, na Sibéria e é pertencente à cultura Mal'ta (Raghavan *et al*., 2014). Em populações vivas foi encontrado no povo Kyrgyz, no leste do Quirguistão (Di Cristofaro *et al*., 2013).

A derivação R1 é controversa quanto à sua origem nas Américas. Atualmente é a mais comum, juntamente com o haplogrupo Q, em indígenas americanos. Algumas linhagens norte-americanas apresentam uma enorme similaridade com linhagens siberianas, o que pode sugerir uma migração vinda da

Ásia através da Beríngia (Lell *et al*., 2002; Raghavan *et al*., 2013). A grande questão recai sobre a derivação R1b, em que estudos iniciais indicavam que este poderia ser um dos grupos fundadores vindos da Beríngia. Visto que por vezes é igual a linhagem é idêntica às encontradas no Oeste Europeu e em povos do extremo Leste da América do Norte (Bolnick; Bolnick; Smith, 2006). Entretanto, vários pesquisadores afirmam que a presença de R1b teria acontecido após o contato dos europeus com povos americanos de 1492 da era comum em diante (Bolnick, 2005; Malhi *et al*., 2008; Raff, 2022). Os dados desta pesquisa entram em discordância com a segunda afirmação, em que R1b teria se espalhado no continente americano num período pós-contato, visto que a presença de uma linhagem derivada pode ser encontrada em datações próximas aos 10.000 anos AP nas Américas Central e do Sul.

Essa classificação também vai de contraponto com as referências das amostras, na qual classificam alguns dos indivíduos como sendo pertencentes de derivados da linhagem Q. Formas diferentes de classificação foram utilizadas nas amostras, mas todas elas foram realizadas por meio de PCR, o que pode ser a explicação de um resultado diferente do obtido nesta pesquisa. A classificação feita pelo Y-Lineage Tracker leva em consideração os SNPs e os STRs das amostras, mas a informação publicada pode conter traços de informações de outras linhagens que podem resultar nessa diferença de classificação. Mesmo com esses fatores é necessário observar que 13 amostras foram classificadas como do haplogrupo R, sendo preciso entender tais informações e estudá-las mais a profundo com a intenção de caracterizá-las de forma mais confiável.

5.2.4 DEMAIS HAPLOGRUPOS DNAy

Indivíduos aos quais foram classificados nos seus respectivos haplogrupos de maneira solitária foram agrupados neste tópico (tabela 19), sendo encontrados nos seguintes países: Brasil (1 indivíduo) e EUA (6). A datação mais antiga é superior a 10.000 anos AP, no Brasil, e a mais recente está entre 316-288 anos AP vinda dos EUA.

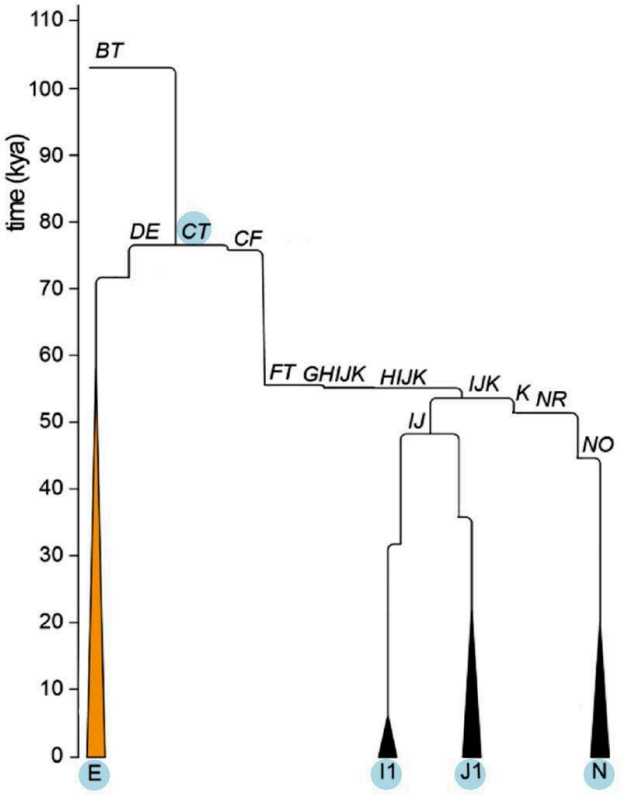
Tabela 19- Indivíduos dos demais haplogrupos de DNAy.

Indivíduo	Haplogrupo	País	Datação (anos AP)	Referência
I0721	CT**	EUA	2.300-1.840	Flegontov et al., 2019
SN-09	CT	EUA	N/A	Scheib et al., 2018
PS-07	E1b1a1a1a1c1a1a3a1d1b1b1a2~	EUA	1.522-1.423	Scheib et al., 2018
USR1	E1b1a1a1a1c1a1a3a1d1b1b1a2~	EUA	11.600-11.270	Moreno-Mayar et al., 2018b
US-14	I1a**	EUA	316-288	Scheib et al., 2018
Kennewick	I1a2a1a1d1a1a1b1~	EUA	8.400-8.690	Rasmussen et al., 2015
AHUR770c	J1a2a1a2d2b2b2c4d2a2a1c1~	EUA	10.000	Moreno-Mayar et al., 2018a
Sumidouro6	N1a1a1a1a1a1a1a4	Brasil	>10.000	Moreno-Mayar et al., 2018a

Fonte: autoria própria (2025).

Pela variedade de linhagens e ramificação que estas tomaram (fig. 22), é difícil fazer uma correlação entre as amostras e sugerir rotas migratórias que foram tomadas para as Américas juntamente com sua cronologia. Abaixo, cada uma será abordada individualmente.

Figura 22 - Ramificações do Haplogrupo DNAy restantes. Em azul estão os haplogrupos presentes nas amostras americanas antigas, do lado esquerdo está a cronologia que surgiu (a cada mil anos (kya)).



Fonte: Adaptado de Hallast *et al.* (2020).

Nenhum destes haplogrupos tem presença confirmada nas Américas (YFull, 2024). O haplogrupo CT, que possui datações que vão desde aproximadamente 70.000 anos AP até 101.000 anos AP, tendo como local de possível origem o continente africano, pesquisadores teorizam sobre o surgimento ter ocorrido na porção Nordeste do continente. Suas mutações que definem a linhagem são m168, P9.1 e M294 (Johnson, 2007; Underhill; Kivisild, 2007; Karafet *et al*., 2008; Kamin *et al*., 2015; Haber *et al*., 2019). A presença destes indivíduos em populações viventes não foi constatada (Karafet *et al*., 2008), assim como em populações antigas. A amostra SN-09 não possui datações para auxiliar a compreensão sobre a forma em que este haplogrupo adentrou na América do Norte. Mas de acordo com a Flegontov e colaboradores (2019), a amostra I0721 também faz parte deste haplogrupo, embora sua presença possa ser observada nos EUA entre 2.300-1.840 anos AP, ser a única amostra desta linhagem com uma datação dificulta a correlação com o indivíduo SN-09.

O haplogrupo E do DNAy possui apenas duas amostras, sendo a primeira denominada como PS-07, datada entre 1.522-1.423 anos AP. O seu local de origem é os EUA e foi selecionada da pesquisa de Scheib e colaboradores (2018), na qual é classificada como haplogrupo Q1a, mais precisamente a linhagem com o marcador genético B623. E a segunda, denominada de USR1, de origem estadunidense e datada entre 11.600-11.270 anos AP, vinda da pesquisa de Moreno-Mayar et al., 2018b. De acordo com o Y-Lineage Tracker, utilizado nesta pesquisa, as amostras foram classificadas como pertencente ao haplogrupo E1b1a1a1a1c1a1a3a1d1b1b1a2~. A presença de “~” indica uma aproximação com o haplogrupo atribuído (YFull, 2024), podendo caracterizar uma possível derivação que surgiu localmente, mas que ainda carece de confirmação para ser definido de fato como um haplogrupo derivado. De acordo com Scheib e colaboradores (2018).O local de origem atribuído para este haplogrupo ainda não é um consenso entre os pesquisadores, sendo discutido se foi na Eurásia, Leste ou Oeste Africano (Kohl *et al*., 2009; Haber *et al*., 2019; Cabrera *et al*., 2019). Assim como o local, a cronologia de sua origem também é incerta, sendo proposta desde 73.000 anos AP à 65.200 anos AP, sendo DE seu ancestral (fig. 18) (Haber *et al*., 2019; YFull, 2024). A linhagem E1b1a surgiu cerca de 39.200 anos AP, no Leste Africano ou África

Central (Trombetta *et al*., 2015; Shriner; Rotimi, 2018; YFull, 2024), podem ser encontrados em Camarões, Gabão, Tanzânia, Quênia, Nigéria, Arábia Saudita e Emirados Árabes Unidos (YFull, 2024). O haplogrupo das amostras foi a derivação E1b1a1a1a1c1a1a3a1d1b1b1a2~ que ainda precisa ser classificado com um haplogrupo derivado e não apenas uma aproximação, possivelmente pode vir a ser considerado como um haplogrupo local da Américas do Norte. A presença deste haplogrupo não está entre os esperados para o continente, o que poderia ser explicado facilmente em indivíduos pós-contato.

O haplogrupo I surgiu há aproximadamente 42.900 anos AP na Europa, derivando do seu ancestral IJ por volta de 43.000 anos AP, a sua mutação que define a linhagem é M170 (Rootsi *et al*., 2004; YFull, 2019). É um haplogrupo que representa praticamente 20% das linhagens do cromossomo Y da Europa e praticamente não existe fora do continente (ISOGG, 2019). A presença de I mais antiga foi encontrada no indivíduo denominado Krews WA3, na parte inferior da Áustria, entre 33.000 e 24.000 anos AP, juntamente com dois indivíduos de uma linhagem com derivação direta (Genetiker, 2016; Teschler-Nicola *et al*., 2020). Seus derivados I1 podem ser encontrados na Escandinávia, Islândia e nordeste da Europa e I2 podem ser observados na Armênia, Geórgia e Turquia. A presença de I1 está relacionada aos vikings ou ânglo-saxões (ISOGG, 2019). Sua presença nos EUA de acordo com a amostra US-14, datada entre 316-288 anos AP, pode ser resultado de fluxos migratórios durante o período das grandes navegações. A derivação encontrada na amostra Kennewick man, vinda dos EUA por volta de 8.400-8.690 anos AP, é classificado de acordo com Rasmussen e colaboradores (2015) como Q1b1a1a. Já nesta pesquisa, com a utilização do *software* Y-Lineage tracker o haplogrupo designado foi I1a2a1a1d1a1a1b1~. Este haplogrupo é uma aproximação de I1a2a1a1d1a1a1b, sinalizada por “~”. A linhagem mais próxima com dados sobre é a I1a2a1a1d1a1a1, que pode ser observada na Suécia e Finlândia na parte norte da Europa, que pode sugerir que esta linhagem tomou uma rota que ainda não possuímos evidências para teorizar de forma fundamentada.

Essa mudança na classificação pode ser resultado do uso de diferentes ferramentas. Enquanto a ferramenta da pesquisa em que foi originalmente publicado utilizava de classificações de forma direta sobre o material, com a utilização de técnicas de PCR, esta pesquisa utilizou dos dados já publicados e os classificou por meio do Y-Lineage Tracker. A escala da informação até a classificação pelo

programa desta pesquisa pode ter impactado no resultado discrepante, por conta de alguma contaminação ou fragmento de informação cruzada que o programa acabou utilizando. Caso a presença dessa linhagem praticamente exclusiva da Europa seja confirmada, isso poderia sugerir uma entrada pelo nordeste do continente americano vinda do norte ou do oeste europeu. Novas pesquisas e evidências podem contribuir para a compreensão dessas hipóteses.

Apenas um indivíduo foi atribuído ao haplogrupo do DNAy J. O indivíduo denominado como AHUR770c, de origem estadunidense e datando 10.000 anos AP, foi selecionado da pesquisa de Moreno-Mayar e colaboradores (2018a). Na referência o indivíduo é classificado como pertencente a linhagem Q1b1a1a. A partir da ferramenta utilizada neste trabalho obteve-se a classificação como haplogrupo J1a2a1a2d2b2b2c4d2a2a1c1. A origem atribuída a esta linhagem é no Sudoeste Asiático, na chamada Península Arábica, cerca de 42.900 anos AP. Sendo descendente da linhagem IJ e derivando-se em J1 e J2 (fig. 19), seus SNPs característicos são M304/Page16/PF4609 e 12f2.1 (ISOGG, 2019; YFull, 2024). Dentre os haplogrupos do DNAy, J1 apresenta a maior quantidade de derivados dentre todos os outros a nível global, sendo seguido pelo presente nas Américas R1b (YFull, 2024). Esta derivação teve origem entre de 17.000 e 24.000 anos AP, também no Sudoeste Asiático (Sahakyan *et al*., 2021; YFull, 2024). O haplogrupo J pode ser observado em partes do Oriente Médio, Norte da África, no Chifre Africano e Cáucaso, em baixa frequência no Sul da Europa, mais especificamente no Sul da Itália, Malta, Grécia e Albânia. Também pode ser observado entre os Hererós, que fazem parte do grupo étnico Bantu. A presença de J1 pode ser observada em grande concentração na Península Arábica (Wood *et al*., 2005). A definição de J1a2a1a2d2b2b2c4d2a2a1c1~ na amostra se deu pela presença do característico BY3722 ainda carece de confirmação como um derivado de J1a2a1a2d2b2b2c4d2a2a1c. A presença do haplogrupo derivado de J não era esperada nas Américas. A grande questão dessa amostra isolada seria se sua classificação foi realizada de maneira confiável e, caso tenha sido, como ela entrou no continente norte-americano

O último haplogrupo é o N, com o marcador de linhagem pela mutação M231, que tem sua possível origem entre 36.800 anos AP e 44.700 anos AP, provavelmente do Nordeste Asiático. O haplogrupo é uma derivação de NO e ancestral de N1 e N2 (Rootsi *et al*., 2006; Poznik *et al*., 2016; ISOGG, 2019; YFull,

2024). A presença de N e suas derivações pode ser vista em uma enorme quantidade de povos indígenas da Rússia, turcos, tungúsicos, yukagirs, falantes das línguas chukotko-kamchatkanas, yupiks, com certa frequência na Finlândia, Estônia, Letônnia e Lituânia e, com baixa frequência na China (Hu *et al*., 2015). O haplogrupo com informações de sua espacialidade no qual a amostra está mais próxima é o N1a1a1a1a1, que tem sua presença observada por toda europa e Rússia, incluindo a parte da Sibéria (ISOGG, 2019). O haplogrupo ao qual a amostra brasileira Sumidouro6, datada em >10,000 anos AP, foi designada é N1a1a1a1a1a1a1a4, que possui o marcador de linhagem CTS8173. Esta linhagem não possui outros dados que possam corroborar com teorias sobre fluxo migratório e sua chegada nas Américas, mas a presença na Sibéria poderia sugerir uma relação com povos que migraram pela Beríngia. Entretanto com apenas uma amostra deste grupo fica difícil fazer sugestões deste tipo, o haplogrupo pode também ter entrado no continente a partir de outras vias que não possuem teorias amplamente aceitas.

5.2.5 HAPLOGRUPO DNAy A0000

Este haplogrupo é o que apresenta uma maior incógnita nas amostras americanas. De acordo com ISOGG (2019), A0000 é uma linhagem Denisovana, que é completamente inesperada em contextos gerais entre Homo sapiens, mas com ênfase no continente americano. Foi indicada a presença de um indivíduo pertencente a esta linhagem no Brasil, a amostra Sumidouro7, que possui uma datação superior a 10.000 anos AP. Vale ressaltar que sua classificação de acordo com a Moreno-Mayar e colaboradores (2018a) é Q1b1a1a, essa diferença na classificação pode ser ocasionada durante a utilização do programa que não conseguiu classificar a amostra de forma satisfatória ou por contaminação dos dados da amostra. Ferramentas de rastrear ancestralidade denisovana podem ser utilizadas em pesquisas futuras para observar a confiabilidade dessa informação.

O hominídeo de Denisova pertence a uma linhagem antiga de hominídeos que foram descobertos na caverna de Denisova, na região sudeste da Sibéria, em 2008. O achado continha apenas a falange distal de um indivíduo jovem do sexo biológico femino, datada a partir da estratigrafia entre 30.000 e 48.000 anos AP. Esta amostra teve o DNAmt extraído e sequenciado, mostrando que o indivíduo não fazia

parte da linhagem dos Neandertais e humanos modernos, sendo classificado dois anos depois (2010) em um hominídeo antigo já extinto (Dalton, 2010). Existem evidências de que esta espécie viveu durante o Último Máximo Glacial em localidades compartilhadas entre Neandertais e Sapiens (Brown, 2010; Krause *et al*., 2010). Não há uma teoria amplamente aceita sobre o período em que os Denisovanos viveram. Estimativas sugerem que as espécies tenham tido um ancestral em comum que viveu há cerca de 1 milhão de anos na Eurásia (Krause *et al*., 2010). A separação entre Sapiens e Neandertais aconteceu entre 553.000 e 589.000 anos AP e a separação de Neandertais e Denisovanos foi por volta de 381.000 anos AP (Prüfer *et al*., 2014).

A caverna de Denisova pode ter sido palco para encontro entre Neandertais e Denisovanos, em 2021 foram encontrados 12 hominídeos por meio de análise de DNA sedimentar, contendo indivíduos adultos e dois infantis de ambas espécies. A primeira presença foi datada entre 250.000 e 170.000 anos AP, no Paleolítico Médio, Denisovanos foram observados próximo ao fim deste período. Sua presença pôde ser encontrada até o início do Paleolítico Superior. Essa cronologia e espacialidade sugerem um contato com grupos Sapiens modernos (Sankararaman *et al*., 2016 ; Zavala *et al*., 2021)

Teorias, com base na genética comparativa, sugerem que aconteceram diversas trocas gênicas entre estas 3 espécies, o que pode apontar para o processo de intercruzamento entre estas e outras espécies de hominídeos. A herança genética pode ser observada em humanos atuais, principalmente em ilhas do sudeste asiático e na Oceania, além de outras populações asiáticas e americanas (Sankararaman *et al*., 2016; Neubauer, 2019). Isto pode explicar a presença das linhagens Denisovanas nesta amostras americana, foi possível identificar a linhagem a partir do marcador A8904. Este marcador pode corresponder a um sinal denisovano, ou seja, à presença de um resquício de informação que pode sinalizar que no percurso tenha ocorrido intercruzamento entre essas espécies.

Para Petr *et al* (2020) a presença do cromossomo Y Neandertal pode ter sobressaído evolutivamente em relação a Denisovana e, posteriormente, a Sapiens ter sobressaído sobre a Neandertal, levando a uma eventual substituição das informações genéticas deste cromossomo. Outros estudos nesta área como o de Fernandes (2021) investigam a presença de linhagens de Neandertais em amostras americanas com a utilização de um software diferente dos utilizados nesta pesquisa,

o IBDmix. Este programa faz a comparação com uma ancestralidade predefinida, a ancestralidade neanderthal que testou amostras também utilizadas neste trabalho, sendo possível encontrar a presença neanderthal em duas amostras vindas de Minas Gerais, no Brasil: Sumidouro 4 e CP18. A utilização desta ferramenta para analisar as amostras e compreender tal aproximação pode ser feita em pesquisas futuras.

Isso sugere a necessidade de uma investigação mais aprofundada sobre a presença de linhagens Denisovanas nas Américas, embora a presença de linhagens Neandertais podem agregar na confiabilidade do resultado da presença Denisovana nas Américas. O processo de intercruzamento das espécies ainda não é amplamente conhecido, mesmo que haja evidências para tal é necessário que novos estudos aconteçam para melhorar a compreensão destes processos. A presença de haplogrupos que não são conhecidos nas Américas contribui com a ideia de que os fluxos migratórios para o continente não são completamente compreendidos, sendo necessário surgirem novos dados para auxiliar a compreensão destes processos migratórios. Os próximos tópicos irão expor os dados de outras formas de acordo com suas frequências e espacialidades.

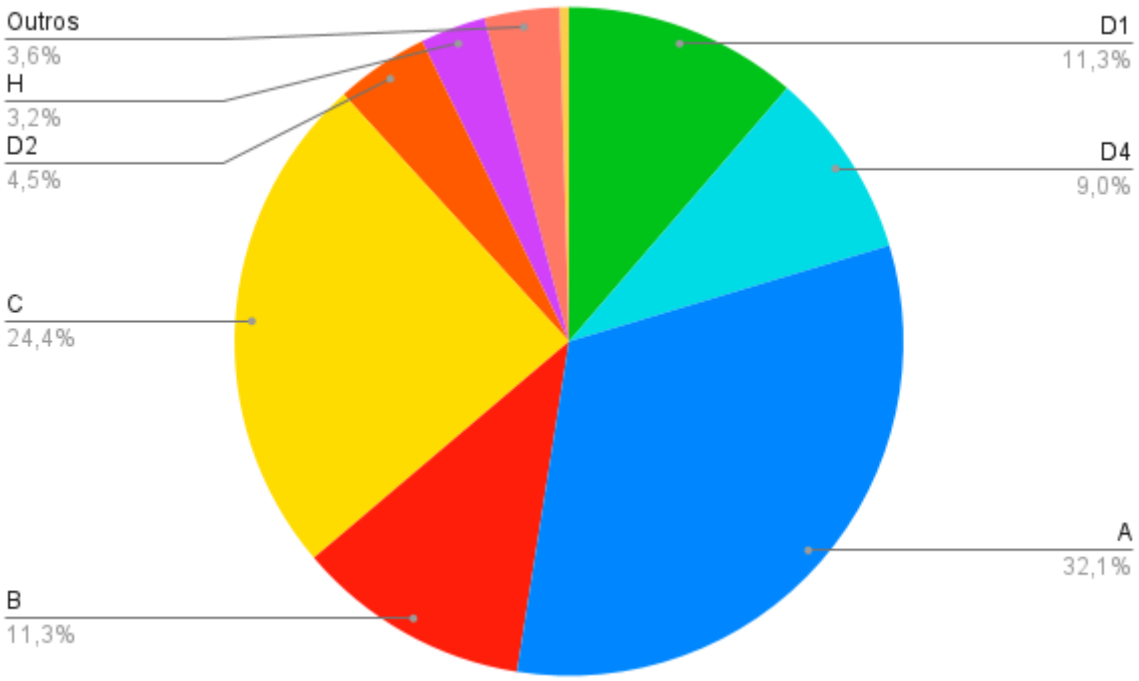
5.3 FREQUÊNCIA DOS HAPLOGRUPOS

Antes de prosseguir para as frequências, faz-se necessário pontuar que amostras de DNAmt com qualidade inferior a 65% não foram consideradas para fazer a frequência e não serão consideradas nos mapas mais adiante. Essa remoção se dá por conta que a porcentagem utilizada pelo Haplogrep 3 para designar amostras que não possuem SNPs necessários para serem classificadas é 50% e, analisando as amostras em separado, foi visto que abaixo de 65% não há uma confiabilidade satisfatória para a amostra ser levada em consideração. Ao trabalhar com DNAa é necessário compreender que as amostras na maior parte das vezes não vão ter muitas informações restantes e é preciso saber trabalhar com o pouco que resta. Nesta área o atípico é encontrar amostras plenamente conservadas, dito isto, abaixo podemos acompanhar as frequências de DNAmt e DNAy na América. A presença dos haplogrupos foi organizada em planilhas e calculada em relação ao número geral de indivíduos.

5.3.1 FREQUÊNCIA DE HAPLOGRUPOS DNAmt

Os haplogrupos esperados de serem encontrados nas Américas são os A, B, C, D, X e L (Jablonski, 2002; Achilli *et al*., 2008). As derivações A2, B2, C1b, C1c, C1d, D1, e X2a eram esperadas de compôr cerca de 95% das amostras, enquanto mais derivadas como C4c, D2a e D4h3a seriam por volta de 5% (Eshleman; Malhi; Smith1, 2003; Achilli *et al*, 2008; Tamm *et al*, 2008). O que se refletiu principalmente sobre as amostras dos haplogrupos A2, B2 e C, que apresentam uma linearidade nas amostras e serão todas classificadas como tal. Já o haplogrupo D apresenta uma maior diversidade de ramos, sendo segmentada em 3 linhagens: D1, D2 e D4. O haplogrupo A seria o mais expressivo entre as amostras, enquanto L seria presente em populações pós-contato, visto que é uma linhagem africana. A presença de H (incluindo HV), entretanto, não é compreendida quanto a sua presença no continente americano em populações antigas. Atualmente sua presença pode ser facilmente explicada dado o aumento e a facilidade de migrações. Outros haplogrupos apareceram no continente, como foi o caso de R, com duas amostras vindas da Argentina e dos EUA; Uc4c1a dos EUA; M, do México e X2a, dos EUA, embora com uma presença baixa em comparação com H. O último haplogrupo citado, X2a, é o único destes que é esperado no continente, mas sua presença foi observada apenas em um indivíduo. A figura (23) abaixo compreende a frequência dos haplogrupos do DNAmt e os tópicos seguintes irão esmiuçar as linhagens encontradas esses números detalhadamente.

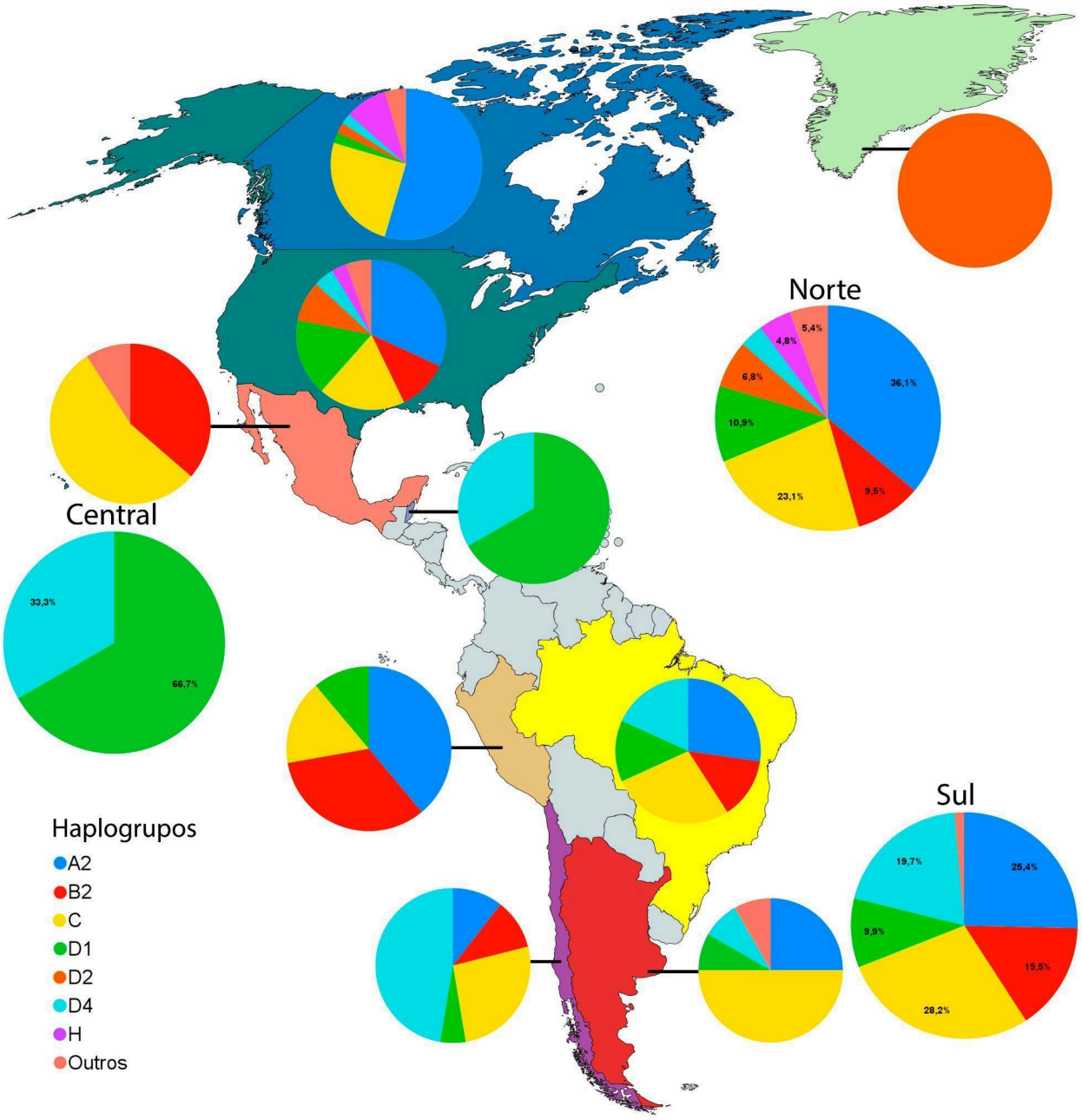
Figura 23 - Frequência dos haplogrupos mitocondriais em indivíduos americanos.



Fonte: autoria própria (2025).

Podemos observar que a grande presença esperada do haplogrupo mitocondrial A foi observada nos números de amostras, embora não esteja tão expressiva como o esperado. O haplogrupo compõe aproximadamente 32,1% das linhagens americanas, sendo apenas um pouco maior que C. Da linhagem de D, duas estão dentro do esperado, sendo D1 com uma presença maior e D2 com presença inferior aos 5%, a exceção está em D4, que está acima do que seria esperado, apresentando 9%. A presença significativa de H, compondo 3.2% das amostras gera um grande questionamento sobre sua origem, visto que não possuem pesquisas publicadas sobre e a sua presença nas Américas em períodos pré-contato não são conhecidas. Num contexto geral pode-se considerar que as frequências esperadas estejam relativamente próximas, mas é necessário ter uma visão mais detalhada de cada região para compreender melhor, a figura (24) abaixo expõe os dados de acordo com sua espacialidade, com as frequências dos continentes e países.

Figura 24 - Mapa do continente americano com as frequências dos haplogrupos mitocondriais.



Fonte: autoria própria (2025).

Ao observarmos as regiões separadamente podemos notar que a América do Norte contém maior diversidade se comparado a Central e do Sul, sendo predominante a presença da linhagem A2 (com 36.1%), seguida por C (23.1%), D1 (10,9%), B2 (9.5%), D2 (6.8%), H (4.8%), D4 (3.4%) e outras com 5.4%, nesta última estão M, R, UC1a e X2a, as frequências estão bem dentro do esperado. Essa diversidade pode ser um reflexo do número de pesquisas elaborado em cada região, visto que a América Central só possui apenas 3 amostras sequenciadas, vindas de Belize, de duas linhagens D1, que compõem 66.7% e D4, com 33.3%.

A América do Sul, por outro lado, assemelha-se com a América do Norte, devido a presença de 6 linhagens diferentes, sendo estas a, da maior para a menor: C (28.2%), A2 (com 25.4%), D4 (19.7%), B2 (15,5%), D1 (9.9%) e outros (1.4%), sendo este a presença do haplogrupo R na Argentina. Entretanto diferencia quanto suas frequências, sendo a alta presença de D4 um contraponto ao que seria esperado, com uma frequência abaixo de 5%. D1 também apresenta uma baixa frequência, sendo menor que D4, mas está acima dos 5%.

Já ao observar o contexto numa escala mais próxima, vendo as frequências dos países, os resultados se tornam um tanto quanto mais interessantes. Tendo início pela América do Sul, podemos observar que a Argentina apresenta um resultado dentro do esperado, com predominância do haplogrupo C e seguida por A2, já D1 e D4 apresentam uma única amostra em ambas linhagens, já o haplogrupo B2 não apresentou indivíduos na Argentina. A baixa frequência de D4 estaria dentro do esperado e D1 precisaria ter sua presença maior. O Brasil, por outro lado, possui todos os haplogrupos esperados de serem encontrados na América do Sul, A2 com o maior número de amostras, seguido por C, enquanto B2 e D1 que estão com a mesma frequência de amostras e D4, em uma menor frequência, embora muito próxima de B2 e D1. O Chile que apresenta o resultado mais diferente, tendo como predominante o haplogrupo D4, que possui metade das amostras, na sequência vem C, na mesma frequência temos A2 e B2 e, indo de contraponto ao esperado, D1, com a menor frequência. O haplogrupo D4 possuir uma frequência maior que todas as amostras é algo completamente inesperado, mesmo para padrões sul americanos. O último país do continente é o Peru, que possui A2 como haplogrupo predominante, com quase metade das amostras, o seguinte é B2, com uma quantidade também expressiva dentre as amostras, C numa frequência menor e D1 ainda menor.

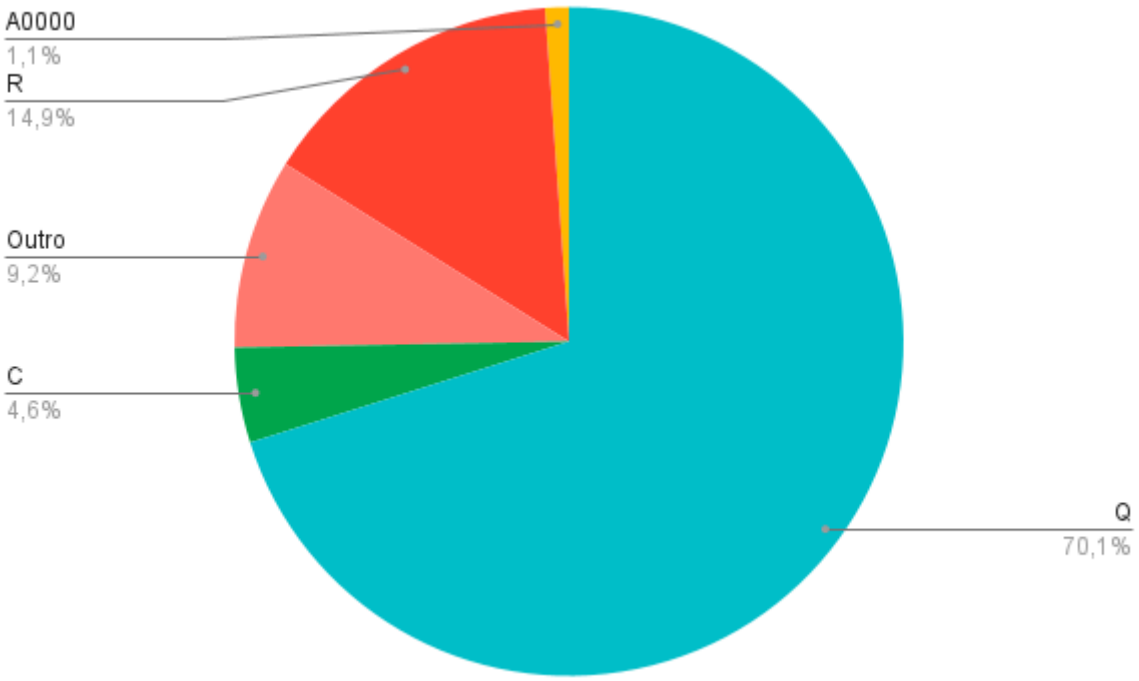
A América Central não apresenta muitos dados para que haja uma efetiva comparação com os padrões, tendo apenas a presença de D1 em duas amostras e D4 em uma, além de não possuir os demais haplogrupos esperados. Na América do Norte podemos observar o México com uma predominância de C, seguida por B2 e outros, que seria um indivíduo do haplogrupo M. Com exceção a este último, a presença dos dois haplogrupos está de acordo com padrões esperados. Nos EUA e Canadá a questão fica um pouco mais complicada. Os EUA possuem o haplogrupo A2 como predominante, sendo seguido por C e D1 em uma frequência similar, B2 e

D2 apresentam uma frequência um pouco menor e temos a menor frequência com H, que não possui evidências de presença nas Américas, e outros, sendo estes R, que também foi encontrado na Argentina, U4c1a, que assim com H não possui evidências nas Américas e X2a, que tem sua presença esperada em uma devida região dos EUA, mas que está presente apenas em uma amostra. Já o Canadá possui um cenário com predominância de A2, com mais da metade das amostras, o haplogrupo C como o segundo mais comum e H como o terceiro, tendo 3 amostras designadas a esta linhagem sem precedentes no continente, abaixo estão D1 e D4 respectivamente. Na Groenlândia temos uma amostra do haplogrupo D2. Num contexto geral os resultados aproximam-se do padrão, mas numa visão mais próxima podemos ver grandes diferenças, como no Chile que possui alta frequência do haplogrupo D4, Canadá, com uma grande frequência de H e EUA com a presença de H, R e U4c1a.

5.3.2 FREQUÊNCIA DE HAPLOGRUPOS DNAy

Nas linhagens do cromossomo Y os haplogrupos esperados de serem encontrados nas Américas são C, K, P, Q e R, mais precisamente suas derivações C2, K2*, P1, Q1a3a, Q1a3a1 e R1b (YFull, 2024). A presença de R1b para alguns pesquisadores é resultado do tráfico de escravizados e só seria possível de ser encontrado em amostras pós-contato. Isto é algo que não está de acordo com as frequências obtidas a partir das amostras, visto que a grande maioria das amostras pertencentes a derivados deste haplogrupo que possuem uma datação anterior ao período. A figura (25) abaixo expõe estes dados para uma compreensão num contexto geral e posteriormente em serão observados de forma mais segmentada, de acordo com a região e os países. Foram classificados de acordo com sua linhagem em comum mais próxima contendo amostras minimamente expressivas, enquanto as linhagens inexpressivas que apresentavam 1 ou 2 amostras, foram classificadas como “Outros”.

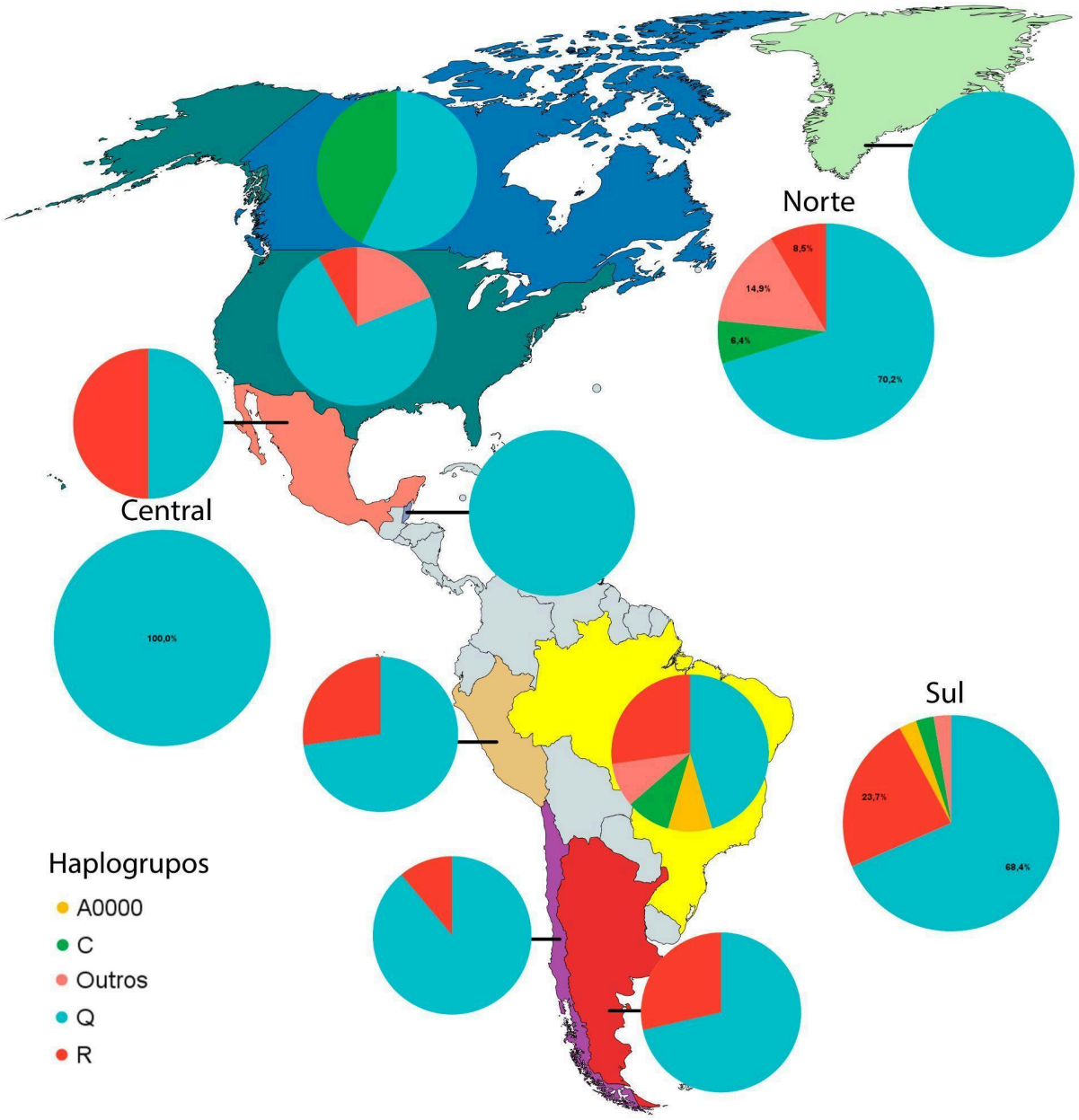
Figura 25 - Frequência dos haplogrupos do DNAy em indivíduos americanos.



Fonte: autoria própria (2025).

Pesquisas com o cromossomo Y não apresentam certos padrões quanto a frequências de linhagens em relação às outras como utilizado na frequência de haplogrupos mitocondriais, mas temos padrões de presença, se uma linhagem há ou não em um certo local. Como citado anteriormente, a presença esperada é dos haplogrupos C, K, P, Q e R. A primeira vista podemos observar a ausência das linhagens K e P entre as amostras, Q (com 70.1%) e R (14.9%) são expressivas, C (4.6%) um pouco menos, mas ainda está presente. Outros haplogrupos compõem um total de 9.2% das amostras, apresentando um número baixo de outros haplogrupos. A surpresa está com a presença de A0000, linhagem que é ligada a indivíduos da espécie denisovana. A figura (26) abaixo distribui os dados de acordo com sua espacialidade, ajudando a explicá-los detalhadamente.

Figura 26 - Mapa do continente americano com as frequências dos haplogrupos do cromossomo Y.



Fonte: autoria própria (2025).

Num contexto geral a predominância de linhagens de Q podem ser observadas nas Américas do Norte, Central e Sul. Mas vendo cada uma em individual podemos observar que a parte Norte a predominância é de Q, com 70,2%; sendo seguida por R, com 8.5%; Outros haplogrupos, sendo estes CT, E, I, J e N, que somados apresentam 14.9% das amostras e; C, com 6.4% sendo um dos haplogrupos esperados. A presença de Q, R e C foi observada estando dentro do

esperado, mas a presença de muitos outros haplogrupos fogem do esperado, o que sugere que a compreensão da presença de linhagens de cromossomo Y em indivíduos americanos é muito menos compreendida quando em relação às linhagens mitocondriais no continente norte-americano.

A América do Sul apresenta resultados até similares, mas sem tanta diversidade se comparado. O haplogrupo Q é o mais presente, com 68.4% das amostras, enquanto R é o segundo mais expressivo com 23.7%; sendo seguido por A0000, que conta com uma amostra no continente sul-americano, este haplogrupo também é uma surpresa de ser encontrado nesta região, visto que existem poucos dados sobre a presença de linhagens de outros hominídeos nas américas. Os demais haplogrupos estão com uma frequência igual, sendo C e N, sendo o que o haplogrupo que tem conhecimento de sua presença nas Américas é apenas C. As amostras da América Central estão dentro do esperado, com a predominância de Q, mas não apresenta uma quantidade considerável de amostras para ter uma frequência mais completa como as Américas do Norte e Sul.

Em separado, podemos observar um padrão entre as amostras da Argentina, Belize, Chile, Groenlândia, México e Peru, que possuem apenas a presença de linhagens de Q e/ou R. Todos apresentam maior presença de Q. A mesma situação se repete no Brasil, só que havendo a presença da linhagem A0000, uma linhagem do hominídeo denisovano, também foi possível observar C em uma frequência baixa juntamente com N. O que está mais discrepante em relação ao padrão é a presença de N, que não tem registros na sua presença no continente e A0000, linhagem ligada a outro hominídeo.

Como observado na imagem podemos ver que a porção norte contém maior diversidade de linhagens, começando pelos EUA, que possui a predominância de Q, sendo seguida por R e “Outros”. Dentre desta última temos os haplogrupos CT, E, I e J, nenhum destes também é esperado entre as Américas. No Canadá o cenário é mais simples entre os haplogrupos, tendo C e Q em frequências quase equivalentes.

Visto que não haviam padrões de frequências inferidos sobre linhagens do cromossomo Y no continente americano, podemos propor que num cenário geral o haplogrupo Q é o predominante, sendo seguido por R. Estes estão dentro do padrão de amostras esperados, que não possuíam frequências. As demais frequências e linhagens não apresentavam um padrão estabelecido e a partir das amostras podemos ver que o cenário é muito mais complexo do que o que se tinha

conhecimento prévio. Isto enfatiza o fato de que as pesquisas sobre linhagens de cromossomo Y precisam ser mais estudadas, ainda mais neste cenário com avanços tecnológicos ligados ao sequenciamento genético. Abaixo as amostras serão dispostas em mapas de acordo com sua origem, cronologia e linhagem, sendo relacionadas entre si por meio de rotas migratórias.

5.4 ROTAS MIGRATÓRIAS

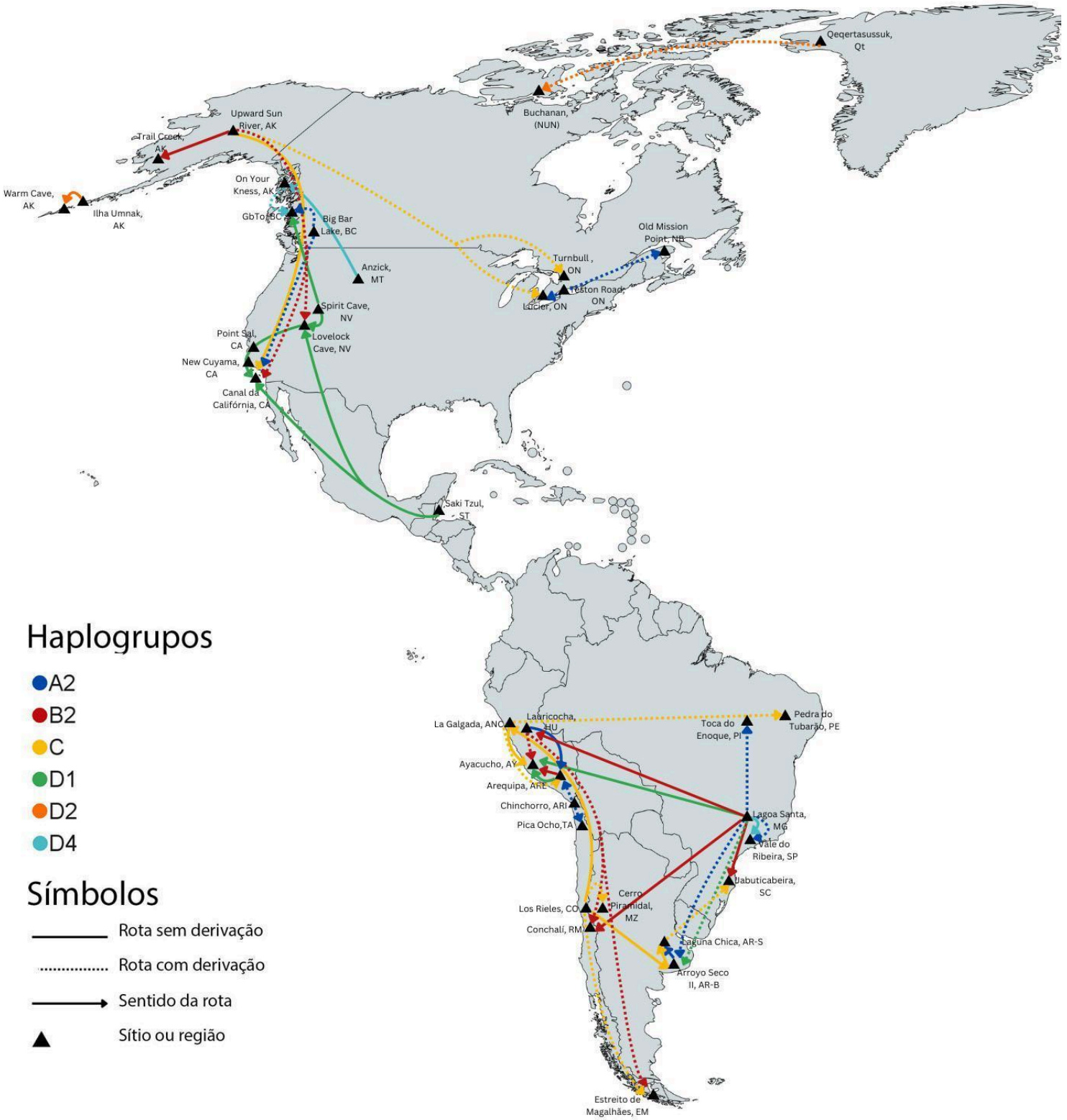
Para Loogvali e colaboradores (2009), a taxa de mutação do DNAmt, conhecida como relógio molecular mitocondrial, é estimada em uma mutação a cada 8.000 anos, embora o YFull (2024), mostre derivações em intervalos inferiores a 1.000 anos, em algumas linhagens chegando até 400 anos. Enquanto o tempo de surgimento de novas linhagens do cromossomo Y variam, de acordo com YFull (2024) podem apresentar novas mutações em intervalos entre 6.000 e 400 anos, desta forma os grupos relacionados durante as rotas migratórias deverão estar em um intervalo plausível para serem relacionados. Entretanto, Mendez e colaboradores (2016) são ainda mais conservadores nestes números, sendo uma mutação a cada intervalo entre 6.000 e 4.000 anos. Além disso, serão relacionadas apenas amostras datadas para que seja possível fazer essa relação pela cronologia da amostra. Sítios com proximidade geográfica muito grande serão classificados com o nome da região no mapa, enquanto os que forem mais distantes serão expostos com o nome do sítio seguido da sigla do local em questão. Amostras de DNAmt citadas nos tópicos anteriores com qualidade inferior a 65% não serão consideradas, a menos que seus haplogrupos possam ser encontrados na fonte.

5.4.1 ROTAS MIGRATÓRIAS DO DNAmt

O mapa abaixo (fig. 27) foi feito por meio da plataforma de design gráfico Canva e do *software* Adobe Photoshop 2024. Ilustrando possíveis rotas migratórias, tendo como base a localização geográfica, datação e o haplogrupo mitocondrial dos indivíduos. Sendo o haplogrupo A2 representado pela cor azul escura, B2 por Vermelho, C pela cor Amarela, D1 Verde, D2 Laranja e D4 azul claro. As rotas são representadas pelos símbolos: ⟶ representando o sentido da rota. Quando a

linha está preenchida ——— indica uma rota sem derivação, enquanto a linha pontilhada ····· indica uma rota com derivação. O triângulo ▲ sinaliza o sítio ou região em que a rota iniciou.

Figura 27 - rotas migratórias de haplogrupos de haplogrupos mitocondriais nas américas.



Fonte: autoria própria (2025).

A migração do **haplogrupo A2** pode ser ter ocorrido saindo do sítio chileno Chinchorro (ARI) há ~5.800 anos AP e seguindo para norte, no sítio peruano Cuncaicha, no departamento de Arequipa (ARE) por volta de 3.370-3.180 anos AP, ou ainda antes se observar a presença do haplogrupo derivado A2+(64) entre 4.290-4.080 anos AP. Outra opção seria essa população derivada de Cuncaicha ter vindo do sítio peruano Lauricocha (HU) de uma população da área datada entre 8.580-8.420 anos AP.

A linhagem A2+(64) encontrada no sítio chileno Pica Ocho (TA), entre 720-570 anos AP, pode ter chegado no local a partir de migrações vindas de uma população do sítio Chinchorro (ARI) datada ~5.800 anos AP. Mais uma migração deste haplogrupo pode ter ocorrido saindo do Brasil, no sítio Lapa do Santo, em Lagoa Santa (MG) entre 9.680-9.530 anos AP, sentido sul, para o sítio argentino Arroyo Seco II (AR-B) entre 7.570-7.300 anos AP, sendo mantida como A2+(64) e se derivando em A2+(64)+@153, podendo também ter migrado de Arroyo Seco II para Laguna Chica (AR-S) por volta de 6.800 anos AP se mantendo como A2+(64). Uma outra rota com a mesma origem pode ter ido no sentido do Vale do Ribeira (SP), no sítio Laranjal, entre 6.900-6.450 anos AP. A exata derivação pode ter ocorrido também para a direção norte, saindo de Lapa do Santo (MG) e indo para o sítio Toca do Enoque (PI) há ~3.500 anos AP.

Na América do Norte, tendo como início o sítio canadense Big Bar Lake (BC), o haplogrupo A2+(64) há cerca de 6.000 anos AP, migrando para os sítios GbTo-30 entre 2.120-1.600, permanecendo na área e sendo derivado em A2+(64)+16129 entre 1.500-1.130 anos AP nos sítios GbTo-23 e 33. Além de se derivar também em A2+(64)+16129* num espaço de tempo entre 2.250-800 anos AP nos sítios GbTo-23, 31 e 33. No mesmo espaço, mas no sítio GbTo-18 é possível de ter ocorrido a derivação de A2+(64) em A2aq entre 2.330-1.840 anos AP e em A2ao** entre 1.490-1.120 anos AP. Do mesmo ponto de origem, migrando para o sudoeste, em direção ao sítio estadunidense San Nicolas Island datado em 4.410±100 anos AP, no Canal da Califórnia (CA), pode ter ocorrido a derivação no haplogrupo A2+(64)+@153. Entretanto a presença de A2 no mesmo sítio entre 4.819-4.450 anos AP até 666-616 anos AP, em Carpenteria (CA) entre 1.555-1.410 anos AP e Santa Cruz Island entre 764-561 anos AP pode sugerir uma derivação de indivíduos mais antigos desta linhagem, que ocuparam o local durante muito tempo.

A linhagem A2i pode ter iniciado sua migração no sítio canadense Teston Road (ON) há cerca de 500 anos AP e migrado em duas direções, para oeste no sítio Lucier (ON) datado em 351±40 anos AP e para leste, no sítio Old Mission Point (NB) há ~400 anos AP

O **haplogrupo B2** tem suas datações mais antigas na América do Sul no sítio brasileiro Lapa do Santo, em Lagoa Santa (MG), por volta de 9.670-9.490 anos AP, sendo possível observar derivação em B2*4 por volta de 9.410-9.090 anos AP. Posteriormente a presença de B2 no sítio também brasileiro, Jabuticabeira 2, no estado de Santa Catarina (SC), entre 1.290-1.080 anos AP, pode indicar uma migração para o Sul da linhagem. Outra possível migração seria saindo de Lapa do Santo em direção ao Peru, no sítio Lauricocha, na província de Huánuco (HU), entre 8.580-8.420 anos AP. Do sítio Lauricocha pode ter migrado para sul, sentido o sítio Botigiriayocc, datado entre 920-800 anos AP, no departamento de Ayacucho (AY), no Peru, permanecendo como B2 e se derivando em B2l no sítio ou durante a migração. A população de Lauricocha pode ter migrado para o extremo sul do Chile, margeando o litoral oeste do continente e no decorrer do tempo se derivando em B2b, no sítio Cueva Ayayema datado em 4.500 anos AP, no Estreito de Magalhães (EM). Saindo de Ilave entre 1.830-1.850 anos AP, no departamento de Arequipa (ARE), a linhagem B2 pode ter partido rumo Botigiriayocc no departamento de Ayacucho (AY), permanecendo até por volta de 920-800 anos AP e derivando em B2l antes de 880 anos AP.

Nos EUA, a presença de B2 pode ser observada no sítio Upward Sun River (AK), entre 11.600-11.270 anos AP e posteriormente no sítio Trail Creek Cave 2 (AK), no mesmo estado, por volta de 10.000 anos AP, sendo possível imaginar uma migração em direção a Trail Creek Cave 2. Outra rota a ser pensada se dá saindo de Upward Sun River (AK), em direção ao sul para o sítio Lovelock Cave (NV), por volta de 700 anos AP, sendo derivado no caminho no haplogrupo B2a1. Juntamente nesta rota pode ter migrado um pouco mais ao sul, no Canal da Califórnia (CA), para os sítios San Clemente Island entre 508-274 anos AP, se derivando no haplogrupo B2a, e San Nicolas entre 650-134 anos AP, se derivando nos haplogrupos B2a5 e B2y.

A presença do **haplogrupo C** mais antiga na América do Sul pode ser encontrada no sítio chileno Los Rieles (CO) entre 11.140-10.730 anos AP e

permanecendo pelo menos até entre 5.310-4.870 anos AP, sendo observada no sítio argentino Arroyo Seco II (AR-B) entre 8.960-8.200 anos AP, o que pode sugerir que indivíduos permaneceram no local enquanto outros migraram. Ainda na Argentina, podemos encontrar C posteriormente no sítio Laguna Chica (AR-S) entre 6.780-6.650 anos AP. A população de Los Rieles pode também ter migrado para o norte, para o sítio peruano La Galgada (ANC), com datações entre 4.230-3.980 anos AP, seguindo mais ao sul no departamento de Ayacucho (AY), para o sítio Huayuncalla entre 910-740 anos AP. Outra possível rota de C seria de origem do sítio Peruano La Galgada (ANC) entre 4.230-3.980 anos AP e se derivando em C1b chegando em Ilave, no Departamento de Arequipa, entre 1.830-1.850 anos AP

Uma rota de C, com derivação para C1c pode ter ocorrido do sítio argentino Laguna Chica (AR-S), datado entre 6.780-6.650 anos AP, para o sítio brasileiro Jabuticabeira (SC), datado entre 2.340-1.750 anos AP. Outra derivação de C para C1b pode ter ocorrido saindo da população do sítio chileno Los Rieles (CO) que habitava a região desde entre 11.140-10.730 anos AP, para o sítio argentino Serro Piramidal (MZ) até datação do sítio de 500 anos AP. Saindo também do sítio Los Rieles (CO), desta vez para o extremo sul do Chile, no sítio Punta Santa, Estreito de Magalhães (EM), por volta de 6.500 anos AP houve a derivação para o haplogrupo C1c8. A derivação de C para C1b pode ter ocorrido partindo do sítio peruano La Galgada (ANC), entre 4.230-3.980 anos AP, seguindo para o sítio brasileiro Pedra do Tubarão (PE), ao Leste, datando em 981±23 anos AP.

Podemos observar C1b nos EUA no sítio Upward Sun River (AK), entre 11.600-11.270 anos AP e posteriormente no Canal da Califórnia (CA), nos sítios San Nicolas Island, entre 1.491-1.252 anos AP, permanecendo até por volta 870-643 anos AP e, Santa Catalina Island entre 425-349 anos AP. A presença de C nos sítios San Nicolas Island entre 2.202-1.888 anos AP e San Clemente Island entre 760-276 anos AP pode indicar uma troca de genética constante entre as ilhas ou que as populações derivadas tenham vindo de uma migração anterior juntamente com C. Mais um fluxo migratório partindo de Upward Sun RIver (AK) em direção sudeste para os sítios Lucier entre 4.853-4.837 anos AP, se derivando em C1b*4 e, para C1b*5 no sítio Turnbull entre 550-450 anos AP.

As rotas migratórias do **haplogrupo D** podem ser observadas nos seguintes cenários, de acordo com suas derivações. Nas setas verde temos D1 com sua

presença sendo datada em cerca de 10.000 anos AP no sítio Spirit Cave (NV), nos EUA, tendo uma possível migração para o sítio Lovelock Cave (NV) em aproximadamente 2.000 anos AP e sendo observada no mesmo sítio até 1.800 anos AP, partindo para leste no sítio Point Sal (CA) entre 1.522-1.414 anos AP e depois descendo pelo litoral, passando pelo sítio New Cuyama entre 1.390-1.300 anos AP e dali para o Canal da Califórnia (CA), no sítio San Nicolas Island entre 714-517 anos AP. Para o sentido noroeste podemos observar uma possível migração para o sítio GbTo-30 entre 1.240-800 anos AP. Uma migração vindo do sítio belizenho Saki Tzul (ST), datando entre 7.460-7.310 anos AP sentido noroeste para os EUA e pode ter chegado no Canal da Califórnia (CA), no sítio San Nicolas Island entre 714-517 anos AP e para o sítio Lovelock Cave (NV) entre 2.000 e 1.800 anos AP.

Na América do Sul a presença de D1 no sítio brasileiro Gruta do Sumidouro, em Lagoa Santa (MG), possui datações >10.000 anos AP, sendo posteriormente observado no sítio Tranca, no departamento de Ayacucho (AY) por volta de 880 anos AP. Outra possível rota seria saindo do sítio Gruta do Sumidouro, Lagoa Santa (MG), anteriormente a >10.000 em direção a Arroyo Seco II entre 7.920-7.660 anos AP e sendo derivado no caminho para o haplogrupo D1g. Embora a presença de D4 no mesmo sítio em datações próximas (entre 7.800-7.500 anos AP) possa indicar que a população deste sítio seja uma derivação da população ancestral D4 que se ramifica em D1g enquanto outros indivíduos permanecem na linhagem D4. Mais uma rota migratória possível de D1 seria saindo do sítio peruano Ilave, no Departamento de Arequipa (ARE) entre 1.830-1.850 anos AP e partindo ao norte para o sítio Tranca, na região de Ayacucho (AY).

Uma migração de D2a partindo do sítio Groenlandês Qeqertasussuk (Qt), entre 4.170-3.600 anos AP, pode ter se derivado em D2a1 sentido sítio Buchanan (NUN) entre 1.900-1.610 anos AP. O outro haplogrupo D2a1a pode ser encontrado sítios Chaluka Midden e Ship Rock Island, na ilha Umnak (AK), entre 2.300-310 anos AP, e as amostras do sítio Warm Cave (AK) do mesmo haplogrupo datando entre 600-130 anos AP podem indicar uma migração desta população. O haplogrupo D4h3a pode ser observado inicialmente no sítio estadunidense Anzick (MT) entre 12.722-12.590 anos AP, migrando por volta de ~10.300 anos AP para o sítio On Your Knees Cave (AK) e se derivando posteriormente em D4h3a7, entre 6.260-5.890 anos AP, na migração para o sítio GbTo-1. Outra rota, desta vez de uma derivação, D4h3a5, na América do Sul. Teria acontecido entre o sítio brasileiro Lapa do Santo

(MG), datando >10.000 anos AP, na direção sudeste para o sítio Moraes, no Vale do Ribeira (SP), entre 6.900-6.680 anos AP.

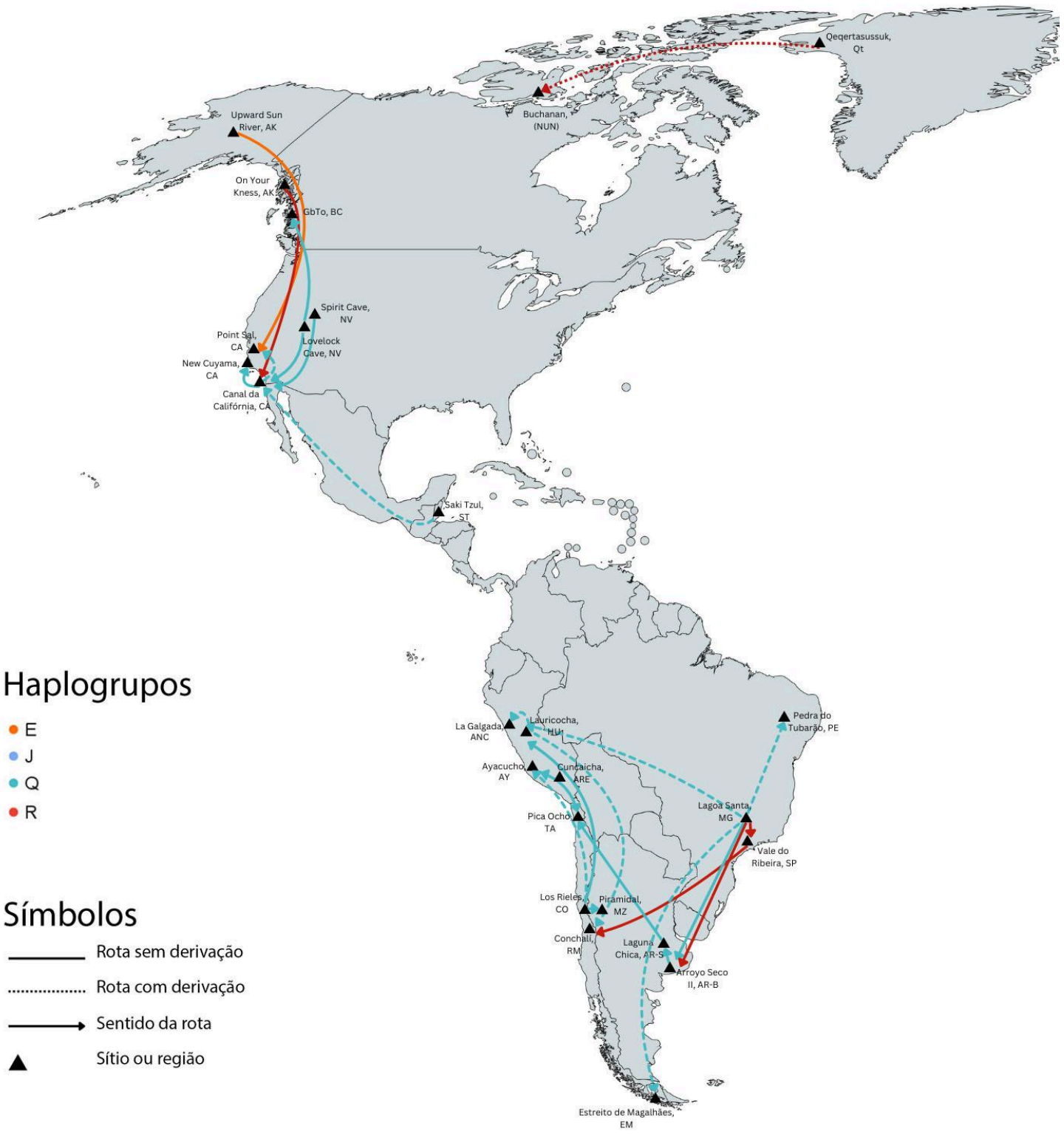
O **haplogrupo H** não contém rotas migratórias, mas uma população na região do complexo de sítios GbTo pode ter permanecido e sendo derivado nos haplogrupos H2a2 e H2a2a anteriormente ao período de ocupação ou durante a ocupação.

As rotas migratórias de haplogrupos mitocondriais foram mais numerosa se comparado com as rotas do cromossomo Y, visto que todos os indivíduos com a informação do DNA preservada possuem o DNAmt, enquanto apenas indivíduos do sexo biológico masculino possuem a informação do cromossomo Y. As rotas foram possíveis de serem observadas principalmente em situações próximas às margens do continente. Na América do Norte podemos encontrar conexões entre diversos povos que habitaram a costa oeste do Atlântico Norte. Algumas linhagens têm migrações muito próximas da Beríngia partindo em duas vias, sentido costa oeste ou interior do continente, no sentido sudeste. Também é possível observar um cenário parecido nas migrações da América do Sul, onde existem muitas migrações em zonas próximas à costa do continente, tanto na porção leste quanto na oeste. Migrações no interior do continente são em menor quantidade quando posta em comparação com as litorâneas.

5.4.2 ROTAS MIGRATÓRIAS DO DNAy

O mapa abaixo (fig. 28) foi feito por meio da plataforma de design gráfico Canva e do *software* Adobe Photoshop 2024. Ilustrando possíveis rotas migratórias, tendo como base a localização geográfica, datação e o haplogrupo do cromossomo Y dos indivíduos. Sendo o haplogrupo E representado pela cor laranja, Q verde claro e R vermelho. As rotas são representadas pelos símbolos: ⟶ representando o sentido da rota. Quando a linha está preenchida ——— indica uma rota sem derivação, enquanto a linha pontilhada ····· indica uma rota com derivação. O triângulo ▲ sinaliza o sítio ou região em que a rota iniciou, finalizou ou atravessou.

Figura 28 - rotas migratórias de haplogrupos do cromossomo Y nas américas.



Fonte: autoria própria (2025).

A migração do **haplogrupo E1b1a1a1a1c1a1a3a1d1b1b1a2~** tem início no sítio Upward Sun RIver, parte central do Alaska (AK) entre 11.600-11.270 anos AP, partindo para o sítio Point Sal (CA) entre 1.522-1.423 anos AP.

Uma das possíveis rotas do **haplogrupo Q** teve início no sítio Arroyo Seco II, na cidade de Tres Arroyos (AR-B), na Argentina, entre 7.570-7.300 anos AP, seguindo para noroeste, no sítio Laguna Chica (AR-S), também na Argentina, por volta de 6.800 anos AP e, posteriormente, seguindo para o sítio Pica Ocho (I), no Chile, entre 720-570 anos AP. Entretanto, a presença de Q base no sítio Botigiriayocc, na região de Ayacucho (AY), no Peru, entre 920-800 anos AP pode sugerir que a presença de Q em Pica Ocho (TA), no Chile seja mais antiga, se for o caso a presença deste haplogrupo pode ser resultante de uma mesma onda migratória, caso não seja, outra situação seria uma migração inversa, vinda de Botigiriayocc para Pica Ocho.

Mais uma rota que pode ser observada seria a saída de Q base do sítio Saki Tzul (ST), em Belize, entre 7.460-7.320 anos AP e partindo para Norte, para o sítio San Nicolas Island, Canal da Califórnia (CA), nos EUA, entre 4.561-4.156 anos AP e tendo sua presença observada até 3.960±70 anos AP na localidade. Tendo se derivado no caminho em Q1, anterior a presença observada em 4.410±100 anos AP e Q1b1, num intervalo anterior a 666-616 anos AP.

Uma migração de Q1a partindo do sítio Qeqertasussuk, na Groenlândia, entre 4.170-3.600 anos AP pode ter seguido sentido o sítio canadense Buchanan entre 1.900-1.610 anos AP e se derivado no caminho para Q1a1. Saindo de San Nicolas Island, no Canal da Califórnia (CA) por volta de 4.430±30 anos AP o haplogrupo Q1 pode ter ido mais ao norte e se derivado no caminho para Q1a em Point Sal (CA) entre 1.521-1.413 anos AP.

A linhagem Q1b1 tem sua presença no sítio Lovelock Cave, no estado de Nevada (NV), nos EUA, há aproximadamente 1.800 anos AP e pode ter migrado para dois sentidos, mais ao norte para o complexo de sítios GbTo, no Canadá (BC) entre 1.500-1.130 anos AP e para sudoeste para o sítio San Miguel Island, no Canal da Califórnia (CA), entre 666-616 anos AP.

A presença do haplogrupo Q1b1 foi observada no sítio brasileiro Lapa do Santo, em Lagoa Santa (MG), entre 9.550-9.470 anos AP, que pode ter migrado ainda no Brasil, para nordeste, no sítio Pedra do Tubarão, em Pernambuco (PE) e se

derivado no haplogrupo Q1b1a1a1p até 981±23 anos AP. Ou ainda essa mesma rota pode ter acontecido com uma população anterior a 10.000 anos AP do haplogrupo Q1b1a1a de Gruta do Sumidouro, na mesma região de Lagoa Santa e derivado em Q1b1a1a1p na Pedra do Tubarão. Ainda na população de Gruta do Sumidouro, uma migração pode ter ocorrido sentido extremo sul, para o sítio chileno Cueva Ayayema, no Estreito de Magalhães (EM) por volta de 4.500 anos AP e se derivado em Q1b1a1a1 na localidade ou no percurso.

Outra migração que pode ter ocorrido é esta população de Lapa do Santo ter ido em direção ao sítio Lauricocha, na província de Huánuco (HU), no Peru, e se derivado na linhagem Q1b1a2 entre 8.730-8.520 anos AP, que posteriormente se derivou na linhagem Q1b1a2a~ entre 910-740 anos AP, no sítio Conchalí, em Santiago (RM), no Chile.

Uma das datações mais antigas do haplogrupo Q1b1a1a e da América do Sul como um todo estão no sítio Los Rieles (CO), no Chile, entre 11.140-10.730 anos AP podendo ser observada no mesmo sítio até entre 5.310-4.870 anos AP e num sítio argentino próximo - Cerro Piramidal, na província de Mendoza (MZ), há 500 anos AP. Entre 5.940-5.740 anos AP, migrou para o sítio Lauricocha, na província de Huánuco (HU), no Peru. Posteriormente para o sítio peruano La Galgada, no departamento de Ancash (ANC), se derivou no haplogrupo Q1b1a1a1, até entre 4.230-3.980 anos AP. De Los Rieles (CO) também pode ter partido a população que povoou o sítio Cueva Yacotogia, no departamento de Ayacucho (AY), no Peru, entre 1.160-960 anos AP, se derivando no haplogrupo Q1b1a1a1. Posteriormente por volta de 880 anos AP essa mesma população da migração inicial pode ter se derivado no haplogrupo Q1b1a1a1h1, no sítio Botigiriayocc, no mesmo departamento.

A presença da linhagem Q1b1a1a1 pode ser vista no sítio Spirit Cave, Nevada (NV), USA por volta de 10.000 anos AP e pode ter migrado para o sítio San Nicolas Island, no Canal da Califórnia (CA) até entre 4.819-4.342 anos AP, posteriormente migrando para o norte, no sítio Point Sal, também no estado da Califórnia (CA) entre 1.522-1.414 anos AP. O único haplogrupo que não faz parte da linhagem Q ou Q1 é Q2a1a2b, que pode ser encontrado no sítio San Nicolas Island, no Canal da Califórnia (CA) há aproximadamente 4.410±100 anos AP e pode ter migrado para o sítio New Cuyama (CA) mais ao norte, entre 1.390-1.300 anos AP.

Já o fluxo migratório do **haplogrupo R** pode ter início com uma população migrando do sítio On Your Knees Cave, mais a sudeste do Alasca (AK) há ~10.300 anos AP, esta população migrou para a ilha San Nicolas, a sudeste da baía de San Francisco, no Canal da Califórnia, entre 3.868-3.514 anos AP. O haplogrupo R1b1a1b1a encontrado no sítio Cuncaicha, no departamento de Arequipa (ARE), Peru, entre 4.290-4.080 anos AP e permanece na região e se deriva em R1b1a1b1a1a até pelo menos 3.370-3.180 anos AP.

Enquanto o haplogrupo R1b1a1b1a1a2b1e~ pode ter iniciado sua rota entre 9.680-9.530 anos AP no sítio Lapa do Santo, em Lagoa Santa, MG, no Brasil, permanecendo até pelo menos entre 9.410-9.090 anos AP e migrado sentido sudeste o sítio Laranjal, no Vale do Ribeira (SP) entre 6.900-6.680 anos AP e seguindo para o sítio Conchalí, em Santiago (RM), no Chile entre 650-540 anos AP. Esse mesmo fluxo migratório saindo de Lapa do Santo pode ter ido mais ao sul, sentido Arroyo Seco II (AR-B), na Argentina, entre 8.960-8.380 anos AP e podendo ser observado até entre 7.800-7.500 anos AP.

Numa visão geral podem ser observadas migrações principalmente próximas ao litoral. Na América do Norte ocorrem pela costa oeste, margeando o Atlântico Norte. Situação semelhante à que ocorre na América do Sul, muitas migrações pela costa oeste do continente. Sítios na região do Canal da Califórnia (CA) apresentam alto fluxo migratório e de derivação genética em suas linhagens, como também ocorre no complexo de sítios canadense GbTo (BC) e de sítios brasileiros da região de Lagoa Santa (MG). Migrações pelo interior do continente ocorrem em uma frequência muito baixa se comparada com as migrações próximas ao litoral.

6.CONSIDERAÇÕES FINAIS

Esta pesquisa teve como objetivo verificar se a os padrões esperados para haplogrupos do DNAmt e DNAy no continente americano previamente estabelecidos, inferir suas frequências e observar suas presenças em períodos pré e pós-contato e, a partir destes dados, fazer uma correlação entre as amostras de cada linhagem e observar possíveis rotas migratórias. Sendo esperados os haplogrupos A, B, C, D e X para linhagens mitocondriais, enquanto outras derivações devam compor por volta de 5% (Jablonski, 2002; Eshleman; Malhi; Smith, 2003; Achilli *et al*, 2008; Tamm *et al*, 2008). O que foi observado parcialmente em ambos os casos, todos os haplogrupos esperados do DNAmt foram encontrados, além de outros que previamente não se tinha conhecimento de sua presença no continente, como H (observado em vários indivíduos), L, M, N, U e R, sendo este último observado na América do Norte e Sul, entretanto às designadas à L4, N, N13, e M46 não possuem boa confiabilidade em seus dados, sobrando apenas uma amostra designada a M com qualidade considerável (76,44%). Embora as amostras fujam do esperado, as demais apresentam datações e qualidade confiável estimada pelo Haplogrep 3. A frequência destas linhagens, junto com H, estavam dentro do padrão de 5% para contextos gerais.

O haplogrupo mitocondrial americano B2 possui proximidade com a outra linhagem B4b1, que é muito comum em populações do sul da China e sudeste Asiático, mas o que chama atenção é a sua presença nas Filipinas, Indonésia, Taiwan e Haian (Fagundes *et al*., 2008). O que poderia sugerir um fluxo migratório vindo destas regiões e se projetando através das ilhas do oceano Pacífico sul. Não foi realizada a checagem para proximidade genética com estes indivíduos, mas futuras pesquisas podem vir a encontrar relações mais próximas sobre estas linhagens. Geograficamente faz muito sentido essa interação, mas apenas com novas pesquisas este contato vai ser melhor compreendido.

Pensando no clima e nas condições geomorfológicas da época e, principalmente, sobre o mar estar cerca de 100 metros mais baixo do que o nível atual, não é irreal imaginar rotas através do oceano Pacífico para chegar no continente americano. Juntamente com pesquisas genéticas, as pesquisas sobre as questões geomorfológicas como fonte de informação para rotas migratórias podem ajudar a consolidar teorias sobre migração fora da Beríngia.

A proximidade genética ganhou mais força com a hipótese de Ioannidis e colaboradores (2020) do contato de povos Polinésios com populações nativas americanas por volta de 750 anos AP. A partir da análise do genoma completo de 807 indivíduos de 17 populações de ilhas Polinésias e de 15 grupos nativos americanos que habitavam a costa do Pacífico foi possível encontrar essa forte proximidade genética entre esses grupos. Um único contato ocorrido na porção Leste da Polinésia, em um período anterior ao assentamento Rapa Nui, tem fortes evidências desse contato entre esses povos polinésios e indivíduos nativos americanos que possuem características semelhantes aos habitantes atuais da Colômbia. O denominado “sinal australasiano” pode vir a ser observado nos indivíduos utilizados neste trabalho em pesquisas futuras, o que pode ajudar a compreensão da presença da amostra indicada como pertencente da linhagem A0000, visto que populações australasianas carregam entre 4% a 6% de informação genômica denisovana que outras populações (Reich *et al*., 2010). Essa correlação entre ancestralidade denisovana em povos australasianos e sua para o continente americano podem auxiliar a compreensão sobre a presença de ancestralidade denisovana nas Américas.

A presença da linhagem A0000 é uma grande surpresa que ainda é incompreendida, visto que questões sobre intercruzamento entre espécies humanas ainda não é completamente compreendida e a presença desta linhagem em indivíduos sapiens pode sugerir que este processo tenha ocorrido a partir da troca de genes com indivíduos denisovanos do sexo biológico masculino em algum momento do processo de migração para as Américas. Sendo necessário compreender o motivo da preservação destas características, caso venham a ser confirmadas como informações genéticas confiáveis, visto que o mais comum é as informações de linhagens ancestrais serem suprimidas.

A análise comparativa do indivíduo Sumidouro 7 vindo da Gruta do Sumidouro, classificado com a linhagem A0000 neste trabalho, com genoma de referência de um indivíduo denisovano por meio do *software* IBDmix podem auxiliar a compreensão que levou a esta caracterização. A pesquisa de Fernandes (2021) teve premissa similar durante a análise de ancestralidade neandertal em populações americanas, onde foi possível observar em duas amostras também trabalhadas nesta pesquisa. Essa ferramenta pode ser utilizada em pesquisas futuras para analisar essa ancestralidade denisovana na qual as amostras foram categorizadas.

Santos e colaboradores (2022) procuraram sinais sobre ancestralidade denisovana em outra amostra do sítio Gruta do Sumidouro, a amostra Sumidouro 5, que havia semelhança genética com a amostra panamenha PAPV173. Essa amostra possui maior presença de informações genéticas denisovanas do que neandertalenses. Isso denota que essa classificação realizada pelo Y-LineageTracker pode ter encontrado esse rastro de informação e classificado o indivíduo como A0000. Entretanto apenas novas análises mais direcionadas, com uma comparação direta com genoma de referência denisovano podem responder essa pergunta.

E os haplogrupos C, K, P, Q e R (YFull, 2024) para linhagens do cromossomo Y. As linhagens paternas do cromossomo Y foram possíveis de se encontrar todas as esperadas, com exceção a linhagem K e P, mas foram observadas outras linhagens que fogem do padrão esperado, sendo estas CT, E, I, J e N de forma praticamente inexpressiva e a linhagem ligada aos denisovanos A0000. A soma da frequência em haplogrupos não esperados é de 10.3%. Enquanto Q e R compõem 85% das amostras.

O baixo número de linhagens desses haplogrupos pode ser resultado do *Founder Effect*, o evento ocorre quando uma população nova é estabelecida a partir de um pequeno número de indivíduos e vai crescendo para uma grande população. Resultando em um número reduzido de diversidade genômica e uma alta frequência de certos alelos (Strachan; Read, 2019). Ou seja, é possível observar as mesmas mutações nessa população, como no caso das amostras trabalhadas na pesquisa, onde as linhagens derivadas de Q são em grande maioria Q1 e as de R se derivam em R1. Isso expõe a baixa variabilidade genética dessas populações, o que pode ser resultado um número reduzido de fluxos migratórios num contexto geral ou que ocorreram significativamente mais migrações dessas populações.

Um grande ponto seria sobre a origem do haplogrupo R na América, que em pesquisas anteriores não se compreendia sua presença no continente em períodos pré-contato (Zhao *et al*., 2009), mas que foram observadas amostras com datações antigas até ~10.300 anos AP nos EUA e entre 9.680-9.530 anos AP no Brasil. Desta forma podemos observar que a presença do haplogrupo é muito antiga entre indivíduos americanos.

Foi possível propor migrações a nível local e regional por meio das correlações entre a espacialidade, datação e haplogrupo das amostras. Podendo

observar diversas rotas possíveis, principalmente em regiões próximas ao litoral do Pacífico na América do Sul e Norte, sendo a porção sul acompanhada pela cordilheira dos Andes. Migrações acompanhando o litoral do Atlântico também foram possíveis de ser relacionadas principalmente na porção central-sul da América do Sul. Num contexto geral, migrações pelo interior do continente não apresentaram a mesma frequência se comparados com migrações pelo litoral. Locais que apresentavam maior quantidade de indivíduos resultaram em processos migratórios mais complexos e elaborados, como é o caso do complexo de sítios canadense GbTo na Colúmbia Britânica (BC) que tiveram uma enorme diversidade genética tanto de linhagens mitocondriais quanto do cromossomo Y. Assim como nos sítios próximos ao Canal da Califórnia (CA), que também tiveram enorme variedade genética, tendo trocado em vários momentos com os indivíduos dos sítios GbTo.

No Brasil, indivíduos dos sítios de Lagoa Santa (MG) mostraram diversidade de DNAmt dentro do esperado, mas se tratando de cromossomo Y os resultados apresentaram linhagens não conhecidas nas Américas, como a A0000, linhagem que pode ter sido resultante a partir de processos de intercruzamento com indivíduos denisovanos sendo apenas um sinal dessa ancestralidade ou um erro na classificação do indivíduo o ocasionado pela ferramenta utilizada na pesquisa. Pesquisas futuras fazem necessário para elucidar essa questão, seja por uso de outras ferramentas de análise como o Y-Lineage Tracker, que trabalha com dados publicados, ou diretamente com o indivíduo e ferramentas com uso de PCR.

Embora os resultados tenham sido relevantes, o processo para tal passou por certas dificuldades. A maior dificuldade em propor rotas migratórias se dá pela ausência de dados em regiões importantes, como na América Central, que só haviam 3 amostras vindas de Belize, limitando muito a possibilidade de fazer uma correlação com amostras norte e sul-americanas. A ausência de datações também atrapalhou na observação de possíveis rotas, já que não era possível identificar se sua presença era prévia ou posterior a populações geograficamente próximas.

Durante as pesquisas sobre cromossomo Y a disponibilidade de dados foi bem inferior às do DNA mitocondrial, tendo que recorrer a pesquisas publicadas em outros idiomas menos convencionais (além do inglês, espanhol e português), como é o caso da pesquisa da Mitsuru (2009), em japonês, para obter fontes confiáveis sobre as informações. Isso demonstra a carência de pesquisas de cromossomo Y num contexto geral, sobretudo em linhagens que não são esperadas nas Américas,

que possuem ainda menos informações. Desta forma, seria interessante o desenvolvimento de novas pesquisas sobre linhagens do cromossomo Y em um contexto geral para auxiliar a compreensão sobre a presença de outras linhagens no continente, sobretudo sobre “não-americanas”.

Em ambas as linhagens, podemos observar que os padrões já não respondem de forma satisfatória às questões sobre presença de haplogrupos esperados e suas derivações, visto que outras muito fora do padrão foram observadas em períodos pré-contato, sugerindo migrações anteriores para as localidades. Desta forma, seria necessário uma que novas pesquisas ocorram para que seja possível compreender esses novos dados gerados nos últimos anos. A presença da linhagem A0000 traz mais uma dúvida sobre processos de intercruzamento entre espécies humanas e a presença de traços desses eventos no continente americano, tornando evidente a importância de buscas sobre traços desta linhagem e traços de linhagens neandertais ao longo do continente.

Se trabalhado em paralelo com pesquisas de genoma completo podemos elucidar questões levantadas nesta pesquisa, visto que ambas fontes de dados (DNAmt e Cromossomo Y) só fornecem as informações de um lado da ancestralidade do indivíduo (Pennisi, 2001). Com uso do genoma completo podemos fazer uma leitura completa do perfil genético dos indivíduos e relacioná-los entre si, auxiliando a compreensão de como esses indivíduos se aproximaram um dos outros e em paralelo observar o fluxo gênico trocado entre eles durante os processos migratórios.

A grande diversidade genética em certos locais, como os sítios canadenses do complexo GbTo, na Colúmbia Britânica (BC), nas ilhas estadunidenses do Canal da Califórnia (CA) e nos sítios brasileiros de Lagoa Santa (MG). Pode sugerir que a diversidade genética de indivíduos americanos seja maior do que se imaginava, isto pode ser resultado de diversas pesquisas nas localidades, aprofundando os conhecimentos sobre o perfil genético dos indivíduos que ocuparam a área. Então mais pesquisas resultarão em resultados mais completos sobre os processos de migração ao longo do continente, óbvio que isso é uma grande questão de recursos, o que pode ser refletido nos dados apresentados por países com maior investimento em suas pesquisas.

O que de fato pode ser observado com ênfase é que a teoria da rota migratória através da Beríngia não é a única explicação sobre o ponto de entrada no

continente americano. Ao observar migrações através do oceano Pacífico as rotas fazem praticamente uma seta em direção ao continente americano, sendo clara como via de acesso pelo litoral oeste do continente. Nos próximos anos novas pesquisas devem reforçar essa teoria e acabar com a ideia hegemônica de uma única rota de entrada no continente.

Entretanto, apenas com o investimento em pesquisas poderemos ter as informações necessárias para tornar ainda mais completo o entendimento sobre os processos de fluxos migratórios, sobretudo em países Latinos, que possuem dados em uma quantidade significantemente menor quando em relação aos dados vindos do Canadá e EUA. Além de países da Oceania que também precisam de novas amostras encontradas e publicadas para reforçar essa outra teoria de povoamento. Em especial faz-se necessário olhar para estas parcelas do DNA como uma fonte para informações extremamente relevantes destes processos migratórios, que permanece escondida nas sombras de pesquisas de genoma completo.

7.REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1000 GENOMES PROJECT CONSORTIUM et al. A global reference for human genetic variation. **Nature**, v. 526, n. 7571, p. 68-74, 2015.

ACHILLI, A. *et al.* The molecular dissection of DNAmt haplogroup H confirms that the Franco-Cantabrian glacial refuge was a major source for the European gene pool. **American Journal of Human Genetics**, v. 75, n. 5, p. 910–918, nov. 2004. DOI: 10.1086/425590.

ACHILLI, A. et al. "The Phylogeny of the Four Pan-American DNAmt Haplogroups: Implications for Evolutionary and Disease Studies". **PLOS ONE**. v. 3, n. 3, p. 1-8, 2008.

AL-SUWAIDI , Majid. **A multi-disciplinary study of Port Eliza Cave sediments and their implications for human coastal migration**. 2005. Dissertação de mestrado (Mestre em Ciências) - Simon Frase University, [*S. l.*], 2005. Disponível em: https://summit.sfu.ca/_flysystem/fedora/sfu_migrate/4497/etd1535.pdf. Acesso em: 18 abr. 2025.

ANDERSON, David G.; GILLAM, J. Christopher. Paleoindian colonization of the Americas: implications from an examination of physiography, demography, and artifact distribution. **American Antiquity**, v. 65, n. 1, p. 43-66, 2000.

ANDERSON, S.; BANKIER, A.; BARRELL, B. *et al.* Sequence and organization of the human mitochondrial genome. **Nature**, v. 290, p. 457–465, 1981. DOI: 10.1038/290457a0.

ANDREWS, R.; *et al.* Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA. **Nature Genetics**, v. 23, p. 147, 1999. DOI: 10.1038/13779.

ANSARI POUR, N.; PLASTER, C.; BRADMAN, N. Evidence from Y-chromosome analysis for a late exclusively eastern expansion of the Bantu-speaking people. **European Journal of Human Genetics**, v. 21, n. 4, p. 423–429, 2013. DOI: 10.1038/ejhg.2012.176.

ARORA, D *et al*. Hgs Db: Haplogroups Database to understand migration and molecular risk assessment. **Bioinformation**. v. 11. n.6. p. 272–75, 2015.

AULICINO, Emilly. **Genetic Genealogy**: The Basics and Beyond. 2013.

BARONE, Luca. O geneticista italiano que desmontou o conceito de raça. **EL PAÍS**, p. 1-10, 4 set. 2018. Disponível em:

https://brasil.elpais.com/brasil/2018/09/03/ciencia/1535974124_908508.html. Acesso em: 16 abr. 2025.

BATTAGLIA, V. *et al.* The First Peopling of South America: New Evidence from Y-Chromosome Haplogroup Q. **PLOS One**, v. 8, n. 8, e71390, 2013. DOI: 10.1371/journal.pone.0071390.

BCFTOOLS - utilities for variant calling and manipulating VCFs and BCFs. 21 out. 2021. Disponível em: http://samtools.github.io/bcftools/bcftools.html. Acesso em: 27 out. 2021.

BEHAR, D. M. *et al.* A "Copernican" reassessment of the human mitochondrial DNA tree from its root. **American Journal of Human Genetics**, v. 90, n. 4, p. 675–684, 2012. DOI: 10.1016/j.ajhg.2012.03.002.

BINI, C.; CILLI, E.; SARNO, S.; et al. Twenty-Seven Y-Chromosome Short Tandem Repeats Analysis of Italian Mummies of the 16th and 18th Centuries: An Interdisciplinary Research. **Frontiers in Genetics**, v. 12, 2021. doi: 10.3389/fgene.2021.720640.

BODNER, M. *et al.* Rapid coastal spread of First Americans: novel insights from South America's Southern Cone mitochondrial genomes. **Genome Research**, v. 22, n. 5, p. 811-820, 2012. DOI: 10.1101/gr.131722.111.

BOLNICK, D. A. The Genetic Prehistory of Eastern North America: Evidence from Ancient and Modern DNA. **University of California, Davis**, 2005. p. 83.

BOLNICK, D.; BOLNICK, D.; SMITH, D. Asymmetric male and female genetic histories among Native Americans from Eastern North America. **Molecular Biology and Evolution**, v. 23, n. 11, p. 2161–2174, 2006. DOI: 10.1093/molbev/msl088.

BORGES-OSÓRIO, Regina; ROBINSON, Wanyce. **Genética Humana**. 2001. 459 p. v. 2.

BORTOLINI, M. C. *et al.* Y-Chromosome evidence for differing ancient demographic histories in the Americas. **The American Journal of Human Genetics**, v. 73, n. 3, p. 524–539, 2003. DOI: 10.1086/377588.

BRADLEY, B.; STANFORD, D. The North Atlantic ice-edge corridor: A possible Palaeolithic route to the New World. **World Archaeology**, v. 36, n. 4, p. 459–478, 2004. doi: 10.1080/0043824042000303656.

BRIGHAM-GRETTE, J. *et al*. Paleoenvironmental conditions in western Beringia before and during the Last Glacial Maximum. In: MADSEN, D. B. (Ed.). Entering America: Northeast Asia and Beringia before the last glacial maximum. Salt Lake City: **University of Utah Press**, p. 29-61, 2004.

BROWN, David. DNA from bone shows new human forerunner, and raises array of questions. **The Washington Post Company**. 25 mar. 2010. Disponível em:https://www.washingtonpost.com/wp-dyn/content/article/2010/03/24/AR2010032401926_pf.html. Acesso em: 31 jan. 2025.

BROWN, T.A. **Genomes**. 2002. 608 p. v. 2.

BROWN, W.M. Polymorphism in mitochondrial DNA of humans as revealed by restriction endonuclease analysis. **Proc Natl Acad Sci USA.** v. 77, n. 6, p. 3605-9, 1980.

CABRERA, V.; MARRERO, P.; ABU-AMERO, K.; LARRUGA, J. Carriers of mitochondrial DNA macrohaplogroup L3 basal lineages migrated back to Africa from Asia around 70,000 years ago. **BMC Evolutionary Biology**, v. 18, n. 98, p. 98, 2019. DOI: 10.1186/s12862-018-1211-4.

CANN, R. L.; BROWN, W. M.; WILSON, A. C. Polymorphic Sites and the Mechanism of Evolution in Human Mitochondrial DNA. **Genetics**, v. 106, p. 479–490, 1984.

CANN, R. L. Genetics. Y weigh in again on modern humans. **Science**, v. 341, n. 6145, p. 465–467, 2013. DOI: 10.1126/science.1242899.

CHAN, Bert Wang-Chak. **World Map of Y-Chromossome Haplogroups**. 2013. Disponível em: https://en.wikipedia.org/wiki/File:World_Map_of_DNAy_Haplogroups.png. Acesso em: 25 set. 2024.

CHANDRASEKAR, A. *et al.* Updating Phylogeny of Mitochondrial DNA Macrohaplogroup M in India: Dispersal of Modern Human in South Asian Corridor. **PLOS ONE**, v. 4, n. 10, e7447, 2009. DOI: 10.1371/journal.pone.0007447.

CHEN, H. *et al.* Y-LineageTracker: a high-throughput analysis framework for Y-chromosomal next-generation sequencing data. **BMC Bioinformatics**, v. 22, p. 114, 2021. DOI: 10.1186/s12859-021-04057-z.

CHIAL, H.; CRAIG, J. DNAmt and mitochondrial diseases**. Nature Education** v. 1, n. 1, p.217, 2008. Disponível em: https://www.nature.com/scitable/topicpage/DNAmt-and-mitochondrial-diseases-903/ Acesso em: 20 out 2021.

COBLE, M. D.; LOREILLE, O. M.; WADHAMS, M. J.; et al. Mystery solved: the identification of the two missing Romanov children using DNA analysis. **PLoS One**, v. 4, e4838, 2009. doi: 10.1371/journal.pone.0004838.

COMAS, D. *et al.* Admixture, migrations, and dispersals in Central Asia: evidence from maternal DNA lineages. **European Journal of Human Genetics**, v. 12, n. 6, p. 495–504, jun. 2004. DOI: 10.1038/sj.ejhg.5201160.

CORACH, D. *et al.* Inferring Continental Ancestry of Argentineans from Autosomal, Y-Chromosomal and Mitochondrial DNA. **Annals of Human Genetics**, v. 74, n. 1, p. 65–76, 2010. DOI: 10.1111/j.1469-1809.2009.00556.x.

COX, C. B.; MOORE, P. D.; LADLE, R. Biogeography**:** An Ecological and Evolutionary Approach. **Wiley-Blackwell.** p. 106, 2016.

CRUCIANI, F.; *et al.* A Back Migration from Asia to Sub-Saharan Africa Is Supported by High-Resolution Analysis of Human Y-Chromosome Haplotypes. **American Journal of Human Genetics**, v. 70, n. 5, p. 1197–1214, 2002. DOI: 10.1086/340257.

CRUCIANI, F. *et al.* A Revised Root for the Human Y Chromosomal Phylogenetic Tree: The Origin of Patrilineal Diversity in Africa. **The American Journal of Human Genetics**, v. 88, n. 6, p. 814–818, 2011. DOI: 10.1016/j.ajhg.2011.05.002.

DALTON, R. Fossil finger points to new human species. **Nature**, v. 464, p. 472, 2010. DOI: 10.1038/464472a.

DAWKINS, R. **The Ancestor's Tale**. Houghton Mifflin Harcourt, 2005.

DE SAINT PIERRE, M. *et al.* An alternative model for the early peopling of southern South America revealed by analyses of three mitochondrial DNA haplogroups. **PLOS ONE**, v. 7, p. 1–12, 2012.

DENARO, M et al. Ethnic variation in Hpa 1 endonuclease cleavage patterns of human mitochondrial DNA. **Proc Natl Acad Sci USA**. v.78, n. 9, p. 5768-72, 1981.

DEBLASIS, Paulo *et al*. Sambaquis e paisagem: dinâmica natural e arqueologia regional no litoral do sul do Brasil. **Arqueologia suramericana**, v. 3, n. 1, p. 29-61, 2007.

DERENKO, M.; MALYARCHUK, B.; GRZYBOWSKI, T. *et al.* Phylogeographic analysis of mitochondrial DNA in northern Asian populations. **American Journal of Human Genetics**, v. 81, n. 5, p. 1025–1041, nov. 2007. DOI: 10.1086/522933.

DERENKO, M.; MALYARCHUK, B.; GRZYBOWSKI, T. *et al.* Origin and post-glacial dispersal of mitochondrial DNA haplogroups C and D in northern Asia. **PLOS ONE**, v. 5, n. 12, e15214, 2010. DOI: 10.1371/journal.pone.0015214.

DI CRISTOFARO, J. *et al.* Afghan Hindu Kush: where Eurasian sub-continent gene flows converge. **PLOS ONE**, v. 8, n. 10, e76748, 2013. DOI: 10.1371/journal.pone.0076748.

DOLGIN, E. Human mutation rate revealed. **Nature**, 2009. DOI: 10.1038/news.2009.864.

DRIEM, G. L. VAN. Ethnolinguistic Prehistory: The Peopling of the World from the Perspective of Language, Genes and Material Culture. **BRILL**, 2021. ISBN 978-90-04-44837-7.

DUGGAN, A. T. *et al.* Investigating the Prehistory of Tungusic Peoples of Siberia and the Amur-Ussuri Region with Complete DNAmt Genome Sequences and Y-chromosomal Markers. **PLOS ONE**, v. 8, n. 12, e83570, 2013.

ESHLEMAN, J.; MALHI, R.; SMITH, D. Mitochondrial DNA Studies of Native Americans - Conceptions and Misconceptions of the Population Prehistory of the Americas. **Evolutionary Anthropology**. v. 12, n. 1, p. 7–18, 2003. doi:10.1002/evan.10048.

FAGUNDES, Nelson J. R.; *et al.* Mitochondrial population genomics supports a single pre-Clovis origin with a coastal route for the peopling of the Americas. **AMERICAN JOURNAL OF HUMAN GENETICS**, v. 82, n. 3, p. 583–592, 2008. DOI: 10.1016/j.ajhg.2007.11.013.

FEDOROVA, Sardana A.; *et al.* Autosomal and uniparental portraits of the native populations of Sakha (Yakutia): implications for the peopling of Northeast Eurasia. **BMC EVOLUTIONARY BIOLOGY**, v. 13, p. 127, 2013. DOI: 10.1186/1471-2148-13-127.

FEHREN-SCHMITZ, L. *et al*. Genetic Ancestry of Rapanui before and after European Contact. **Current Biology**, [*s. l.*], 23 out. 2017. DOI https://doi.org/10.1016/j.cub.2017.09.029. Disponível em: https://www.cell.com/current-biology/fulltext/S0960-9822(17)31194-6?_returnURL=https%3A%2F%2Flinkinghub.elsevier.com%2Fretrieve%2Fpii%2FS0960982217311946%3Fshowall%3Dtrue. Acesso em: 26 ago. 2022.

FELDMAN, Michal; *et al.* Late Pleistocene human genome suggests a local origin for the first farmers of central Anatolia. **NATURE COMMUNICATIONS**, v. 10, n. 1218, 2019. DOI: 10.1038/s41467-019-09209-7.

FERNANDES, Nicollas Michell Bandim. Identificação de ancestralidade neandertal nas linhagens genéticas de indivíduos antigos do Brasil. 2021. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharel em Arqueologia) – Universidade Federal de Pernambuco, Recife, 2021.

FERREIRA , Graça; MARTINELLI, Marcello. Atlas Geográfico Espaço Mundial. 5. ed. [*S. l.*]: **Moderna**, 2019. P. 37. Disponível em: https://www.calameo.com/read/00289932730e9bbe62c42?authid=xgo91YKk0GtK. Acesso em: 18 abr. 2025.

FERRIS, S. D.; WILSON, A. C.; BROWN, W. M. Evolutionary tree for apes and humans based on cleavage maps of mitochondrial DNA. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 78, n. 4, p. 2432-2436, abr. 1981. DOI: 10.1073/pnas.78.4.2432.

FLEGONTOV, Pavel *et al*. Palaeo-Eskimo genetic ancestry and the peopling of Chukotka and North America. **Nature**, v. 570, n. 7760, p. 236-240, 2019.

FU, Qiaomei; *et al.* Genome sequence of a 45,000-year-old modern human from western Siberia. **NATURE**, v. 514, n. 7523, p. 445–449, 2014. DOI: 10.1038/nature13810.

FU, Qiaomei; *et al.* The genetic history of Ice Age Europe. **NATURE**, v. 534, n. 7606, p. 200–205, 2016. Disponível em: https://doi.org/10.1038/nature17993.

FUENTE, C *et al*. Genomic insights into the origin and diversification of late maritime hunter-gatherers from the Chilean Patagonia. **PNAS**, [*s. l.*], 9 abr. 2018. DOI https://doi.org/10.1073/pnas.1715688115. Disponível em: https://www.pnas.org/doi/abs/10.1073/pnas.1715688115. Acesso em: 26 ago. 2022.

FUERST, David N**.** Paleoindian Clovis spearpoint and scraper from Richmond Bottoms site. 2023. Disponível em: https://www.nps.gov/neri/learn/historyculture/history-of-native-americans-in-the-lower-new-river-region.htm. Acesso em: 24 set. 2024.

GAVIRIA, A.; *et al.* Characterization and haplotype analysis of 11 Y-STR loci in Ecuadorian population. **FORENSIC SCIENCE INTERNATIONAL: GENETICS SUPPLEMENT SERIES**, v. 4, n. 1, p. e310–e311, 2013. DOI: 10.1016/j.fsigss.2013.10.158.

GENETIKER. Y-SNP calls for Krems WA3. Disponível em: https://genetiker.wordpress.com/y-snp-calls-for-krems-wa3/. Acesso em: 26 jan. 2024.

GITSCHIER, J. Imagine: An Interview with Svante Pääbo. **PLOS Genetics**, v. 4, n. 3, e1000035, 2008. doi: 10.1371/journal.pgen.1000035.

GRUGNI, V.; *et al.* Exploring the Y chromosomal ancestry of modern Panamanians. **PLOS ONE**, v. 10, n. 12, p. e0144223, 2015. DOI: 10.1371/journal.pone.0144223.

HAAK, W.; *et al.* Ancient DNA from European Early Neolithic farmers reveals their Near Eastern affinities. **PLOS BIOLOGY**, v. 8, n. 11, p. e1000536, 2010. DOI: 10.1371/journal.pbio.1000536.

HAAK, W.; *et al.* Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe. **NATURE**, v. 522, n. 7555, p. 207–211, 2015. DOI: 10.1038/nature14317.

HAAS, C.; SHVED, N.; RÜHLI, F. J.; et al. Y-chromosomal analysis identifies the skeletal remains of Swiss national hero Jörg Jenatsch (1596–1639). **Forensic Science International**: Genetics, v. 7, p. 610–617, 2013. doi: 10.1016/j.fsigen.2013.08.006.

HABER, M.; *et al.* A rare deep-rooting D0 African Y-chromosomal haplogroup and its implications for the expansion of modern humans out of Africa. **GENETICS**, v. 212, n. 4, p. 1421–1428, 2019. DOI: 10.1534/genetics.119.302368.

HALLAST, Pille; *et al.* A Southeast Asian origin for present-day non-African human Y chromosomes. **HUMAN GENETICS**, v. 140, n. 2, p. 299–307, 2021. DOI: 10.1007/s00439-020-02204-9.

HALLAST, P.; *et al.* Assembly of 43 human Y chromosomes reveals extensive complexity and variation. **NATURE**, v. 621, p. 355–364, 2023. DOI: 10.1038/s41586-023-06425-6.

HAMMER, M. F.; *et al.* Dual origins of the Japanese: common ground for hunter-gatherer and farmer Y chromosomes. **JOURNAL OF HUMAN GENETICS**, v. 51, n. 1, p. 47–58, 2006a. DOI: 10.1007/s10038-005-0322-0.

HAMMER, M. F.; *et al.* Population structure of Y chromosome SNP haplogroups in the United States and forensic implications for constructing Y chromosome STR databases. **FORENSIC SCIENCE INTERNATIONAL**, v. 164, n. 1, p. 45–55, 2006b. DOI: 10.1016/j.forsciint.2005.11.013.

HAVAŠ AUGUŠTIN, D.; et al**.** Refining the Global Phylogeny of Mitochondrial N1a, X, and HV2 Haplogroups Based on Rare Mitogenomes from Croatian Isolates. **Genes (Basel)**, v. 14, n. 8, p. 1614, 12 ago. 2023. DOI: 10.3390/genes14081614. PMID: 37628665. PMCID: PMC10454736.

HE, Guang-Lin; *et al.* Extensive ethnolinguistic diversity at the crossroads of North China and South Siberia reflects multiple sources of genetic diversity. **JOURNAL OF SYSTEMATIC EVOLUTION**, v. 61, n. 1, p. 230–250, 2023.

HELGASON, Agnar; *et al.* DNAmt variation in Inuit populations of Greenland and Canada: migration history and population structure. **AMERICAN JOURNAL OF PHYSICAL ANTHROPOLOGY**, v. 130, n. 1, p. 123–134, 2006. DOI: 10.1002/ajpa.20313.

HERVELLA, M.; SVENSSON, E. M.; ALBERDI, A.; GÜNTHER, T.; IZAGIRRE, N.; MUNTERS, A. R.; et al. The mitogenome of a 35,000-year-old Homo sapiens from Europe supports a Palaeolithic back-migration to Africa. **Scientific Reports**, v. 6, p. 25501, mai. 2016. DOI: 10.1038/srep25501.

HETHERINGTON, R.; WIEBE, E.; WEAVER, A. J.; et al. **Climate, African and Beringian subaerial continental shelves, and migration of early peoples**, 2007.

HOFMANOVÁ, Zuzana; *et al.* Early farmers from across Europe directly descended from Neolithic Aegeans. **BIORXIV**, 25 nov. 2015. DOI: 10.1101/032763.

HOFSTATTER, P. **IDENTIFICAÇÃO HUMANA POR DNA MITOCONDRIAL**. 2013. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharel em Biomedicina) - Centro Universitário de Brasília, 2013. Disponível em: https://repositorio.uniceub.br/jspui/bitstream/235/3879/1/Outro%20documento%20%2814%29.pdf. Acesso em: 22 out. 2021.

HOLTEN, Birgitte; STERLL, Michael. **P. W. Lund e as Grutas Com Ossos Em Lagoa Santa**. Belo Horizonte: Editora UFMG, 2012.

HOMO sapiens mitochondrion, complete genome. **NATIONAL CENTER FOR BIOTECHNOLOGY INFORMATION**. 2023. Disponível em: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_012920.1. Acesso em: 20 jan. 2025.

HU, Kang; *et al.* The dichotomy structure of Y chromosome Haplogroup N. **ARXIV**, 24 abr. 2015. Disponível em: https://arxiv.org/abs/1504.06463. Acesso em: 23 dez. 2024.

HUBBE, Mark *et al*. Postmarital residence practice in southern Brazilian coastal groups: continuity and change. **Latin American Antiquity**, v. 20, n. 2, p. 267-278, 2009.

HURLE, Belen. Y Chromosome. **NATIONAL HUMAN GENOME RESEARCH INSTITUTE**. Disponível em: https://www.genome.gov/genetics-glossary/Y-Chromosome. Atualizado em: 21 nov. 2024. Acesso em: 22 nov. 2024.

IOANNIDIS, A.G.; BLANCO-PORTILLO, J.; SANDOVAL, K.; et al. Native American gene flow into Polynesia predating Easter Island settlement. **Nature**, v. 583, p. 572–577, 2020. https://doi.org/10.1038/s41586-020-2487-2.

ISOGG - **International Society of Genetic Genealogy**. Genetics Glossary, 2023. Disponível em: https://isogg.org/wiki/Genetics_Glossary. Acesso em: 14 abr. 2025.

ISOGG - **International Society of Genetic Genealogy**. DNAy Haplogroup Tree, 2019 Versão 15.73. Disponível em: https://isogg.org/tree/index.html. Acesso em: 24 jan. 2024.

JABLONSKI, N. The first Americans: the Pleistocene colonization of the New World. **University of California Press**. p. 301. 2002.

JOBLING, M. A.; TYLER-SMITH, C. The human Y chromosome: an evolutionary marker comes of age. **Nature Reviews Genetics**, v. 4, p. 598–612, 2003. doi: 10.1038/nrg1124.

JOCHIM, Michael. Chapter 4: The Upper Paleolithic. In: MILESAUKAS, Suranas. European Prehistory: **A Survey. Berlin**: Springer, 2012. p. 84. ISBN 0306467933.

JOHNSON, M.J.; *et al*. Radiation of human mitochondria DNA types analyzed by restriction endonuclease cleavage patterns. **J Mol Evol.** v. 19, n.3-4, p. 255-71, 1983.

JOHNSON, Norman. Darwinian Detectives: Revealing the Natural History of Genes and Genomes. 2007. 256 p.

JOTA, M.; SANTOS, F.; A contribuição dos estudos da genética de populações na História Pré-Colombiana da América. **Arquivos do Museu de História Natural e Jardim Botânico**, v. 23, n. 1, p. 56-88, 1 jan. 2014.

KARAFET, Tatiana M.; *et al.* New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosomal haplogroup tree. **GENOME RESEARCH**, v. 18, n. 5, p. 830–838, mai. 2008. DOI:10.1101/gr.7172008.

KARAFET, T. M. et al. Improved phylogenetic resolution and rapid diversification of Y-chromosome haplogroup K-M526 in Southeast Asia. **European Journal of Human Genetics**, v. 23, n. 3, p. 369–373, mar. 2015. DOI: 10.1038/ejhg.2014.106. Disponível em: PMC4326703.

KARMIN, M. **Human mitochondrial DNA haplogroup R in India: dissecting the phylogenetic tree of South Asian-specific lineages** (Dissertação de Mestrado). University of Tartu. 2005. hdl:10062/567.
KARMIN, M.; *et al.* A recent bottleneck of Y chromosome diversity coincides with a global change in culture. **GENOME RESEARCH**, v. 25, n. 4, p. 459–466, 2015. DOI: 10.1101/gr.186684.114.
KEFI, R.; *et al.* On the origin of Iberomaurusians: new data based on ancient mitochondrial DNA and phylogenetic analysis of Afalou and Taforalt populations. **MITOCHONDRIAL DNA PART A**, v. 29, n. 1, p. 147–157, jan. 2018. DOI: 10.1080/24701394.2016.1258406.

KIVISILD, T.; *et al.* The genetic heritage of the earliest settlers persists both in Indian tribal and caste populations. **AMERICAN JOURNAL OF HUMAN GENETICS**, v. 72, n. 2, p. 313–332, fev. 2003. DOI: 10.1086/346068.

KIVISILD, T. Maternal Ancestry and population history from whole mitochondrial genomes. **Investigative Genetics**, v. 6, 2015. Art. 3.

KLOSS-BRANDSTÄTTER, Anita *et al*. HaploGrep: A Fast and Reliable Algorithm for Automatic Classification of Mitochondrial DNA Haplogroups. **Human Genome Variation Society**, p. 25-32, 5 jul. 2010.

KOHL, M.; *et al.* Distribution of Y-chromosomal SNP-haplogroups between males from Ethiopia. **FORENSIC SCIENCE INTERNATIONAL: GENETICS SUPPLEMENT SERIES**, v. 2, n. 1, p. 435–436, 13 nov. 2009. DOI: 10.1016/j.fsigss.2009.08.051.

KRAUSE, J.; *et al.* The complete mitochondrial DNA genome of an unknown hominin from southern Siberia. **NATURE**, v. 464, p. 894–897, 2010. DOI: 10.1038/nature08976.

KUJANOVA, M.; *et al.* Near Eastern Neolithic genetic input in a small oasis of the Egyptian Western Desert. **AMERICAN JOURNAL OF PHYSICAL ANTHROPOLOGY**, v. 140, n. 2, p. 336–346, 2009. DOI:10.1002/ajpa.21078.

KUMAR, S.; *et al.* Large scale mitochondrial sequencing in Mexican Americans suggests a reappraisal of Native American origins. **BMC EVOLUTIONARY BIOLOGY**, v. 11, n. 1, p. 293, 2011. DOI: 10.1186/1471-2148-11-293.

KYSER, M. Forensic use of Y-chromosome DNA: a general overview. **Human Genetics**, v. 136, p. 621–635, 2017. doi: 10.1007/s00439-017-1776-9.

LARMUSEAU, M. H. D.; OTTONI, C. Mediterranean Y-chromosome 2.0 - why the Y in the Mediterranean is still relevant in the postgenomic era. **Annals of Human Biology**, v. 45, p. 20–33, 2018. doi: 10.1080/03014460.2017.1402956.

LARRUGA, José M. Carriers of mitochondrial DNA macrohaplogroup R colonized Eurasia and Australasia from a Southeast Asia core area. **BMC EVOLUTIONARY BIOLOGY**, v. 17, n. 1, p. 115, 23 maio 2017. DOI: 10.1186/s12862-017-0964-5.

LEAL, Rafael Genilson Marinho. **Um estudo arqueogenético comparado de linhagens mitocondriais na América do Sul:** espacialidade, derivação de haplogrupos e rotas migratórias entre 11.000 e 500 anos AP. 2021. Trabalho de conclusão de curso (Bacharel em Arqueologia) - Universidade Federal de Pernambuco, [*S. l.*], 2021.

LELL, J. T. et al. The dual origin and Siberian affinities of Native American Y chromosomes. **American Journal of Human Genetics**, v. 70, n. 1, p. 192–206, jan. 2002. DOI: 10.1086/338457.

LI, H. A statistical framework for SNP calling, mutation discovery, association mapping and population genetical parameter estimation from sequencing data. **BIOINFORMATICS ORIGINAL PAPER**, v. 27, n. 21, p. 2987-2993, 2011. DOI 10.1093/bioinformatics/btr509.

LINDERHOLM, Anna. Ancient DNA: the next generation–chapter and verse. **BIOLOGICAL JOURNAL OF THE LINNEAN SOCIETY**, v. 117, n. 1, p. 150–160, 2016.

LINDO, John *et al*. A time transect of exomes from a Native American population before and after European contact. **Nature communications**, v. 7, n. 1, p. 1-11, 2016.

LINDO, John *et al*. Ancient individuals from the North American Northwest Coast reveal 10,000 years of regional genetic continuity. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 114, n. 16, p. 4093-4098, 2017.

LINDO, J *et al*. The genetic prehistory of the Andean highlands 7000 years BP though European contact. **SCIENCE ADVANCES**, [*s. l.*], 8 nov. 2018. Disponível em: https://www.science.org/doi/10.1126/sciadv.aau4921. Acesso em: 27 ago. 2022.

LIPPOLD, S.; XU, H.; KO, A.; et al. Human paternal and maternal demographic histories: insights from high-resolution Y chromosome and mtDNA sequences. **Investigative Genetics**, v. 5, 2014. Art. 13. https://doi.org/10.1186/2041-2223-5-13.

LOVO-GÓMEZ, J.; *et al.* The genetic male legacy from El Salvador. **FORENSIC SCIENCE INTERNATIONAL**, v. 171, n. 2–3, p. 198–203, set. 2007. DOI: 10.1016/j.forsciint.2006.07.005.

LOOGVALI, Eva-Liis; *et al.* Explaining the imperfection of the molecular clock of hominid mitochondria. **PLOS ONE**, v. 4, n. 12, p. e8260, 2009. DOI: 10.1371/journal.pone.0008260.

MAGOON, G. R.; BANKS, R. H.; ROTTENSTEINER, C.; SCHRACK, B. E.; TILROE, V. O.; ROBB, T.; *et al.* Generation of high-resolution a priori Y-chromosome phylogenies using "next-generation" sequencing data. **bioRxiv**, 2013. DOI: 10.1101/000802.

MAHAL, David G.; MATSOUKAS, Ianis G. The Geographic Origins of Ethnic Groups in the Indian Subcontinent: Exploring Ancient Footprints with DNAy Haplogroups. **Frontiers in Genetics**, v. 9, p. 4, 23 jan. 2018. DOI: 10.3389/fgene.2018.00004.

MAJI, S; KRITHIKA, S.; VASUL, T.S. Distribution of Mitochondrial DNA Macrohaplogroup N in India with Special Reference to Haplogroup R and its Sub-Haplogroup U. **International Journal of Human Genetics**. v. 8, n. 1–2, p. 85–96, 2008. doi:10.1080/09723757.2008.11886022

MALHI, R. S.; GONZALEZ-OLIVER, A.; SCHROEDER, K. B.; KEMP, B. M.; GREENBERG, J. A.; DOBROWSKI, S. Z.; *et al.* Distribution of Y chromosomes among native North Americans: a study of Athapaskan population history. **American Journal of Physical Anthropology**, v. 137, n. 4, p. 412–424, 2008. DOI: 10.1002/ajpa.20883.

MALHI, R. S.; *et al.* Brief communication: Mitochondrial haplotype C4c confirmed as a founding genome in the Americas. **American Journal of Physical Anthropology**, v. 141, n. 3, p. 494-497, 2010.

MALYARCHUK, B.; GRZYBOWSKI, T.; DERENKO, M.; PERKOVA, M.; VANECEK, T.; LAZUR, J.; GOMOLCAK, P.; TSYBOVSKY, I. Mitochondrial DNA phylogeny in Eastern and Western Slavs. **Molecular Biology and Evolution**, v. 25, n. 8, p. 1651-1658, ago. 2008. DOI: 10.1093/molbev/msn114.

MANDRYK, C. A. S. *et al*. Late Quaternary paleoenvironments of Northwestern North America: implications for inland versus coastal migration routes. **Quaternary Science Reviews**, v. 20, n. 1-3, p. 301-314, 2001.

MAO, Xiaowei; *et al.* The deep population history of northern East Asia from the Late Pleistocene to the Holocene. **Cell**, v. 184, n. 12, p. 3256–3266.e13, jun. 2021. DOI: 10.1016/j.cell.2021.04.040.

MARRERO, P. *et al*. Carriers of human mitochondrial DNA macrohaplogroup M colonized India from southeastern Asia. **BMC Evolutionary Biology**. v. 16, n. 1, p. 246. 2016. doi:10.1186/s12862-016-0816-8.

MENDES, Filipa Almeida. **Morreu António Amorim, investigador do Porto especializado em genética**. PÚBLICO, 12 abr. 2024. Disponível em: https://www.publico.pt. Acesso em: 12 abr. 2024.

MENDEZ, Fernando; *et al.* An African American paternal lineage adds an extremely ancient root to the human Y chromosome phylogenetic tree. **American Journal of Human Genetics**, v. 92, n. 3, p. 454–459, 7 mar. 2013. DOI: 10.1016/j.ajhg.2013.02.002.

MENDEZ, F. L.; POZNIK, G. D.; CASTELLANO, S.; BUSTAMANTE, C. D. The Divergence of Neandertal and Modern Human Y Chromosomes. **The American Journal of Human Genetics**, v. 98, n. 4, p. 728-734, 2016.

MIESFELD, R.; KRYSTAL, M.; ARNHEIM, N. A member of a new repeated sequence family which is conserved throughout eucaryotic evolution is found between the human δ- and β-globin genes. **Nucleic Acids Research**, v. 9, p. 5931–5947, 1981.

MISARTI, N *et al*. Early retreat of the Alaska Peninsula Glacier Complex and the implications for coastal migrations of First Americans. **Quaternary Science Reviews**, v. 48, p. 1-6, 2012.

MONA, Stefano; GRUNZ, Katharina E.; BRAUER, Silke; *et al.* Genetic Admixture History of Eastern Indonesia as Revealed by Y-Chromosome and Mitochondrial DNA Analysis. **Molecular Biology and Evolution**, v. 26, n. 8, p. 1865–1877, 2009. DOI: /10.1093/molbev/msp097.

MORENO-MAYAR, J. Víctor *et al*. Early human dispersals within the Americas. **Science**, v. 362, n. 6419, p. 1-11, 2018a.

MORENO-MAYAR, J. Víctor *et al*. Terminal Pleistocene Alaskan genome reveals first founding population of Native Americans. **Nature**, v. 553, n. 7687, p. 203-207, 2018b.

MUTZENBERG, Daniela Cisneiros Silva; *et al.* Fundamentos da diagênese óssea e suas formas de avaliação usando as técnicas espectroscópicas de FTIR-ATR e DRX. **Clio Arqueológica**, v. 30, n. 2, p. 154-188, 2015.

NEUBAUER, Fernanda. UMA BREVE VISÃO GERAL DOS ÚLTIMOS 10 ANOS DAS PRINCIPAIS DESCOBERTAS DO PLEISTOCENO SUPERIOR NO VELHO MUNDO: HOMO FLORESIENSIS, NEANDERTAL, DENISOVAN. **Cadernos do LEPAARQ (UFPEL)**, p. 204–217, 15 dez. 2019. ISSN 2316-8412. DOI: 10.15210/lepaarq.v16i32.14039.

NÚÑEZ, Carolina; et al. Y chromosome haplogroup diversity in a Mestizo population of Nicaragua. **Forensic Science International: Genetics**, v. 6, n. 6, p. e192–e195, 2012. DOI: 10.1016/j.fsigen.2012.06.011.

OPPENHEIMER, Stephen; BRADLEY, Bruce; STANFORD, Dennis. Solutrean hypothesis: genetics, the mammoth in the room. **World Archaeology**, London, v. 46, n. 5, p. 752-774, Oct. 2014. DOI: https://doi.org/10.1080/00438243.2014.966273.

ORDONEZ, Alejandra C.; et al. Genetic studies on the prehispanic population buried in Punta Azul cave (El Hierro, Canary Islands). **Journal of Archaeological Science**, v. 78, p. 24, 2017. DOI: 10.1016/j.jas.2016.11.004.
PALHA, T.; et al. Disclosing the Genetic Structure of Brazil through Analysis of Male Lineages with Highly Discriminating Haplotypes. **PLOS One**, v. 7, n. 7, p. e40007, 2012. DOI: 10.1371/journal.pone.0040007.

PÄÄBO, Svante. **Neanderthal Man: In Search of Lost Genomes**. Basic Books, 2014. ISBN 978-0-465-02083-6.

PEDERSEN, M. W. *et al*. Ancient Human Genomes and Environmental DNA from the Cement Attaching 2,000-Year-Old Head Lice Nits. **Oxford University Press**, [*S. l.*], p. 1-16, 28 dez. 2021. DOI 10.1093/molbev/msab351. Disponível em: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC8829908/. Acesso em: 26 ago. 2022.

PENG, Min-Sheng; et al. Tracing the legacy of the early Hainan Islanders – a perspective from mitochondrial DNA. **BMC Evolutionary Biology**, v. 11, p. 46, 2011. DOI: 10.1186/1471-2148-11-46.

PENNISI, Elizabeth. The human genome. **Science**, v. 291, n. 5507, p. 1177-1180, 2001.

PEREGO, Ugo A.; *et al*. Distinctive Paleo-Indian migration routes from Beringia marked by two rare DNAmt haplogroups. **Current Biology**, Cambridge, v. 19, n. 1, p. 1-8, Jan. 2009. DOI: 10.1016/j.cub.2008.11.058.

PEREGO, U. A. et al. The initial peopling of the Americas: a growing number of founding mitochondrial genomes from Beringia. **Genome Research**, v. 20, n. 9, p. 1174-1179, 2010. DOI: 10.1101/gr.109231.110.

PETR, Martin; et al. The evolutionary history of Neanderthal and Denisovan Y chromosomes. **Science**, v. 369, n. 6511, p. 1653-1656, 2020. DOI: 10.1126/science.abb6460.

PIMENOFF, Ville N.; et al. Northwest Siberian Khanty and Mansi in the junction of West and East Eurasian gene pools as revealed by uniparental markers. **European Journal of Human Genetics**, v. 16, n. 10, p. 1254–1264, 2008. DOI: 10.1038/ejhg.2008.101.

PLETCHER, Kenneth. **Beríngia**. 2024. Disponível em: https://www.britannica.com/place/Beringia. Acesso em: 24 set. 2024.

PLENS, Cláudia Regina. **Sítio Moraes, uma biografia não autorizada**: análise do processo de formação de um sambaqui fluvial. 2007. Tese (Doutorado em Arqueologia) – Museu de Arqueologia e Etnologia, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2007.

POLITIS, Gustavo G. *et al*. The arrival of Homo sapiens into the Southern Cone at 14,000 years ago. **PLoS One**, v. 11, n. 9, p. 1-27, 2016.

POSTH, Cosimo *et al*. Reconstructing the deep population history of Central and South America. **Cell**, v. 175, n. 5, p. 1185-1197, 2018.

POSTILLONE, M.; MARTÍNEZ, G.; FLENSBORG, G.; DEJEAN, C. First analysis of mitochondrial lineages from the eastern pampa–patagonia transition during the final late holocene. **Wiley Periodicals, Inc**., 16 jan. 2020.

POZNIK, G. D.; et al. Punctuated bursts in human male demography inferred from 1,244 worldwide Y-chromosome sequences. **Nature Genetics**, v. 48, n. 6, p. 593–599, 2016. DOI: 10.1038/ng.3559.

PRÜFER, K.; RACIMO, F.; PATTERSON, N.; et al. The complete genome sequence of a Neanderthal from the Altai Mountains. **Nature**, v. 505, p. 43–49, 2014. DOI: 10.1038/nature12886.

PUCCIARELLI, Héctor M.; PEREZ, S. Ivan; POLITIS, Gustavo G. Early Holocene human remains from the Argentinean Pampas: additional evidence for distinctive cranial morphology of early South Americans. **American Journal of Physical Anthropology**, v. 143, n. 2, p. 298-305, 2010.

RACHEL, I. **Reação em cadeia da polimerase (PCR)**. 14 mar. 2011. Disponível em: https://jornal.ufg.br/n/30634-reacao-em-cadeia-da-polimerase-pcr. Acesso em: 27 ago. 2022.

RAFF, Jennifer A.; BOLNICK, Deborah A. Genetic roots of the first Americans. **Nature**, v. 506, n. 7487, p. 162–163, fev. 2014. DOI: 10.1038/506162a.

RAFF, Jennifer A.; BOLNICK, Deborah A. Does mitochondrial haplogroup X indicate ancient Trans-Atlantic migration to the Americas? A critical re-evaluation. **PaleoAmerica**, London, v. 1, n. 4, p. 297-304, Oct. 2015. DOI: https://doi.org/10.1179/20555563 15Z.00000000040.

RAFF, Jennifer. Origin: A Genetic History of the Americas. **Grand Central Publishing**, 2022. p. 59–60.

RAGHAVAN, Maanasa; et al. Upper Palaeolithic Siberian genome reveals dual ancestry of Native Americans. **Nature**, v. 505, n. 7481, p. 87–91, 2014. DOI: 10.1038/nature12736.

RAGHAVAN, Maanasa *et al*. Genomic evidence for the Pleistocene and recent population history of Native Americans. **Science**, v. 349, n. 6250, p. 1-10, 2015.

RAJKUMAR; et al. Phylogeny and antiquity of M macrohaplogroup inferred from complete mt DNA sequence of Indian specific lineages. **BMC Evolutionary Biology**, v. 5, p. 26, 2005. DOI: 10.1186/1471-2148-5-26.

RAMALLO; et al. Comparison of Y-chromosome haplogroup frequencies in eight Provinces of Argentina. **Forensic Science International: Genetics Supplement Series**, v. 2, n. 1, p. 431–432, 2009. DOI: 10.1016/j.fsigss.2009.08.047.

RASMUSSEN, Morten *et al*. Ancient human genome sequence of an extinct Palaeo-Eskimo. **Nature**, v. 463, n. 7282, p. 757-762, 2010.

RASMUSSEN, Morten *et al*. The genome of a Late Pleistocene human from a Clovis burial site in western Montana. **Nature**, v. 506, n. 7487, p. 225-229, 2014.

RASMUSSEN, Morten *et al*. The ancestry and affiliations of Kennewick Man. **Nature**, v. 523, n. 7561, p. 455-458, 2015.

REGUEIRO, M.; et al. Iran: Tricontinental Nexus for Y-Chromosome Driven Migration. **Human Heredity**, v. 61, n. 3, p. 132–143, 2006. DOI: 10.1159/000093774.

REICH, D.; GREEN, R.; KIRCHER, M.; et al. Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia. **Nature**, v. 468, p. 1053–1060, 2010. https://doi.org/10.1038/nature09710.

RENFREW, C. From molecular genetics to archaeogenetics. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 98, n. 9, p. 4830-4832, 2001.

RENFREW, C.; BAHN, P. **Archaeology**: The Key Concepts. Abingdon: Routledge, 2005.

RHIE, A., Nurk, S., Cechova, M. *et al.* The complete sequence of a human Y chromosome. ***Nature*** 621, 344–354 (2023). https://doi.org/10.1038/s41586-023-06457-y

RINCON. D.; **Estudos de DNA Mitocondrial em Populações Remanescentes de Quilombos do Vale do Ribeira - São Paulo.** Dissertação (Mestre em Ciências Biológicas - Genética) - Universidade de São Paulo, São Paulo, 2009. Disponível em: https://wwhttps://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/41/41131/tde-22022010-155802/publico/danielrincon_par.pdfw2.ibb.unesp.br/posgrad/teses/genetica_me_2010_andreia_santoro.pdf. Acesso em: 20 out. 2021.

RISHISHWAR, L.; JORDAN, I.K. Implications of human evolution and admixture for mitochondrial replacement therapy. BMC Genomics, v. 18, p. 140, 2017. DOI: 10.1186/s12864-017-3539-3.

RITTER, M. Native American DNA Links to Six "Founding Mothers". **National Geographic News. Associated Press**. 2008. Disponível em: https://web.archive.org/web/20090917072455/http://news.nationalgeographic.com/news/2008/03/080313-AP-native-amer.html. Acesso em: 05/12/2021.

ROJAS, Win; et al. Genetic Make Up and Structure of Colombian Populations by Means of Uniparental and Biparental DNA Markers. **American Journal of Physical Anthropology**, v. 143, n. 1, p. 13–20, 2010. DOI: 10.1002/ajpa.21270. PMID: 20734436.

ROOTSI, Siiri; et al. Phylogeography of Y-Chromosome Haplogroup I-M170 Reveals Distinct Domains of Prehistoric Gene Flow in Europe. **American Journal of Human**

Genetics, v. 75, n. 1, p. 128–137, 2004. DOI: 10.1086/422196. PMC: 1181996. PMID: 15162323.

ROOTSI, Siiri; et al. A counter-clockwise northern route of the Y-chromosome haplogroup N from Southeast Asia towards Europe. **European Journal of Human Genetics**, v. 15, n. 4, p. 204–211, 2006. DOI: 10.1038/sj.ejhg.5201748.

ROOTSI, Siiri; et al. Distinguishing the co-ancestries of haplogroup G Y-chromosomes in the populations of Europe and the Caucasus. **European Journal of Human Genetics**, v. 20, n. 12, p. 1275–1282, 2012. DOI: 10.1038/ejhg.2012.86. PMC: 3499744. PMID: 22588667.

ROMERO, S. Discoveries Challenge Beliefs on Humans' Arrival in the Americas. **New York Times**, p. 5, 2014.

SAHAKYAN, Hovhannes; et al. Origin and diffusion of human Y chromosome haplogroup J1-M267. **Scientific Reports**, v. 11, n. 1, p. 6659, 23 mar. 2021. DOI: 10.1038/s41598-021-85883-2.

SAHOO, S.; et al. A prehistory of Indian Y chromosomes: evaluating demic diffusion scenarios. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 103, n. 4, p. 843–848, jan. 2006. DOI: 10.1073/pnas.0507714103.

SALAS A; et al. Mitochondrial Echoes of First Settlement and Genetic Continuity in El Salvador. **PLOS ONE** v. 4, n. 9, p. 6882. doi:10.1371/journal.pone.0006882

SANKARARAMAN, Sriram et al. The Combined Landscape of Denisovan and Neanderthal Ancestry in Present-Day Humans. **Current Biology**, v. 26, n. 9, p. 1241–1247, 9 mai. 2016. DOI: 10.1016/j.cub.2016.03.037. ISSN: 0960-9822.

SANTOS, André Luiz Campelo dos. **Estudo da diagênese óssea e experimento de datação direta dos sepultamentos do Sítio Arqueológico Pedra do Alexandre–RN**. 2016. Dissertação (Mestrado em Arqueologia) – Centro de Filosofia e Ciências Humanas, Universidade Federal de Pernambuco, Recife, 2016.

SANTOS, André Luiz Campelo dos; SULLASI, Henry Socrates Lavalle. Implicações microscópicas da Tafonomia ao emprego de métodos e técnicas forenses em Arqueologia. **Fumdhamentos**, v. 13, p. 108-130, 2016.

SANTOS, A. **PALEOMIGRAÇÕES NA AMÉRICA: uma abordagem arqueogenética**. 2020. 147 f. Tese (Doutorado em Arqueologia) - Universidade Federal de Pernambuco, Recife, 2020.

SANTOS, A. *et al*. Genomic evidence for ancient migration routes along South America's Atlantic coast. **BioRxiv**, 1 jul. 2022. DOI https://doi.org/10.1101/2022.06.27.497820. Disponível em:

https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2022.06.27.497820v2.full.pdf+html. Acesso em: 26 ago. 2022.

SANTORO, A. **Identificação de Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) no gene Nove-cis-epoxicarotenóide dioxigenase (NCED) em Eucalyptus**. 2010. Dissertação (Mestranda em Ciências Biológicas - Genética) - Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", 2010. Disponível em: https://www2.ibb.unesp.br/posgrad/teses/genetica_me_2010_andreia_santoro.pdf. Acesso em: 20 out. 2021.

SCHEIB, Christiana Lyn *et al*. Ancient human parallel lineages within North America contributed to a coastal expansion. **Science**, v. 360, n. 6392, p. 1024-1027, 2018.

SCHEIFLER, N. A. *et al*. Primeros estudios arqueologicos y antiguas reivindicaciones indigenas del sitio Laguna Chica (Sistema Lagunar Hinojo-Las Tunas, area Oeste de la subregion Pampa Humeda). **Resumenes del VIII Congreso de Arqueologıa de la Region Pampeana**, p. 39, 2017.

SCHÖNHERR, S.; WEISSENSTEINER, H.; KRONENBERG, F.; FORER, L. Haplogrep 3 - an interactive haplogroup classification and analysis platform. **Nucleic Acids Research**, 2023. DOI: 10.1093/nar/gkad284

SCHWARTZ, M.; VISSING, J. Paternal inheritance of mitochondrial DNA. **New England Journal of Medicine**, v. 347, n. 8, p. 576-580, 22 ago. 2002. DOI: 10.1056/NEJMoa020350.

SECHER, B.; *et al*. The history of the North African mitochondrial DNA haplogroup U6 gene flow into the African, Eurasian and American continents. **BMC Evolutionary Biology**, v. 14, n. 1, p. 109, maio 2014. DOI: 10.1186/1471-2148-14-109. PMC: 4062890. PMID: 24885141.

SHARMA, S. et al. A novel subgroup Q5 of human Y-chromosomal haplogroup Q-M242 in India. **BMC Evolutionary Biology**, v. 7, n. 1, p. 232, 2007. DOI: 10.1186/1471-2148-7-232. PMC: 2258157. PMID: 18021436.

SILVA, Sergio Francisco Serafim Monteiro da; GHETTI, Neuvânia Curty; SANTOS, Celyne Rodrigues Brito. Ensaio sobre preservação de materiais arqueológicos de natureza orgânica da RETEC-ARQ da UFPE: Remanescentes ósseos humanos. **Seminário de Preservação de Patrimônio Arqueológico**, IV, p. 402-432, 2016.

SILVA, Luísa Melo; RENATA. **Morreu António Amorim, referência mundial da genética forense**. Notícias U.Porto, 11 abr. 2024. Acesso em: 12 abr. 2024.

SOARES, P; *et al*. Correcting for Purifying Selection: An Improved Human Mitochondrial Molecular Clock. **The American Journal of Human Genetics**. v. 84, n. 6, p. 740–59, 2009. doi:10.1016/j.ajhg.2009.05.001

SOARES, P. et al. The Archaeogenetics of Europe. **Current Biology**, v. 20, n. 4, p. R174–183, 2010. DOI: 10.1016/j.cub.2009.11.054.

SOARES, P.; et al. The Expansion of DNAmt Haplogroup L3 within and out of Africa. **Molecular Biology and Evolution**, v. 29, n. 3, p. 915–927, mar. 2012. DOI: 10.1093/molbev/msr245. PMID: 22096215.

SÖCHTIG, Jens; et al. Genomic insights on the ethno-history of the Maya and the 'Ladinos' from Guatemala. **BMC Genomics**, v. 16, n. 1, p. 131, 2015. DOI: 10.1186/s12864-015-1339-1. PMC: 4422311. PMID: 25887241.

STRACHAN, Tom; READ, Andrew. Human Molecular Genetics. 5. ed. 2019.

STRAUSS, André *et al*. Early Holocene ritual complexity in South America: the archaeological record of Lapa do Santo (east-central Brazil). **Antiquity**, v. 90, n. 354, p. 1454-1473, 2016.

SULLASI, Henry Socrates Lavalle et al. A note on diagenetic parameters for bone remains from Pedra do Alexandre site without sample destruction. **Fumdhamentos**, v. 14, p. 74-85, 2017.

SULLASI, Henry Socrates Lavalle; SANTOS, André Luiz Campelo dos; SILVA, Sérgio Francisco Serafim Monteiro da. Bone diagenesis study of the burials from the Pedra do Alexandre archaeological site, Carnaúba dos Dantas, RN. **Cadernos do LEPAARQ (UFPEL)**, v. 15, n. 30, p. 162-178, 2018.

SUROVELL, Todd A. Simulating Coastal Migration in New World Colonization. **Current Anthropology**, v. 44, n. 4, p. 580–591, 2003. doi: 10.1086/377651.

TABBADA, Kristina A.; *et al.* Philippine mitochondrial DNA diversity: a populated viaduct between Taiwan and Indonesia? **MOLECULAR BIOLOGY AND EVOLUTION**, v. 27, n. 1, p. 21–31, 2010. DOI: 10.1093/molbev/msp215.

TAMM, E et al. Beringian Standstill and Spread of Native American Founders. **PLOS ONE.** v. 2, n. 9, p. 829, 2007.

TANAKA, Masashi; et al. Mitochondrial Genome Variation in Eastern Asia and the Peopling of Japan. **Genome Research**, v. 14, n. 10A, p. 1832–1850, 2004. DOI: 10.1101/gr.2286304.

TESCHLER-NICOLA, Maria; et al. Ancient DNA reveals monozygotic newborn twins from the Upper Palaeolithic. **Communications Biology**, v. 3, n. 1, p. 650, 6 nov. 2020. DOI: 10.1038/s42003-020-01372-8.

THE GENOME REFERENCE CONSORTIUM. **The Genome Reference Consortium**: Putting sequences into a chromosome context. Disponível em: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/grc. Acesso em: 03 dez. 2024.

TORRONI, Antonio *et al*. Haplogroups and the history of human evolution through DNAmt. *In*: TORRONI, Antonio *et al*. **The Human Mitochondrial Genome**. 2020. p. 111-129.

TROMBETTA, Beniamino; et al. Phylogeographic Refinement and Large Scale Genotyping of Human Y Chromosome Haplogroup E Provide New Insights into the Dispersal of Early Pastoralists in the African Continent. **Genome Biology and Evolution**, v. 7, n. 7, p. 1940–1950, 2015. DOI: 10.1093/gbe/evv118. PMC: 4524485. PMID: 26108492.

TUMONGGOR, M. K.; et al. Isolation, contact and social behavior shaped genetic diversity in West Timor. **Journal of Human Genetics**, v. 59, n. 9, p. 494–503, set. 2014. DOI: 10.1038/jhg.2014.62.

UNDERHILL, P. A.; et al. Y chromosome sequence variation and the history of human populations. **Nature Genetics**, v. 26, n. 3, p. 358–361, nov. 2000. DOI: 10.1038/81685.

UNDERHILL, P. A.; KIVISILD, T. Use of Y Chromosome and Mitochondrial DNA Population Structure in Tracing Human Migrations. **Annual Review of Genetics**, v. 41, n. 1, p. 539–564, 2007. DOI: 10.1146/annurev.genet.41.110306.130407.

VAI, S. et al. Ancestral mitochondrial N lineage from the Neolithic 'green' Sahara. **Scientific Reports**, v. 9, n. 1, p. 3530, mar. 2019. DOI: 10.1038/s41598-019-39802-1.

VAN OVEN, M; KAYSER, M. Updated Comprehensive Phylogenetic Tree of Global Human Mitochondrial DNA Variation. **Human Mutation:** MUTATION IN BRIEF, v. 1039, n. 30, p. 386-394, 2009. http://www.phylotree.org. doi:10.1002/humu.20921.

VILLAGRAN, Ximena S. *et al*. Buried in ashes: Site formation processes at Lapa do Santo rockshelter, east-central Brazil. **Journal of Archaeological Science**, v. 77, p. 10-34, 2017.

VILLALTA, M.; RODRIGUEZ, A.; GONZÁLEZ, L.; et al. Haplotype data for 12 Y-chromosome STR loci from Costa Rica. **Forensic Science International: Genetics Supplement Series**, v. 1, n. 1, p. 252–254, ago. 2008. DOI: 10.1016/j.fsigss.2007.10.101.

VOLODKO, N. V. et al. Mitochondrial Genome Diversity in Arctic Siberians, with Particular Reference to the Evolutionary History of Beringia and Pleistocenic Peopling of the Americas. **The American Journal of Human Genetics**, v. 82, n. 5, p. 1084–1100, mai. 2008. DOI: 10.1016/j.ajhg.2008.03.019.

VULLO, C. et al. Association between Y haplogroups and autosomal AIMs reveals intra-population substructure in Bolivian populations. **International Journal of Legal Medicine**, v. 129, n. 4, p. 673–680, 2014. DOI: 10.1007/s00414-014-1025-x.

WATERS, M. Late Pleistocene exploration and settlement of the Americas by modern humans. **Science**, v. 365, n. 6449, p. 1-9, 2019.

WATERS, M.; STAFFORD, Jr.; THOMAS, W. Redefining the Age of Clovis: Implications for the Peopling of the Americas. **Science**. v. 315, n. 5815, p. 1122–1126. 2007.

WEISSENSTEINER, H *et al*. HaploGrep 2: mitochondrial haplogroup classification in the era of high-throughput sequencing, **Nucleic Acids Research**, v. 44, n. 1, p. 58-63, 2016. https://doi.org/10.1093/nar/gkw233

WELLS, R. S. et al. The Eurasian heartland: a continental perspective on Y-chromosome diversity. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 98, n. 18, p. 10244–10249, ago. 2001. DOI: 10.1073/pnas.171305098.

WOOD, E. T. et al. Contrasting patterns of Y chromosome and DNAmt variation in Africa: evidence for sex-biased demographic processes. **European Journal of Human Genetics**, v. 13, n. 7, p. 867–876, 2005. DOI: 10.1038/sj.ejhg.5201408.

WOOD, E. T.; STOVER, D. A.; EHRET, C. *et al.* Contrasting patterns of Y chromosome and DNAmt variation in Africa: evidence for sex-biased demographic processes. **European Journal of Human Genetics**, v. 13, p. 867–876, 2005.

YANG, M. A. A genetic history of migration, diversification, and admixture in Asia. **Human Population Genetics and Genomics**. 2 (1): 1–32, 2022. doi:10.47248/hpgg2202010001. ISSN 2770-5005.

YAO, Y.-G. et al. Phylogeographic Differentiation of Mitochondrial DNA in Han Chinese. **American Journal of Human Genetics**, v. 70, n. 3, p. 635–651, mar. 2002.

YFULL. YTree v12.04.00. Disponível em: https://www.yfull.com/tree. Acesso em: 16 out. 2024.

ZAVALA, E. I. et al. Pleistocene sediment DNA reveals hominin and faunal turnovers at Denisova Cave. **Nature**, v. 7867, p. 399–403, 15 jul. 2021. DOI: 10.1038/s41586-021-03675-0.

ZEGURA, S. L.; KARAFET, T. M.; ZHIVOTOVSKY, L. A.; HAMMER, M. F. High-Resolution SNPs and Microsatellite Haplotypes Point to a Single, Recent Entry

of Native American Y Chromosomes into the Americas. **Molecular Biology and Evolution**, v. 21, n. 1, p. 164–175, 2004. DOI: 10.1093/molbev/msh009.

ZIMMER, C. On the Trail of the Denisovans - DNA has shown that the extinct humans thrived around the world, from chilly Siberia to high-altitude Tibet — perhaps even in the Pacific islands. **The New York Times**, 2024.

ZHAO, Z.; KHAN, F.; BORKAR, M.; HERRERA, R.; AGRAWAL, S. Presence of three different paternal lineages among North Indians: A study of 560 Y chromosomes. **Annals of Human Biology**, v. 36, n. 1, p. 46–59, 2009. DOI: 10.1080/03014460802558522.

ZHONG, H. et al. Global distribution of Y-chromosome haplogroup C-M130 reveals the prehistoric migration routes of African exodus and early settlement in East Asia. **Journal of Human Genetics**, v. 55, n. 7, p. 428–435, jul. 2010. DOI: 10.1038/jhg.2010.40.

崎谷満『DNA・考古・言語の学際研究が示す新・日本列島史』(勉誠出版　2009年)(Em japonês) - Mitsuru, Sakiyatani. “A nova história do arquipélago japonês revelada por pesquisas interdisciplinares de DNA, arqueologia e linguística”, **Bensei Publishing**, 2009 - Original em Japonês

8.Material complementar

Tabela S1 - Mutações ausentes e mutações privadas globais na designação dos haplogrupos mitocondriais de acordo com o Haplogrep 3.

As mutações esperadas de serem encontradas em uma linhagem, mas que não foram possível de serem observadas nas amostras foram marcadas como “Mutações ausentes” enquanto mutações que foram encontradas, mas o programa não reconhece foram marcadas como “Mutações privadas globais”, visto que podem ter surgido no indivíduo ou população ao qual o mesmo fazia parte.

Amostra	Haplogrupo	Mutações ausentes	Mutações privadas globais
158	A2	235G 663G 1736G 2706G 4248C 4769G 4824G 7028T 8027A 8794T 8860G 12007A 12705T 14766T 15326G 16111T 16290T 16362C	516d 517d 1378T
CH-01	A2	663G 1438G 1736G 4248C 4769G 4824G 7028T 8794T 8860G 11719A 12007A 14766T 16111T 16290T 16319A 16362C	516d 517d
CR-01	A2	4248C 4769G 7028T 8794T 8860G 11719A	319C 516d 517d 8840T 8841T 16093C
CUN008	A2	146C 235G 663G 1736G 4248C 4769G 7028T 8794T 8860G 12007A 12705T 16111T	195C 302.1CC 310.1T 516d 517d 5893A 16217C
Chinchorro	A2	4248C 4769G 4824G 7028T 8794T 8860G 11719A 12007A	302.1C 310.1C 514d 515d 3639G 10389C 13665C
PS-03	A2	663G 750G 4248C 4769G 4824G 7028T 8027A 8794T 8860G 11719A 16223T	310.1T 516d 517d 2308G 2833G 8490C 9264A 9266A 9267A 9581C 16342C
PS-09	A2	2706G 4248C 4769G 4824G 7028T 8794T 8860G 11719A 16223T	2308G 2833G 5135T 8490C 9597T 9599T 16342C
SM-01	A2	663G 1438G 4248C 4769G 4824G 7028T 8794T 8860G 11719A	516d 517d 4457T 8578T 16093C
SM-02	A2	1438G 4248C 4769G 7028T 8794T 8860G 11719A	302.1C 310.1C 516d 517d 4826T 8581A 8587A 14502C 16093C
SN-04	A2	146C 663G 4248C 4769G 4824G 7028T 8794T 8860G 11719A 12007A 16111T	516d 517d 4029T 4032T 14016A 16256T
SN-17	A2	146C 4248C 4769G 4824G 7028T 8794T 8860G 11719A	302.1C 310.1C 516d 517d 5157T 6608T 7709T 9153T 9154T 9625T 9638T 14016A 16256T
SN-25	A2	663G 1438G 4248C 4769G 4824G 7028T 8027A 8794T 8860G 11719A 12007A 16111T	226C
SN-32	A2	663G 1438G 4248C 4769G 4824G 7028T 8794T 8860G 11719A	225A 226C 310.1C 516d 517d 3956T 8012A 11997T
SN-37	A2	146C 663G 1438G 4248C 4769G 4824G 7028T 8027A 8794T 8860G 11719A 12007A 16290T	14016A

SN-40	A2	263G 663G 4248C 4769G 4824G 7028T 8794T 8860G 11719A	226C 310.1C 516d 517d
SN-41	A2	146C 263G 663G 750G 1438G 4248C 4769G 4824G 7028T 8794T 8860G 11719A 12007A 14766T 16290T 16362C	16256T
SN-44	A2	4248C 4769G 7028T 8794T 8860G 11719A	226C 310.1C 516d 517d 1981A 1982A 7802T 9607T 9610T
SN-48	A2	73G 235G 1736G 4248C 4769G 4824G 7028T 8794T 8860G 12007A 16111T 16290T 16319A	302.1CC 310.1C
SN-54	A2	4248C 4769G 4824G 7028T 8794T 8860G 11719A	516d 517d 3900T 9158T 9159T 9628A 9630A
SN-56	A2	73G 4248C 4769G 4824G 7028T 8794T 8860G 11719A	516d 517d 3900T
SN-57	A2	146C 663G 4248C 4769G 4824G 7028T 8794T 8860G 11719A	302.1C 310.1C 516d 517d 12002T 14016A 16256T
SN-58	A2	146C 663G 750G 4248C 4769G 4824G 7028T 8794T 8860G 11719A	516d 517d 4436T 6049A 6054A 14016A 16256T
SN-59	A2	663G 4248C 4769G 7028T 8794T 8860G 11719A	226C 310.1C 516d 517d 1594A 1595A 5987T 5988T 6008T 8090A 8091A 9146T 9201T 9203T
SN-60	A2	663G 750G 1438G 4248C 4769G 4824G 7028T 8794T 8860G 11719A	226C 516d 517d
19651	A2+(64)	4769G 7028T 8794T 8860G	310.1T 516d 517d 2176T 3738T 6197T 15949A 16278T
302	A2+(64)	4769G 7028T 8794T 8860G	310.1C 516d 517d 1378T 8462A 12724G 14887G
CP25	A2+(64)	663G 4248C 4769G 7028T 8794T 8860G	236C 310.1T 516d 517d
CP8	A2+(64)	4248C 4769G 7028T 8794T 8860G	516d 517d 2833G 7972G 10463C 16288C 16311C 16354T
I0039	A2+(64)	4769G 8860G	310.1C 514d 516d 517d 16311C
I0238	A2+(64)	235G 1438G 4248C 4769G 4824G 7028T 8794T 8860G 16319A 16362C	5585A 9163A
I2537	A2+(64)	Sem informação	302.1C 310.1C 514d 516d 517d 3639G 10389C 13665C
I5320	A2+(64)	4248C 4769G 7028T 8860G	310.1C 516d 517d 6527G 11176A
I7088	A2+(64)	152C! 4248C 4769G 7028T 8027A 8794T 16223T	143A 152C 514d 516d 517d 15152A
I8350	A2+(64)	235G 663G 1438G 1736G 4248C 4769G 7028T 12705T 14766T 16319A	310.1C 514d 516d 517d 15110A
365	A2+(64)+@153	146C 235G 263G 663G 1438G 1736G 2706G 4248C 4769G 4824G 7028T 8027A 8794T 8860G 11719A 12705T 14766T 16319A	516d 517d 4983T 5014T 5017T 16217C
CP29	A2+(64)+@153	4769G 7028T 8794T 8860G	310.1T 516d 517d 629C 13457T 16162G 16192T
Enoque65	A2+(64)+@153	663G 4248C 4769G 4824G 7028T 8794T 8860G 11719A 12007A	143A 302.1C 310.1C 514d 515d 13708A 14388G 15968C
I0308	A2+(64)+@1	146C 235G 263G 4248C 4769G 7028T	310.1C 4452C 6340T 16192T

	53	8860G 14766T 16223T 16319A	
LAR001	A2+(64)+@153	235G 4248C 4769G 7028T 8794T 8860G 12007A 16290T 16319A 16362C	Sem informação
LAR002	A2+(64)+@153	73G 663G 750G 1438G 1736G 4248C 4769G 7028T 8794T 8860G 16319A 16362C	516d 517d
SN-39	A2+(64)+@153	64T 73G 146C 663G 1438G 4248C 4769G 4824G 7028T 8794T 8860G 11719A 12007A 16362C	226C
SN-55	A2+(64)+@153	64T 146C 663G 1438G 4248C 4769G 4824G 7028T 8027A 8794T 8860G 11719A 12007A	516d 517d
357	A2+(64)+@16111	235G 663G 1438G 2706G 4248C 4769G 4824G 7028T 8027A 8794T 8860G 12705T 14766T	16217C
CP18	A2+(64)+@16111	235G 750G 1438G 4248C 4769G 7028T 8794T 8860G 11719A	516d 517d 15930A
CP26	A2+(64)+@16111	235G 663G 1438G 4248C 4769G 4824G 7028T 8794T 8860G 11719A 12007A 16223T 16290T 16319A	310.1T
I0040	A2+(64)+@16111	146C 4769G 7028T 8794T 8860G	514d 516d 517d 9967C
413	A2+(64)+16129	263G 663G 1438G 2706G 4248C 4769G 4824G 7028T 8027A 8794T 8860G 11719A 12007A 14766T	15705A
468	A2+(64)+16129	4248C 4769G 4824G 7028T 8794T 8860G	248d 310.1C 514d 515d 516d 517d 3206T 14974T 16185T
I0038	A2+(64)+16129	4769G 8794T 8860G	302.1C 310.1C 514d 516d 517d 4655A 8292A
181	A2+(64)+16129*	4248C 4769G 4824G 7028T 8794T 8860G 12732C	516d 517d 6338G 8155A
443	A2+(64)+16129*	235G 3316A 4248C 4769G 4824G 7028T 8167C 8794T 8860G	248d 302.1C 310.1C 514d 515d 516d 517d 3206T 14974T 16185T
470	A2+(64)+16129*	3316A 4248C 4769G 7028T 8167C 8794T 8860G	248d 302.1CC 310.1C 514d 515d 516d 517d 14974T 16185T
525	A2+(64)+16129*	235G 4248C 4769G 4824G 7028T 8027A 8167C 8794T 8860G	302.1C 310.1C 516d 517d 3017T 10181T
532	A2+(64)+16129*	4248C 4769G 4824G 7028T 8027A 8794T 8860G 11719A 12705T 16129A	310.1C 516d 517d 10181T
523a	A2a	4769G 7028T 8794T 8860G	516d 517d 7126T 7130T 7133T
I1123	A2a	73G 146C 153G 235G 263G 1438G 3330T 4248C 4769G 4824G 7028T 8794T 8860G 12705T 16362C	16212G
I5319	A2a1	4248C 4769G 7028T 8794T 8860G	310.1C 516d 517d 16257T
SN-20	A2ag	64T 663G 1438G 4248C 4769G 4824G 7028T 8027A 8794T 8860G 9653C 11719A 12007A 12705T 14766T 16290T 16319A	226C
168	A2aq	663G 4248C 4769G 7028T 8794T 8860G	302.1C 310.1C
CK-09	A2i	960.XC 3307.1A 4248C 4769G 7028T 8794T 8860G 11719A	516d 517d 3306.1A 5164A 5281T 5532A 5538A 8584A 9182A 9450A 9451A 9452A

			11054T 14180C
LU-02	A2i	94A 235G 663G 960.XC 1438G 2706G 3307.1A 4248C 4769G 4824G 5165T 6620C 7028T 8027A 8794T 8860G 11719A 12007A 12705T 14280G 14470C 15326G 16111T 16290T 16319A 16325C 16362C	2736T 3306.1A 12113A 12315A 15125A 15134A 15140A
MARC1492	A2i	153G 960.XC 1736G 3307.1A 4769G 5165T 8794T 8860G	310.1C 514d 515d 955.1AC 3306.1A 8566G
RM-83	A2i	960.XC 3307.1A 4248C 4769G 4824G 5165T 7028T 8794T 8860G	310.1C 516d 517d 955.1ACC 3306.1A
516	A2v1+152*	44.1C 64T 73G 152C 153G 235G 263G 663G 980C 1438G 2706G 4248C 4769G 4824G 6491A 7028T 8027A 8794T 8860G 11347G 11719A 12007A 12705T 14766T 16111T 16239T 16290T 16497G 16541R	195C 516d 517d 13758T
CP22	B2	3547G 4769G 4820A 7028T 8281d 8282d 8283d 8284d 8285d 8286d 8287d 8288d 8289d 8860G	346C 3397G
I0041	B2	4769G 7028T 8281d 8282d 8283d 8284d 8285d 8286d 8287d 8288d 8289d 8860G 16189C	6056T 6293C 16295T
I0237	B2	73G 263G 2706G 4769G 7028T 8281d 8282d 8283d 8284d 8285d 8286d 8287d 8288d 8289d 8860G 13590A 16189C 16217C	185A 248d 3552C 11383C 13500C
I1484	B2	8281d 8282d 8283d 8284d 8285d 8286d 8287d 8288d 8289d	103A 310.1C 6956C 8567C 10373A
I1485	B2	8281d 8282d 8283d 8284d 8285d 8286d 8287d 8288d 8289d 16217C	168C 302.1CC 310.1C 514T 3357A 8271d 8272d 8273d 8274d 8275d 8276d 8277d 8278d 8279d 12215C 16311C 16437C
I9056_d	B2	263G 4769G 8281d 8282d 8283d 8284d 8285d 8286d 8287d 8288d 8289d 8860G	516d 517d 1598A 3615G 4232C 6128T 8271d 8272d 8273d 8274d 8275d 8276d 8277d 8278d 8279d 16311C 16319A 16524G
TrailCreek	B2	3547G 4769G 4820A 7028T 8281d 8282d 8283d 8284d 8285d 8286d 8287d 8288d 8289d 8860G	302.1CC 310.1T
USR2	B2	3547G 4769G 4820A 8281d 8282d 8283d 8284d 8285d 8286d 8287d 8288d 8289d 8860G 11719A	310.1C
CP21	B2*4	152C 316d 1438G 4769G 4820A 7028T 8281d 8282d 8283d 8284d 8285d 8286d 8287d 8288d 8289d 8860G 9188C 16217C 16234T 16235G 16309G	Sem informação
SC-04	B2a	73G 4769G 4820A 7028T 8281d 8282d 8283d 8284d 8285d 8286d 8287d 8288d 8289d 8860G 11719A 16189C	143A 189G 310.1C 13105G 14152G
SN-01	B2a	499A 750G 4769G 4820A 4977C 7028T 8281d 8282d 8283d 8284d 8285d 8286d 8287d 8288d 8289d 8860G 11719A 16189C	189G 7502T 7503T 7508T 10310A 11488G
SN-09	B2a	3547G 4769G 4820A 7028T 8281d 8282d 8283d 8284d 8285d 8286d 8287d 8288d	189G 9643A 10310A 11488G

		8289d 8860G 11719A 16189C	
SN-10	B2a	4769G 4820A 7028T 8281d 8282d 8283d 8284d 8285d 8286d 8287d 8288d 8289d 8860G 11719A 16189C	189G 6005T 6008T 9264A 9265A 9267A 11488G
Lovelock3	B2a1	4769G 8281d 8282d 8283d 8284d 8285d 8286d 8287d 8288d 8289d 8860G	185A 195C 3254A 4467.1TAAT 5393C 6018A 6164T 8271d 8272d 8273d 8274d 8275d 8276d 8277d 8278d 8279d 12250T 15352G 15848G
MX-01	B2a5	1438G 3547G 4769G 4820A 5987T 7028T 8281d 8282d 8283d 8284d 8285d 8286d 8287d 8288d 8289d 8860G 11719A 16189C 16217C	1717C 11302T
SN-16	B2a5	3547G 4769G 7028T 8281d 8282d 8283d 8284d 8285d 8286d 8287d 8288d 8289d 8860G 11719A 11884G 13221G 16189C 16217C 16278T	9628A 11488G
SN-53	B2a5	1438G 4769G 4820A 7028T 8281d 8282d 8283d 8284d 8285d 8286d 8287d 8288d 8289d 8860G 11719A 11884G 13221G 16278T	204C 302.1CC 11488G 16180d
A460	B2b	2706G 4769G 7028T 8281d 8282d 8283d 8284d 8285d 8286d 8287d 8288d 8289d 8860G 15326G	8266G 8271d 8272d 8273d 8274d 8275d 8276d 8277d 8278d 8279d
BC23	B2g1	827G 1438G 2706G 4769G 4820A 4977C 6164T 6473T 7028T 8281d 8282d 8283d 8284d 8285d 8286d 8287d 8288d 8289d 8860G 11719A 13590A 16189C 16217C 16298C	302.1CC 10094T 10739G 11447A
BC27	B2g1	827G 4769G 4820A 7028T 8281d 8282d 8283d 8284d 8285d 8286d 8287d 8288d 8289d 8860G 11177T 16189C 16217C	302.1C 310.1C 6155T 9379A 10094T 11447A
BC30	B2g1	114G 750G 3766C 4769G 4820A 6164T 6473T 7028T 8281d 8282d 8283d 8284d 8285d 8286d 8287d 8288d 8289d 8860G	302.1C 310.1C 10094T 11447A
I1357	B2l	8281d 8282d 8283d 8284d 8285d 8286d 8287d 8288d 8289d 16189C	293C 310.1C 6755A 6791G 9545G 9938C 14221C 15344C 16319A
SN-52	B2y	4769G 4820A 7028T 8281d 8282d 8283d 8284d 8285d 8286d 8287d 8288d 8289d 8860G 11719A	195C 2968G 5126T 5144T 5157T 6570T 11998G 14572G
895	C	249d 4769G 8860G 9540C 9545G 11914A 16298C 16327T	195C 310.1C 493G 514d 515d 748A 3434G 7133T 12235C 16291T
Ala1	C	249d 4769G 7028T 8584A 8860G	215G 248d 286d 287d 302.1C 310.1T 6368A 11518A 15930A 16248T 16293G
B-04	C	249d 263G 489C 4715G 4769G 7028T 7196A 8584A 8701G 8860G 10873C 11719A 11914A	204C 248d 286d 287d 9439A 9450A 16319A 16325C 16399G
BC28	C	249d 489C 1438G 4715G 4769G 7028T 7196A 8584A 8701G 8860G 9540C 9545G 10398G 10400T 10873C 11719A 11914A 12705T 14318C 14766T 14783C 15301A 15487T 16298C 16327T	69A 248d 3915A
CK-01	C	73G 249d 263G 489C 1438G 3552A 4715G	248d

		4769G 7028T 7196A 8584A 8701G 8860G 9545G 10873C 11719A 11914A 14318C 15043A 15301A 16223T 16298C 16327T	
I11974	C	249d 9545G	248d 286d 287d 493G 514d 516d 517d 5174T 16325C
I1753	C	249d	195C 200G 248d 286d 287d 310.1C 493G 7163T 16325C
I2230	C	249d	248d 286d 287d 310.1C 493G 514d 516d 517d 11084G 16325C
I2232	C	249d	248d 286d 287d 310.1C 493G 16325C
I2261	C	249d	152C 199C 248d 286d 287d 310.1C 1888A 15218G 15930A 16092C 16126C 16311C 16325C
I2551	C	249d	248d 286d 287d 310.1C 493G 514d 516d 517d 956d 7694T 16325C
I8349	C	249d 12705T 14318C	248d 286d 287d 310.1C 493G 514d 516d 517d 16129A 16325C
LU-01	C	73G 249d 263G 489C 1438G 4715G 4769G 7028T 7196A 8584A 8701G 8860G 9540C 9545G 10398G 10400T 10873C 11719A 11914A 14318C 14766T 14783C 15043A 15301A 15326G 15487T 16223T 16298C 16327T	Sem informação
MA575	C	249d 263G 489C 1438G 4715G 4769G 7028T 7196A 8584A 8701G 8860G 9540C 9545G 10398G 10400T 10873C 11719A 11914A 12705T 14766T 14783C 15487T 16298C 16327T	514d 515d 748A 3434G
SC-03	C	249d 750G 4769G 7028T 8584A 8701G 8860G 10873C	204C 248d 286d 287d 492G 516d 517d 4132A 4142A 7328T 9178A 9449T 9459T 16319A 16325C
SC-05	C	249d 4769G 7028T 8584A 8701G 8860G 10873C 11719A 11914A	248d 286d 287d 310.1C 493G 516d 517d 4687T 8897T 8898T 8899T 8959A 9178A 9192A 9633A 16093C 16129A 16319A 16357C
SN-13	C	249d 489C 750G 1438G 4715G 4769G 7028T 7196A 8584A 8701G 8860G 10873C 11719A 11914A 14783C	204C 248d 286d 287d 310.1C 516d 517d 4105G 6015T 6019T 7824T 7834T 7991T 16319A 16325C
SN-43	C	249d 489C 1438G 4715G 4769G 7028T 7196A 8584A 8701G 8860G 9540C 10398G 10873C 11719A 11914A 14766T 14783C 16327T	248d 310.1C 7223T
Aconcagua	C1b	249d 290d 291d 4715G 4769G 7028T 8584A 8701G 8860G 9540C 9545G 11914A	54.1T 56C 64T 248d 310.1T 451.1T 516d 517d 662C 2563C 5135T 5150.1CTA 9188T 9191A 9196.1C 9197C 16124C
CT-01	C1b	249d 290d 291d 4769G 7028T 8701G 8860G 10873C 11719A 11914A	248d 286d 287d 302.1C 310.1T 492G 7997A 9247A 9253A 16093C 16319A
SC-01	C1b	249d 290d 291d 4715G 4769G 7028T 8584A 8701G 8860G 9540C 9545G 10873C 11719A 11914A 14318C	204C 248d 286d 287d 302.1C 310.1C 492G 516d 517d 16319A
SC-06	C1b	249d 290d 291d 750G 4715G 4769G 7028T 7196A 8584A 8701G 8860G 9540C	204C 248d 286d 287d 310.1C 492G 516d 517d 3116T 6216C 16093C 16319A

		9545G 10873C 11719A 11914A 14783C 16327T	
SC-07	C1b	249d 263G 290d 291d 2706G 4715G 4769G 7028T 7196A 8584A 8701G 8860G 9540C 9545G 16325C 16327T	248d 286d 287d 310.1C 492G 16093C
SN-03	C1b	249d 290d 291d 1438G 4769G 7028T 7196A 8584A 8701G 8860G 11719A 11914A 16298C	248d 286d 287d 492G 516d 517d 16093C 16129A 16189C 16319A 16357C
SN-12	C1b	249d 290d 291d 1438G 4715G 4769G 7028T 7196A 8584A 8701G 8860G 9540C 9545G 10873C 11719A 11914A	204C 248d 286d 287d 492G 516d 517d 9423T 16093C 16319A
SN-15	C1b	249d 290d 291d 4715G 4769G 7028T 7196A 8701G 8860G 11719A 11914A 16298C	204C 248d 286d 287d 492G 516d 517d 4481d 4482d 4483d 4484d 4485d 7174T 7178T 9163A 16319A
SN-38	C1b	249d 263G 290d 291d 4715G 4769G 7028T 7196A 8701G 8860G 10873C 11719A 11914A	248d 286d 287d 310.1C 492G 516d 517d 4439T 4481A 4482A 6019T 7554A 7560C 7565A 16093C 16189C 16319A
SN-50	C1b	249d 290d 291d 4715G 4769G 7028T 8584A 8701G 8860G 9540C 10873C 11914A	204C 248d 286d 287d 310.1C 516d 517d 4121A 4127A 5781T 8081T 8082T 8085T 9140T 9144T 9249T 9250T 16093C 16189C 16319A
SN-51	C1b	249d 290d 291d 4769G 7028T 8584A 8701G 8860G 9540C 10873C 11719A 11914A 16298C	204C 248d 286d 287d 492G 516d 517d 4691T 5987T 7996T 8002T 9009T 9121T 16093C 16319A
USR1	C1b	249d 290d 291d 4715G 4769G 8860G	248d 286d 287d 310.1C 516d 517d 16292T
CK-08	C1b*4	73G 249d 263G 290d 291d 489C 493G 1438G 4715G 4769G 7028T 7196A 8584A 8701G 8860G 9686C 10398G 10400T 10873C 11719A 11914A 12705T 12976T 13263G 14318C 14766T 15326G 16223T 16294T	248d
CK-13	C1b*4	249d 290d 291d 1438G 4769G 7028T 8584A 8701G 8860G 9540C 9545G 9686C 10873C 11719A 11914A 12976T 16294T 16298C	248d 286d 287d 516d 517d 1641A 1642A 1644A 12361G 14179G 16354T
LU-05	C1b*4	73G 249d 263G 290d 291d 489C 493G 750G 1438G 3552A 4715G 4769G 7028T 7196A 8584A 8701G 8860G 9540C 9545G 9686C 10398G 10400T 10873C 11719A 11914A 12705T 12976T 14318C 14766T 14783C 15301A 15326G 15487T 16294T 16298C 16325C 16327T	2732A 2909A 14850T
MOM6	C1b11	249d 290d 291d 489C 4715G 4769G 7028T 8584A 8701G 8860G 9540C 9545G 10873C	194T 248d 286d 287d 310.1C 514d 515d 3084G 7161A
B-03	C1b11*1	249d 290d 291d 4715G 4769G 6086C 7028T 7196A 8584A 8701G 8860G 11719A 11914A 12172G	248d 286d 287d 310.1T 516d 517d 16218T
CK-10	C1b5a	249d 290d 291d 489C 493G 1438G 2706G 4715G 4769G 7028T 7196A 8584A 8701G 8860G 9540C 9545G 10873C 11719A 11914A 11989G 13263G 15119A	248d 286d 287d 296T 516d 517d 8697A 10031C 13909C
I1748	C1c	249d 290d 291d 3552A 4769G 10398G	152C 286d 287d

		10400T 14318C 15301A 15487T 16223T	
I7090	C1c	249d 290d 291d 489C 9540C 9545G 10398G 10400T 11914A 15301A	152C 234G 248d 286d 287d 310.1C
I9054_d	C1c	73G 249d 263G 290d 291d 489C 1438G 4769G 7028T 8584A 8701G 8860G 10398G 10400T 11719A 11914A 14318C 14783C 16325C 16327T	207A 248d 6956C 7554A 9488T
I9055_d	C1c	249d 263G 290d 291d 750G 1438G 1888A 2706G 4769G 7028T 7196A 8584A 8701G 8860G 10398G 10400T 10873C 11914A 14783C 15326G 16325C 16327T	248d 286d 287d 6956C
I9057_d	C1c	249d 290d 291d 489C 750G 1438G 1888A 4769G 7028T 8584A 8701G 8860G 9540C 9545G 10873C 11914A	248d 286d 287d 302.1C 310.1T 6049A 6054A
I9058_d	C1c	249d 290d 291d 750G 4769G 8701G 8860G 9540C 9545G 10873C 14318C	248d 286d 287d 719A 2581G 5046A 14043T 16172C 16173T
RM-85	C1c*5	249d 290d 291d 1438G 1888A 4702G 4715G 4769G 7028T 7196A 7853A 8584A 8701G 8860G 9540C 9545G 11719A 11914A 16298C	248d 310.1C
CT-02	C1c+195*	73G 195C 203A 249d 290d 291d 489C 1438G 1888A 4715G 4769G 7028T 7196A 8584A 8701G 8860G 9540C 9545G 11719A 11914A 12705T 14318C 14766T 14783C 15930A 16176T 16298C	248d 2710T 16093C 16319A
F9	C1c1a	249d 290d 291d 1888A 2706G 4715G 4769G 7028T 8584A 8860G 9540C 9545G 14766T	248d 302.1C 310.1C 13227T 14484A
BC29	C1c1b	215G 249d 290d 291d 1888A 4715G 4769G 7028T 8584A 8701G 8860G 9540C 9545G 10873C 11719A 11914A	248d 310.1C 451.1T 3915A 9692G 16183G 16365T
5832	C1c8	249d 290d 291d 1888A 4715G 4769G 7028T 8701G 8860G 9254G 9540C 9545G	152C 248d 286d 287d 302.1C 310.1T
CP19	C1d1	73G 249d 290d 291d 489C 750G 1438G 4715G 4769G 7028T 8584A 8701G 8860G 9540C 9545G 11719A 11914A 14318C 14783C 16325C	286d 287d 310.1T 516d 517d 1419A 9604G 16292T
CK-02	C1d1*6	115C 194T 249d 263G 290d 291d 750G 3438A 3552A 4715G 4769G 4928C 7028T 7196A 7697A 8584A 8701G 8860G 9540C 9545G 10398G 10400T 10873C 11719A 11914A 14318C 15301A 15929G 16051G 16298C	10537A 12696C
LU-06	C1d1a1	249d 290d 291d 750G 4715G 4769G 7028T 7196A 7697A 8584A 8701G 8860G 9540C 9545G 10873C 11719A 11914A 13263G 14305A 14318C 15326G 16051G 16298C	248d 1410A 3056T 3918A 6381A 6382A 7347A 9525A 11188A 15045A
LU-03	C5d1	73G 249d 489C 595.1C 1438G 2706G 3552A 4715G 4769G 7028T 7196A 8188G 8584A 8701G 8860G 9540C 9545G 10398G 10400T 11719A 11914A 14318C 15080G 15301A 15326G 15487T 16093C	248d

		16288C 16327T 16390A	
300	D1	4769G 5178A 7028T 8701G 8860G 16362C	310.1C 850C 15884A
Lovelock1	D1	4769G 5178A 8860G	143A 310.1T 5539T 9966A 16390A 16468C
Lovelock4	D1	4769G 5178A 8860G	146C 302.1C 310.1T 1007A 9072G 9240G 9708C 11204C 13500C 15208G 16294T
NC	D1	4769G 7028T 8701G 8860G	146C 10310A 11995T 15712G 16263C 16359C
PS-02	D1	1438G 4769G 5178A 7028T 8414T 8701G 8860G 10873C 11719A 15326G	9804A 9966A 16291T
PS-04	D1	489C 750G 1438G 3010A 4769G 4883T 5178A 7028T 8701G 8860G 9540C 11719A 16362C	9804A 9966A 16291T
PS-06	D1	4769G 7028T 8414T 8701G 8860G 10873C 11719A 16362C	302.1C 310.1T 7527A 8090A 8572A 8573A 9153T 9158T 9159T 9643A 9645A 9804A 9966A 16291T
PS-07	D1	4769G 5178A 7028T 8414T 8701G 8860G 9540C 10873C 11719A	310.1T 9804A 9966A 16291T
PS-17	D1	1438G 2092T 4769G 5178A 7028T 8701G 8860G 10873C 11719A	9804A 9966A 16291T
PS-18	D1	489C 4769G 5178A 7028T 8701G 8860G 10873C 11719A	8480T 9966A 11002G
PS-23	D1	73G 263G 1438G 4769G 5178A 7028T 8701G 8860G 9540C 10398G 10873C 11719A 14783C	302.1C 310.1C 4832T 8480T 9140T 9429A 9438A 9445A 9966A 11002G
PS-26	D1	489C 4769G 5178A 7028T 8414T 8701G 8860G 10873C 11719A	4109T 8480T 9966A 11002G
SN-11	D1	1438G 4769G 7028T 8701G 8860G 9540C 10873C 11719A	302.1C 1626T 8090A 8572A 8573A 8581A 16319A
Sumidouro4	D1	73G 1438G 2092T 2706G 4769G 5178A 7028T 8701G 8860G 9540C 10873C 11719A	310.1T 6878T 6880T
Sumidouro6	D1	73G 489C 750G 3010A 4769G 5178A 7028T 8701G 8860G 9540C 10398G 10873C 11719A	310.1T
Sumidouro7	D1	3010A 4769G 5178A 7028T 8414T 8701G 8860G 10398G 10400T 11719A 15301A 15326G	1511T
I7086	D1g	73G 263G 489C 2706G 8414T 9540C 16362C	55C
Nr73	D1g	2092T 3010A 4769G 5178A 7028T 8414T 8701G 8860G 16187T 16223T	310.1C
I1124	D2a	73G 4769G 7028T 8414T 8860G 10873C 11215T 12705T 14783C 16092C 16362C	153G 302.1C 10685A
I0712	D2a1	263G 4769G 7028T 8860G 10398G 10400T 15043A 16092C 16362C	Sem informação
I0721	D2a1a	3010A 4769G 7028T 7493T 8860G 9667G 14766T 16092C	Sem informação
I0309	D4	4769G 7028T 8860G 9540C 10398G 10400T 15043A	514d 516d 517d 11545C 13743C 16304C 16325C 16390A

I1128	D4	73G 263G 489C 750G 1438G 2706G 4769G 4883T 7028T 8701G 8860G 9540C 10398G 10400T 11719A 12705T 14783C 15043A 15301A 15326G 16362C	Sem informação
MA577	D4	3010A 4769G 4883T 5178A 7028T 8701G 8860G 10398G 10400T 10873C	310.1C
Sumidouro8	D4h1a	146C 750G 1438G 3010A 3336C 4769G 4883T 5048C 5178A 7028T 8414T 8701G 8860G 9540C 10398G 10400T 10873C 11719A 12396C 12705T 16174T 16223T 16362C	332T 6285A 6377T 12833T
ShukaKaa	D4h3a	4769G 5178A 7028T 8701G 8860G 8946G 10398G 11719A 15301A	310.1C 9682C 11722C
CP23	D4h3a5	3396C 3644C 4769G 7028T 8701G 8860G 8946G 9540C 14783C 16342C	310.1T
MOS001	D4h3a5	489C 1438G 3010A 3336C 3396C 4769G 7028T 8701G 8860G 8946G 9540C 13135A 14668T 14783C 16342C 16362C	310.1T 14207A
AM71	D4h3a5*	4025T 4769G 4948C 5178A 7028T 8701G 8860G 8946G 12705T	310.1C 13708A 16311C
MA572	D4h3a5*	3010A 3336C 4025T 4769G 4948C 5178A 7028T 8701G 8860G 8946G 9540C 11719A 12040G 15043A 15301A 15326G 16342C	5057T 9299G
Nr66	D4h3a5*	4025T 4769G 5178A 7028T 8701G 8860G 8946G 11719A 14766T	302.1C 310.1C 15431A
Nr72	D4h3a5*	4025T 4769G 4948C 5178A 7028T 8414T 8701G 8860G 8946G	302.1C 310.1C
I1126	D4j1a2	73G 263G 489C 750G 1438G 2706G 3010A 4769G 5262A 7028T 7783C 8414T 8701G 8860G 9540C 10398G 10400T 10873C 11696A 11719A 12130C 12358G 12705T 13635C 14766T 14783C 15043A 16086C 16362C	Sem informação
PS-12	H2a	8860G 15326G	248d
311	H2a2	263G 8860G	1001T 15687T
PS-30	H2a2	263G 8860G	Sem informação
507	H2a2a	Sem informação	64T 73G 310.1C 15276A 16223T
CK-03	H2a2a	Sem informação	143A 153G 12397G 12705T 15326G 16111T
PS-13	H2a2a	Sem informação	489C 16325C
125	H2a2a1	Sem informação	Sem informação
163	H2a2a1	Sem informação	Sem informação
167	H2a2a1	Sem informação	Sem informação
322	H2a2a1	Sem informação	Sem informação
386	H2a2a1	Sem informação	Sem informação
412	H2a2a1	Sem informação	516d 517d 750G 1736G 5450T 5452T 5454T 13758T 16223T 16290T 16319A 16362C 16512C
IL2	H2a2a1	Sem informação	Sem informação
IL3	H2a2a1	Sem informação	Sem informação

IL7	H2a2a1	Sem informação	Sem informação
PS-19	H2a2a1	Sem informação	Sem informação
SC-02	H2a2a1	Sem informação	2706G 12654G 12774T 16290T
Saqqaq	H2a2a1	Sem informação	Sem informação
Sumidouro5	H2a2a1	Sem informação	Sem informação
406	HV	263G 750G 1438G 4769G 7028T 8860G 15326G	14372T 14415T 14421T
SN-45	L4	73G 195C 263G 769A 1018A 1438G 2706G 4769G 5460A 7028T 8701G 8860G 9540C 10398G 10873C 11719A 14766T 15301A 15326G 16223T 16311C	Sem informação
BC25	M	4769G 7028T 8701G 8860G 9540C 14783C 15301A	310.1C 451.1T 5773A 9692G 14318C 15930A
CK-07	M46	73G 146C 152C 263G 489C 1438G 4769G 6253C 7028T 8701G 8860G 9540C 10873C 11719A 14766T 14783C 16362C	1422A 2226.1A 3571T 13263G 13310T 13674C 15148A
SN-31	N	73G 263G 750G 1438G 2706G 4769G 7028T 8860G 11719A 14766T 15326G	Sem informação
LU-04	N13	73G 146C 152C 178G 195C 263G 750G 1438G 2706G 2831A 4769G 5704T 6896C 7028T 8860G 10101C 11020G 11719A 12705T 14766T 16066G 16223T 16261T 16290T	Sem informação
I8348	R	Sem informação	310.1C 499A 3316A 3547G 4977C 11177T 11864C 13590A 14869T
PS-34	R	750G 4769G 7028T 8860G	663G
US-14	U4c1a	750G 1438G 4646C 4769G 4811G 5999C 6047G 6146G 7028T 8860G 10907C 11467G 11719A 14620T	310.1C 2905G 6480A
Kennewick	X2a	73G 153G 195C 200G 1719A 4769G 6221C 6371T 7028T 8860G 8913G 16189C 16213A 16223T	310.1C

Fonte: autoria própria (2025).

Tabela S2 - Mutações utilizadas para designar o haplogrupo do cromossomo Y pelo Y-Lineage Tracker.

Mutações que foram responsáveis para designar o indivíduo em seu respectivo haplogrupo do cromossomo Y. A categoria “Haplogrupo chave” é até onde a amostra foi designada de forma precisa, enquanto o “Haplogrupo” mostra a classificação aproximada a partir das mutações.

Amostra	Haplogrupo	Haplogrupo chave	Mutações	
468	Q1b1	.	*L476	
470	Q	.	*F1829/M992/V2569/Z801	
507	C2a	.	*FGC16380/Y4560/Z16730	
516	C2a	.	*FGC16380/Y4560/Z16730	
532	C2a	.	*FGC16380/Y4560/Z16730	
890	Q1b	.	*L56/S324, CTS2385/M1093, CTS8328/M1139	
523a	Q1b1a1a	.	*M836, CTS4564/M861, CTS7779/M881, CTS8475/M886	
A460	Q1b1a1a1	Q1b1a1a1	CTS2610/M848, M907/Y775	
Aconcagua	Q1b1a1a	Q1b1a1a	FGC8414, CTS7779/M881, CTS8430, CTS8475/M886, M3, Y773	
AHUR_2064	Q1b1a1a1	Q1b1a1a1	CTS2610/M848, M902, M907/Y775	
AHUR770c	J1a2a1a2d2b2b2c4d2a2a1c1~	.	*BY3722	
Anzick-1	Q1b1a2a1b	Q1b1a2	*Z789	
B-03	Q1b1a1a1	.	*M907/Y775	
Brazil-2	Q1b1a1a1p	Q1b1a1a1	*YP4141.2/Z35499.2, Z35500, Z35507, Z35508, Z35521, Z35524, Z35531, Z35548, Z35552, Z35555, Z35559, Z35561, Z35563, Z35569, Z35570, Z35576, Z35578, Z35581, Z35583, Z35584, Z35585, Z35587	
CK-13	G2a2b2a1a1b1a1a2a1b2a4a2~	.	*A621.2	
CP18	Q1b1	*Q1b1	L476, L53/S326	
CP19	C	.	*F1029/V232, F1367, F1727, F2888/V3578, Y1767/Z7606, F3319, F3462	
CP21	R1b1a1b1a1a2b1e~	.	*F1237.2/M1077.2/V2083.2	
CP25	R1b1a1b1a1a2b1e~	.	*F1237.2/M1077.2/V2083.2	
CP8	R1b1a1b1a	*R1b1a1b1a	L51/M412/PF6536/S167	
CT-01	Q1b1a1a1	Q1b1a1a1	CTS2610/M848	

Amostra	Haplogrupo	Haplogrupo chave	Mutações	
CUN008	R1b1a1b1a1a	*R1b1a1b1a1a	L151/PF6542	
I0038	Q1b1a2	Q1b1a2	M944, M961/Z777, CTS1780/M981, Y2804/Z19291	
I0039	R1a1a1b1a1a1c1f~	.	*FGC66342	
I0040	Q1b1a1a	Q1b1a1a	CTS7799/M884, M3	
I0237	Q	.	*FGC1751, F1829/M992/V2569/Z801, L232/S432	
I0308	Q	.	*FGC1754/Y1987,FGC1751,L232/S432	
I0309	R1b1a1b1a1a2b1e~	.	*F1237.2/M1077.2/V2083.2	
I0719	Q1b1b~	Q1b1	*YP4010, YP4067	
I1125	R1b1a1b1a1a2b1e~	.	*F1237.2/M1077.2/V2083.2	
I1129	Q1b	.	*CTS2656/L892/M1098, CTS4715/M1110/Z802, CTS8328/M1139, CTS11538/M1175	
I11974	Q1b1a1a	Q1b1a1a	*CTS4564/M861, CTS7143/M879/Z788, CTS7799/M884, CTS8430, Y773, CTS11663	
I1357	Q1b1a1a1h1	Q1	*Z19513^	
I1484	Q1b1a1a1	Q1b1a1a1	CTS2610/M848	
I1485	Q1b1a1a1	*Q1b1a1a1	CTS2610/M848	
I1752	R1b1a1b1a1a2b1e~	.	*F1237.2/M1077.2/V2083.2	
I1753	Q1b1a1a	.	*M836, CTS7143/M879/Z788, Y773, CTS11663	
I1754	Q1b1a2a~	Q1b1a2	*Z19278	
I2230	R1b1a1b1a1a2b1e~	.	*F1237.2/M1077.2/V2083.2	
I2261	Q1b1a1a1	Q1b1a1a1	CTS2610/M848	
I2537	Q	.	*F826/M1064, FGC1755, FGC1751, M1166	
I5319	Q1b1a1a2b2~	Q1b1a1a	*FGC8471/Y4277	
I5320	Q1b1a1a2b2~	Q1b1a1a	*FGC8418/Y4284, FGC8439/Y6151	
I5456	Q	.	*F826/M1064, FGC1751, F1829/M992/V2569/Z801	
I5457	Q	.	*F1829/M992/V2569/Z801	
I7090	Q1b	.	*L56/S324	
I8350	Q	.	*FGC1751	
Kennewick	I1a2a1a1d1a1a1b1~	.	*S14669	
LAR002	R1b1a1b1a1a2b1e~	.	*F1237.2/M1077.2/V2083.2	
Loveloc k4	Q1b1	.	*L475	

Amostra	Haplogrupo	Haplogrupo chave	Mutações	
MA577	Q1b1a1a	Q1b	*CTS11663	
MX-01	R1b1a1b	.	*PF6441	
NC	Q2a1a2b	.	*YP1226	
Nr74	Q	.	*FGC1754/Y1987, FGC1755	
PS-06	Q1b1a1a1	*Q1b1a1a1	CTS2610/M848	
PS-07	E1b1a1a1a1c1a1a3a1d1b1b1a2~	.	*CTS12440	
RM-85	Q	.	*F826/M1064	
ShukaKaa	R	.	*F652/M805	
SM-01	Q1b1	.	*L213/SA23	
SN-09	CT	.	*Z17706	
SN-11	Q1b1a1a2b2~	Q1b1a1a2	*FGC8442/Y4312, FGC8501/Y4318	
SN-17	Q1b1a1a1	Q1b1a1a1	CTS2610/M848	
SN-25	R	.	*F33/M603/PF6013	
SN-32	Q	.	*F1728/M1092	
SN-44	Q1b1a1a1	Q1b1a	*M907/Y775	
SN-54	Q	.	*M1074	
SN-55	Q2a1a2b	.	*YP1226	
SN-58	Q1	.	*F1426/M1083	
Sumidouro4	Q1	.	*CTS6354/M1126, F2656/M1140, F2790/M1142/V3324	
Sumidouro6	N1a1a1a1a1a1a1a4	*N1a1a1a1a1a1a1a4	CTS8173	
Sumidouro7	A0000	.	*A8904	
TrailCreek	R	.	*M764/PF5953	
USR1	E1b1a1a1a1c1a1a3a1d1b1b1a2~	.	*CTS12440	

Fonte: autoria própria (2025).

Tabela S3 - Quantidades de SNPs do DNAmt presentes por amostra.

Indivíduo	SNPs presentes
125	4
158	128
163	7
167	26

168	159
181	157
300	161
302	165
311	27
318	27
322	16
357	123
365	111
386	40
406	32
412	110
413	102
443	165
468	158
470	161
507	41
516	14
525	153
532	154
890	517
894	512
895	518
939	39
5832	501
19651	490
523a	195
A460	507
Aconcagua	499
AHUR_2064	510
AHUR770c	507
Ala1	190
AM71	510
Anzick-1	522
B-03	183
B-04	174
BC23	440
BC25	502
BC27	488
BC28	378
BC29	497
BC30	503
CH-01	140
Chinchorro	488

CK-01	134
CK-02	142
CK-03	140
CK-04	109
CK-07	132
CK-08	747
CK-09	1052
CK-10	859
CK-13	1066
CP18	519
CP19	516
CP21	522
CP22	525
CP23	523
CP25	520
CP26	475
CP29	526
CP8	523
CR-01	1076
CT-01	1011
CT-02	511
CUN008	525
Enoque65	463
F9	503
I0038	220
I0039	219
I0040	216
I0041	209
I0237	184
I0238	188
I0308	199
I0309	198
I0712	58
I0719	68
I0721	59
I10427	68
I1118	66
I1123	48
I1124	54
I1125	68
I1126	18
I1127	67
I1128	20
I1129	67

I11974	225
I1357	222
I1484	223
I1485	223
I1742	225
I1748	198
I1752	225
I1753	224
I1754	225
I2230	224
I2232	224
I2261	224
I2537	225
I2551	225
I3443	224
I5319	29
I5320	66
I5321	68
I5456	225
I5457	221
I7086	209
I7088	211
I7090	223
I8348	202
I8349	221
I8350	195
I9054_d	914
I9055_d	914
I9056_d	927
I9057_d	925
I9058_d	928
IL2	0
IL3	0
IL7	0
Kennewick	60
LAR001	895
LAR002	903
Lovelock1	503
Lovelock2	509
Lovelock3	511
Lovelock4	502
LU-01	385
LU-02	410
LU-03	611

LU-04	261
LU-05	540
LU-06	854
MA572	467
MA575	376
MA577	520
MARC1492	516
MOM6	513
MOS001	902
MX-01	887
NC	1017
Nr66	498
Nr72	506
Nr73	458
Nr74	520
PS-02	691
PS-03	789
PS-04	755
PS-06	1001
PS-07	917
PS-09	335
PS-12	102
PS-13	101
PS-17	318
PS-18	330
PS-19	5
PS-23	336
PS-26	323
PS-30	36
PS-34	490
RM-83	507
RM-85	456
Saqqaq	0
SC-01	453
SC-02	222
SC-03	542
SC-04	441
SC-05	553
SC-06	454
SC-07	486
ShukaKaa	163
SM-01	492
SM-02	552
SN-01	426

SN-03	1141
SN-04	1068
SN-09	1068
SN-10	1142
SN-11	1236
SN-12	1120
SN-13	1166
SN-15	1174
SN-16	1079
SN-17	1190
SN-20	779
SN-25	953
SN-31	233
SN-32	1064
SN-37	922
SN-38	1158
SN-39	879
SN-40	1044
SN-41	705
SN-43	1048
SN-44	1228
SN-45	348
SN-48	1194
SN-50	1184
SN-51	1213
SN-52	1142
SN-53	1120
SN-54	1126
SN-55	830
SN-56	1135
SN-57	1031
SN-58	1156
SN-59	1167
SN-60	1057
Sumidouro4	474
Sumidouro5	0
Sumidouro6	476
Sumidouro7	457
Sumidouro8	422
TrailCreek	500
US-14	1102
USR1	38
USR2	22

Fonte: autoria própria (2025).