

**PONTIFÍCIA UNIVERSIDADE CATÓLICA DE CAMPINAS**

**MATHEUS PIRES DE ALMEIDA**

**PRINCIPAIS ASPECTOS DAS TEORIAS MIGRATÓRIAS PARA A  
FORMAÇÃO DOS POVOS ABORÍGENES NAS AMÉRICAS**

**CAMPINAS  
2024**

**PONTIFÍCIA UNIVERSIDADE CATÓLICA DE CAMPINAS  
ESCOLA DE CIÊNCIAS DA VIDA  
FACULDADE DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS  
MATHEUS PIRES DE ALMEIDA**

**PRINCIPAIS ASPECTOS DAS TEORIAS MIGRATÓRIAS PARA A  
FORMAÇÃO DOS POVOS ABORÍGENES NAS AMÉRICAS**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à  
Faculdade De Ciências Biológicas, da  
Escola De Ciências Da Vida, da  
Pontifícia Universidade Católica De Campinas,  
como exigência para obtenção de grau de  
Ciências Biológicas

Orientador(a): Prof. Dr. Diogo Ventura Lovato

**CAMPINAS  
2024**

## RESUMO

O estudo da origem humana é uma área complexa e fascinante. A emergência do *Homo sapiens sapiens* e sua dispersão foram cruciais para o desenrolar da humanidade. Neste estudo, foram abordadas as possíveis migrações primordiais para as Américas. A partir do uso da plataforma Scopus, levantamentos bibliográficos sobre a descrição e dados moleculares foram feitos para as seguintes ideias migratórias: a teoria Solutreana, a teoria Beríngia, e a hipótese de contato Polinésio. Além disso, também foi realizada a análise de hibridização utilizando os programas ADMIXTOOLS 2 e PLINK 1.9 com dados advindos da base de dados AADR. Dos dados descritivos e moleculares levantados, nota-se grande similaridade entre o que é dito pelos autores. As análises estatísticas realizadas concordaram parcialmente com os padrões mostrados no levantamento molecular, mantendo-se em aproximadamente 2/3 de origem leste asiática e 1/3 de origem ANE. O problema ocorreu na segunda análise, onde foram incluídos exemplares do povo Onge e de El Mirón. Por fim, foram exploradas as possíveis causas para o problema, podendo ser limites locais (ferramentas e métodos para análise populacional) ou gerais (problemas que afetam estudos genéticos como um todo).

**Palavras-chave:** Genética populacional. Ameríndios. Migração. Evolução humana. Miscigenação.

## ABSTRACT

The study of human origins is a complex and fascinating area. The emergence and dispersion of *Homo sapiens sapiens* was crucial to the development of humanity. In this study, the possible primordial migrations to the Americas were addressed. Using the Scopus platform, bibliographic analyses about the description and molecular data related to the following possible migrations were made, those being: the Solutrean theory, the Beringian theory, and the Polynesian contact hypothesis. Another thing that was covered in this study was the admixture analysis using ADMIXTOOLS 2 and PLINK 1.9 with the data coming from the AADR database. From the descriptive and molecular data that was brought up, it was possible to notice the similarity between authors. The statistical analyses partially agreed with the patterns previously shown, being kept at around 2/3 east asian and 1/3 ANE. Problems occurred, however, in the second analysis, after the inclusion of samples from the Onge people and from El Mirón. Lastly, the possible causes of the problem were explored, checking for local limits (tools and methods for the analysis of populations) aswell as general limits (problems that affect the entirety of genetical studies).

**Keywords:** Population genetics. Amerindians. Migration. Human evolution. Miscigenation.

## SUMÁRIO

<b>Resumo</b> . . . . .	<b>i</b>
<b>Abstract</b> . . . . .	<b>ii</b>
<b>Sumário</b> . . . . .	<b>iii</b>
<b>1 Introdução.</b> . . . .	<b>1</b>
<b>2 Objetivos</b> . . . . .	<b>4</b>
2.1 Objetivo Geral . . . . .	4
2.2 Objetivos Específicos . . . . .	4
<b>3 Material e Métodos.</b> . . . .	<b>5</b>
3.1 Levantamento Bibliográfico das Descrições das Migrações . . . .	5
3.2 Análise da Genética Populacional . . . . .	6
<b>4 Resultados</b> . . . . .	<b>9</b>
4.1 Das Descrições de Cada Teoria . . . . .	9
4.2 Dos Dados Moleculares Encontrados . . . . .	14
4.3 Da Análise da Genética Populacional . . . . .	17
<b>5 Discussão e Considerações Finais</b> . . . . .	<b>21</b>
<b>Referências</b> . . . . .	<b>24</b>

## LISTA DE FIGURAS

1	Ilustração das rotas migratórias apresentadas, autoria própria. . .	9
2	Possível rota dos ancestrais dos ameríndios, adaptado de Davis e Madsen, 2020 <sup>15</sup> . . . . .	10
3	Ilustração em cladograma da origem das subclades do haplogrupo X e seus locais de origem, adaptado de Oppenheimer <i>et al.</i> , 2014 <sup>61</sup> . . .	11
4	Ilustração da origem dos primeiros povos ameríndios e dos antigos habitantes do lago Baikal, adaptado de Yu <i>et al.</i> , 2020 <sup>89</sup> . . . . .	15
5	Ilustração dos resultados da análise de componentes principais das populações modernas utilizando o programa PLINK 1.9. . . .	17
6	Ilustração dos resultados validados (sem a presença de exemplares de rotas alternativas) da possível hibridização utilizando a função qpAdm do pacote ADMIXTOOLS 2, de autoria própria. . . . .	18
7	Ilustração dos resultados validados (com a presença de exemplares de rotas alternativas) da possível hibridização utilizando a função qpAdm do pacote ADMIXTOOLS 2, de autoria própria. . . . .	19

## LISTA DE TABELAS

1	Descrições realizadas por autores das teorias de migração Beríngea terrestre e costal, Solutreana, e a da hipótese de contato Polinésio. . . . .	13
2	Dados autossômicos encontrados nos estudos levantados. . . . .	16
3	Dados obtidos e validados estatisticamente a partir da função qpAdm do pacote ADMIXTOOLS 2 (sem a presença de exemplares de rotas alternativas). . . . .	20
4	Dados obtidos e validados estatisticamente a partir da função qpAdm do pacote ADMIXTOOLS 2 (com a presença de exemplares de rotas alternativas). . . . .	20

## 1 – INTRODUÇÃO

O estudo da origem humana é uma área complexa e fascinante que procura decifrar e compreender a evolução biológica e cultural do *Homo sapiens*. A evolução dos primeiros humanos é dita como tendo iniciado há aproximadamente 3 milhões de anos atrás, com os primeiros homínídeos surgindo na África, um dos mais antigos deles sendo encontrado na Etiópia com traços semelhantes ao genus *Homo*, em forma de fóssil, com a idade datada de 2.8 milhões de anos<sup>10</sup>.

Com o passar do tempo, nossos ancestrais evoluíram, adquirindo cérebros maiores<sup>60</sup>, melhoras no bipedalismo<sup>46</sup>, e tecnologias mais sofisticadas<sup>16</sup>. A emergência do *Homo sapiens sapiens*, o homem moderno, foi por volta de 300 mil anos atrás, sendo originário da África<sup>77</sup> ou da Eurásia<sup>39</sup>, havendo defensores para ambas as teorias de local de origem.

As migrações humanas foram cruciais para o desenrolar da humanidade. Uma das primeiras deslocações populacionais do homem moderno, além de ser também uma das mais importantes, é a sua dispersão para todos os continentes da Terra, influenciando na formação populacional atual<sup>21</sup>.

As razões para as migrações variam de acordo com o tempo e o local, podendo ser relacionadas com mudanças climáticas, falta de recursos, ou até mesmo fatores sociais e culturais<sup>11</sup>. O processo de migração humana resultou em várias misturas de linhagens genéticas, como é exemplo a miscigenação entre paleo-europeus e fazendeiros migrantes da Anatólia<sup>43</sup>, a migração de siberídeos para a região da Fennoscandia<sup>41</sup>, a diáspora judaica e a origem dos judeus asquenazim<sup>87</sup>, o movimento populacional na Itália e região<sup>69</sup>, o contato mútuo entre tribos na África Sub-Sahariana<sup>9</sup>, e as mudanças na genética dos caucasianos<sup>84</sup>, todas contribuindo para a diversificação de nossa espécie em vários povos.

Um dos grandes exemplos de como as migrações contribuíram para a diversificação dos povos de nossa espécie é a chegada dos primeiros ancestrais dos nativos americanos. Com a sua vinda do antigo mundo, ou seja, do conjunto continental África e Eurásia, houve a miscigenação estes povos, que auxiliaram no surgimento de novas sociedades nas Américas<sup>72,44</sup>.

Além disso, o próprio isolamento dos aborígenes americanos, atualmente observado à partir de tribos isoladas sem contato prévio<sup>37</sup>, também contribuiu para o desenvolvimento de adaptações em seus novos ambientes, incluindo novas estruturas sociais<sup>67</sup>, novas culturas<sup>82,24</sup>, e novas tecnologias<sup>18</sup>. Com o passar do tempo, essas adaptações levaram ao surgimento de civilizações e grupos étnicos de larga escala no continente, como exemplo, as civilizações Maia, Olmeca, Inca, e Azteca.

Diante das observações estabelecidas, o estudo das migrações dos nativos das Américas é considerado uma área importante de pesquisa. Em anos recen-



tes, ocorreram avanços significativos em nosso conhecimento sobre as primeiras migrações dos nativos americanos, principalmente o povoamento das Américas.

Assim como é dito por Willerslev e Metzer<sup>20</sup>, o avanço rápido em menos de uma década de pesquisa já foi o necessário para poder transformar nossa forma de entender as primeiras populações deste continente, mostrando sua complexidade desde o fim do Pleistoceno até o Holoceno. No início do século XX, era comum inferir a origem de povos nativos americanos de acordo com a sua aparência<sup>26,49,7</sup>. Atualmente, pesquisadores tem realizado análises mais profundas, usando métodos mais confiáveis para compreender a formação dos primeiros povos nativos das Américas. Com isso, pesquisas recentes que demonstraram que as populações nativas são muito mais antigas que se pensava anteriormente, havendo evidências de terem habitado o continente há, pelo menos, 13 mil anos atrás<sup>8</sup>.

Porém, apesar dos progressos alcançados, há ainda diversos problemas e discordâncias entre os pesquisadores da área quando se trata sobre a composição ancestral dos aborígenes americanos. Uma das mais significantes incongruências é a questão de como e quem foram os primeiros a povoar as Américas<sup>17</sup>.

A teoria predominante no meio acadêmico é a teoria do Estreito de Bering, sendo originária das hipóteses primordiais do missionário José de Acosta<sup>38</sup> e que diz que, por conta da mudança do nível do mar durante a última era do gelo há 30 mil anos<sup>40</sup>, foi possível a formação de uma ponte natural conectando a Sibéria com o Alaska, em que supostamente os ancestrais dos nativos americanos passaram.

Uma modificação da teoria de Bering também é discutida, onde ao invés da passagem direta pela ponte formada, a migração ocorreu pela região costeira do Pacífico, através de barcos, até a chegada no leste da América do Sul. Apesar de ser citada anteriormente<sup>50,42</sup>, foi com as pesquisas de Fladmark<sup>23,22</sup> que começou a se tornar popular no meio científico.

Outra teoria, desta vez mais controversa, é a da migração Solutreana, originária da comparação da tecnologia de ponta de flechas de sociedades paleolíticas europeias com as das sociedades nativas norte-americanas<sup>14,31</sup>. Esta teoria defende, portanto, que houve uma migração de povos europeus durante a era glacial, vindos de uma região proximal à Península Ibérica.

Além das teorias grandes já citadas, há inúmeras outras ideias que são menos populares, como é o exemplo da hipótese de passagem pela Polinésia, originária da comparação cranial entre nativos americanos e melanésios<sup>29</sup>. Outra ideia minoritária que já foi debatida nos últimos 200 anos é a de viagem transatlântica africana, originária das estátuas olmecas que apresentam aparência similar à de africanos negros<sup>57</sup>, sendo atualmente apoiada apenas de forma política e

não científica<sup>34</sup>.

Dados os debates e controvérsias, é de suma importância resolver a falta de concordância entre pesquisadores em relação ao povoamento das Américas visando alcançar um consenso do que ocorreu. A partir deste trabalho, propõe-se desenvolver uma integração compreensível das primeiras migrações do Continente Americano, através das diversas fontes já publicadas, para alcançar uma resolução ao problema que ocorre na área de uma forma lógica e coerente.

## **2 – OBJETIVOS**

### **2.1 – OBJETIVO GERAL**

O objetivo geral deste trabalho é de investigar as teorias migratórias relativas ao povoamento das Américas a partir de dados moleculares e arqueológicos já descritos no meio acadêmico.

### **2.2 – OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

Os objetivos específicos deste trabalho são:

1. Descrever as possíveis rotas migratórias de povoamento das Américas a partir de descrições já existentes.
2. Levantar os principais dados moleculares dos povos citados nas rotas migratórias, incluindo os nativos americanos.
3. Realizar análise da genética populacional dos nativos americanos a partir de dados já publicados.

### 3 – MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 – LEVANTAMENTO BIBLIOGRÁFICO DAS DESCRIÇÕES DAS MIGRAÇÕES

Para o levantamento das descrições das migrações, foi utilizada a plataforma Scopus, criada e mantida pela companhia de publicações Elsevier, para a procura de artigos sobre as descrições das rotas migratórias possíveis. Apresentando duas formas de pesquisa, a pesquisa básica (*Basic Search*) e a pesquisa avançada (*Advanced Search*), a avançada foi a forma escolhida para o trabalho, visto que há mais opções de filtragem do que a básica. A razão por trás da escolha de dita base de dados para o levantamento das descrições é a sua versatilidade, tendo um dos maiores números de documentos disponíveis e também por ser multidisciplinar<sup>4</sup>.

Para que apenas artigos sobre nativos americanos ou ameríndios fossem selecionados, utilizou-se as funções (já com os argumentos) DOCTYPE(ar) e TITLE-ABS-KEY("native american" OR amerindian), sendo suas respectivas funcionalidades que apenas artigos sejam selecionados e que os termos "native american" ou "amerindian" apareçam no título, resumo, ou palavras-chave.

Para melhor especificidade, foi também utilizado um complemento variável extra no TITLE-ABS-KEY, sendo indicado com um  $\mathcal{X}$ . Para que não houvessem artigos da área médica sendo selecionados, foi colocado no final a frase "AND NOT SUBJAREA(medi)". O código de filtragem usado foi, portando, o seguinte:

```
DOCTYPE (ar) AND TITLE-ABS-KEY (("native american" OR amerindian) AND  
                                   $\mathcal{X}$ ) AND NOT SUBJAREA(medi)
```

Para a busca por artigos utilizados na formação das descrições de cada uma das teorias e hipóteses migratórias, as correspondentes frases foram utilizadas em troca do  $\mathcal{X}$ :

1. Teoria Beríngia terrestre e costeira → (beringian OR "coastal migration")
2. Teoria Solutreana → solutrean
3. Hipótese de contato Polinésio → (polynesian OR australasian)

Para o levantamento molecular, foram utilizados os filtros criados anteriormente e também uma versão adaptada do filtro, onde o  $\mathcal{X}$  foi substituído pela palavra "admixture". Para ambos os casos, houve um processo de seleção pós-filtragem, excluindo artigos que não se encaixassem diretamente no tema.

### 3.2 – ANÁLISE DA GENÉTICA POPULACIONAL

A análise realizada neste trabalho foi feita utilizando material provindo da coleção de dados Allen Ancient DNA Resource (AADR), criada e mantida com o propósito de unificar os dados genômicos de populações humanas antigas e atuais publicados por outros estudos em um formato único e acessível para pesquisadores<sup>53,52</sup>. Para a análise em si, foi utilizado o pacote da linguagem de programação R chamado ADMIXTOOLS 2<sup>51</sup>, sendo considerado uma versão mais rápida do programa ADMIXTOOLS<sup>62</sup>, e também PLINK 1.9, utilizado neste caso para a análise de componentes principais<sup>13</sup>. A função específica do pacote usada para a análise foi a função qpAdm, sendo uma ferramenta especificamente descrita<sup>33</sup> e também utilizada em estudos recentes<sup>86,45,35</sup>.

Em relação ao modo de funcionamento, qpAdm utiliza a frequência alélica das populações inseridas para o cálculo de hibridização, sendo estruturado nos índices de fixação e a estatística relacionada com eles (f-statistics)<sup>63</sup>. De forma breve, qpAdm necessita para seu funcionamento a inserção de 4 parâmetros: os dados moleculares (neste caso em arquivo no formato PACKEDANCESTRY-MAP), a população-alvo para o cálculo, as populações-fonte (que serão utilizadas para modelar a população-alvo), e as populações-referência (que servem de base para a ferramenta utilizar nos cálculos).

Para a população-alvo, foram escolhidas populações ameríndias modernas e antigas da América do Norte, Central, e Sul, sendo elas: exemplares do atual povo Karitiana do Brasil<sup>54,62,6</sup>, exemplares do atual povo Suruí do Brasil<sup>6,73,62</sup>, exemplares do atual povo Piapoco da Colômbia<sup>6,62,54</sup>, exemplares coloniais do povo Maia do México<sup>79</sup>, exemplares pré-coloniais de Lucier em Ontário<sup>70</sup>, e exemplares pré-coloniais do povo Chumash da Califórnia<sup>70</sup>. A razão por trás da escolha destas específicas populações é a relativa quantidade de indivíduos presentes nas bases de dados, além de abrangerem as três partes das Américas, mitigando problemas relacionados as diferenças nos eventos de dispersão.

Para as populações-fonte, foram selecionadas as seguintes populações ancestrais: os antigos habitantes da Sibéria (representados pelo exemplar conhecido como garoto de Mal'ta<sup>66</sup>, pelos exemplares do Rio Yana<sup>72</sup>, e também por um dos exemplares de Afontova Gora<sup>27</sup>) e os migrantes advindos do leste da Ásia (representados por exemplares encontrados na caverna Chortovy Varota, na Rússia<sup>72</sup>), justificados a partir principalmente da utilização de ditas populações em análises conduzidas em artigos já publicados<sup>72,66,89</sup>. Além das duas populações-fonte principais, para o teste das rotas alternativas, também foram adicionadas as seguintes fontes: povos com a tecnologia de Solutres (representados pelo exemplar da cultura Magdaleniana em El Mirón<sup>27</sup>) e os povos do sul do Pacífico (representado pelos Onges das ilhas Andamão<sup>58</sup>, assim como já utilizado em es-

tudos anteriores<sup>12</sup>).

Para as populações-referência, foram colocados exemplares basais e não relacionadas diretamente com as populações-fonte e a população-alvo, sendo elas:

1. Cameroon\_SMA<sup>47</sup>
2. Belgium\_UP\_Magdalenian<sup>27,83</sup>
3. Ethiopia\_4500BP<sup>47</sup>
4. Russia\_Kostenki14<sup>27</sup>
5. China\_AmurRiver\_LPaleolithic<sup>55</sup>
6. China\_Tianyuan<sup>88</sup>
7. Romania\_Oase\_UP\_enhanced<sup>32</sup>
8. Bulgaria\_BachoKiro\_LatePleistocene<sup>32</sup>

O motivo pela escolha de populações mais basais e não relacionadas diretamente é o surgimento de possíveis problemas por conta do fluxo gênico entre populações-fonte e populações-referência, violando a suposição feita pelo programa<sup>33</sup>.

Após o uso do programa, uma filtragem e organização foi realizada nos resultados para que fossem obtidos apenas os estatisticamente válidos conforme explicado no artigo descritivo da função qpAdm<sup>33</sup>. O comando utilizado para a realização desta tarefa foi:

```
results$popdrop %>% filter(feasible == TRUE & f4rank != 0 & p >=
0.05) %>% arrange(desc(p)) %>% slice(1)
```

As populações utilizadas para a análise de componentes principais são: as populações colocadas como população-alvo, os povos Yoruba da Nigéria<sup>6</sup>, habitantes do norte da Itália<sup>62</sup>, e estadunidenses de ancestralidade mexicana<sup>5</sup>. A razão por trás de fazer uma breve análise utilizando componentes principais é de ter uma noção de onde se encaixam as populações nativas das Américas no contexto global, de forma simplificada. O comando utilizado para rodar os componentes principais foi, portanto, o seguinte:

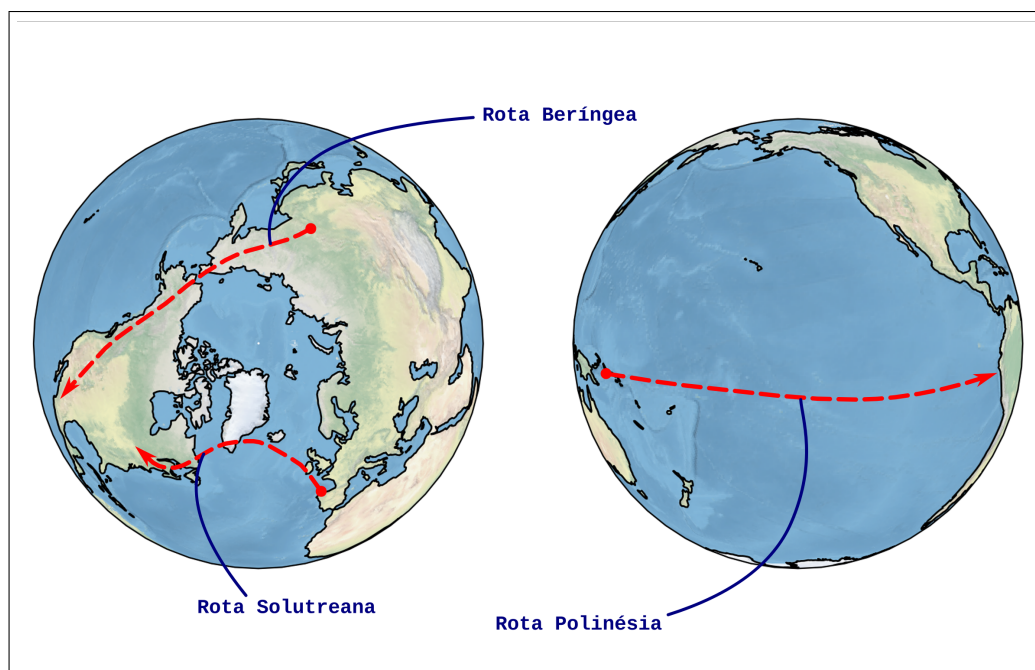
```
plink --bfile (arquivo com as populações extraídas) --autosome --pca
2 --out pca
```

Utilizou-se dois argumentos principais: a inclusão de apenas o DNA autosômico (`–autosome`) e a redução para duas dimensões utilizadas na plotagem (`–pca 2`). Após o processamento final dos dados a partir da multiplicação dos eigenvalues com os eigenvectors, houve a geração da plotagem com o pacote de R chamado `ggplot2`<sup>85</sup>.

## 4 – RESULTADOS

### 4.1 – DAS DESCRIÇÕES DE CADA TEORIA

Brevemente, foram pesquisadas sobre duas teorias, ilustradas na Figura 1, e uma hipótese, sendo elas a teoria de migração Beríngea, a teoria de migração Solutreana, e a hipótese de contato Polinésio, sendo ela uma hipótese por conta das contradições em sua definição. A teoria Beríngea é dividida em duas versões, a primeira dizendo que houve uma migração dos povos ancestrais dos nativos americanos, vindos da Ásia, a partir de uma ponte formada no Último Glacial Máximo na região conhecida como Estreito de Bering. Já na segunda versão, é teorizado de que houve uma migração pela mesma região, porém de forma marítima, sendo feita pela navegação na região litorânea<sup>71,76,15</sup>.



**Figura 1:** Ilustração das rotas migratórias apresentadas, autoria própria.

A teoria de migração Solutreana, diferente da teoria de migração Beríngea, diz que houve uma migração dos povos da cultura de Solutres (originária no oeste europeu paleolítico) pela geleira que estendia no norte do oceano Atlântico. Os povos Solutreanos, originários do sudoeste da Europa, passariam então por dita geleira, chegando assim no norte da América do Norte<sup>74,61</sup>.

A hipótese de contato Polinésio é a única hipótese abordada neste trabalho, visto que tem ganhado notoriedade no meio acadêmico. A ideia principal dela é que deve ter ocorrido algum tipo de migração dos povos habitantes das ilhas na Polinésia para a América do Sul pelo oceano Pacífico<sup>28,59</sup>.

Das teorias de migração Beríngea terrestre e costeira, Schurr<sup>71</sup> defende a ideia de ambas, dizendo que ocorreu primeiramente a costeira, em um período



entre 20 e 15 mil anos atrás, e posteriormente a terrestre, há aproximadamente 12,5 mil anos atrás, durante o último máximo glacial. De acordo com ele, a migração terrestre apenas contribuiu para os nativos americanos da América do Norte e Central.

Diferente de Schurr, Tamm *et al.*<sup>76</sup> não mencionam sobre migrações costeiras em seu trabalho, porém introduzem o conceito de assentamento no estreito antes da eventual migração. Nessa nova ideia, defendem que houve um isolamento na região e eventual diferenciação entre os siberídeos (populações nativas da Sibéria) e os ameríndios (populações nativas das Américas) 15 mil anos antes das migrações começarem.

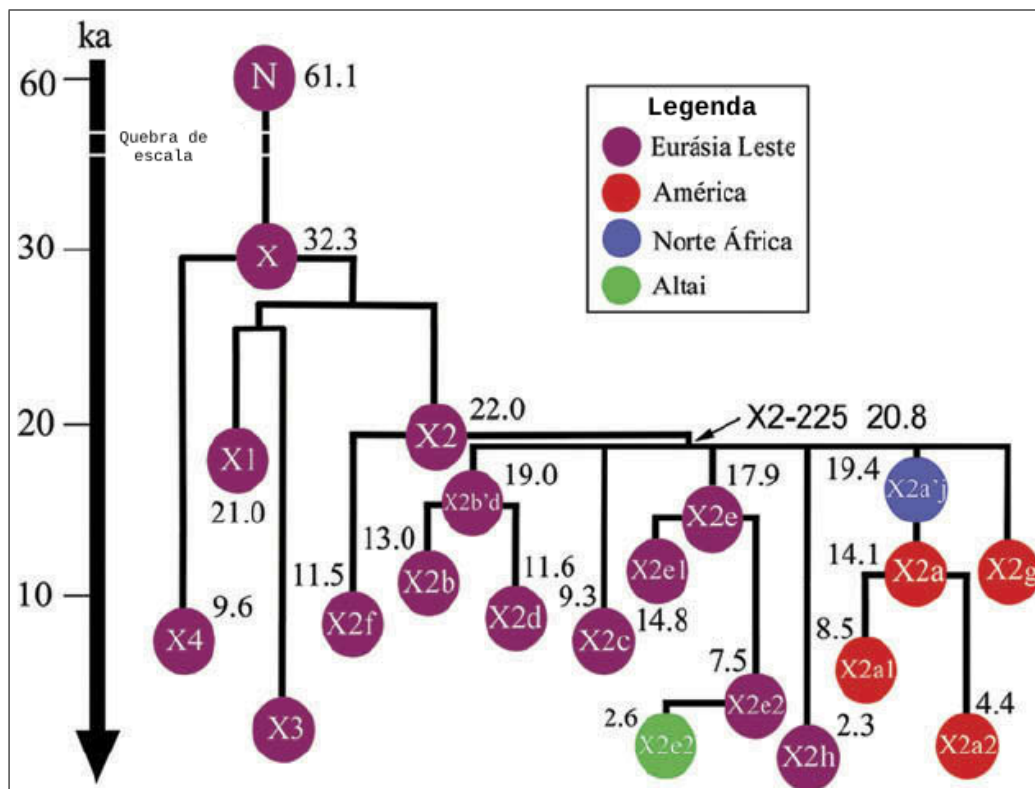
Um trabalho dedicado especialmente para a discussão sobre a migração costeira Beríngea foi publicado em 2020 por Davis e Madsen<sup>15</sup>. Os autores, porém, discordam com a ideia proposta por Tamm *et al.*<sup>76</sup> de que um assentamento no estreito de Bering tenha ocorrido. De acordo com a nova definição proposta pelos autores, a migração costeira começou a partir do conjunto territorial chamado de Paleo-Sahkalin-Hokkaido-Kuril (ocupando o Japão, partes da China, Rússia, e Coréia) ocorrendo há 16 mil anos atrás, como demonstrado na Figura 2.



**Figura 2:** Possível rota dos ancestrais dos ameríndios, adaptado de Davis e Madsen, 2020<sup>15</sup>.

O estudo realizado por Oppenheimer *et al.*<sup>61</sup> é o fator determinante para a

descrição da teoria Solutreana. Citando trabalhos anteriores como o de Stanford e Bradley<sup>74</sup>, concordam com a descrição da teoria que diz que, no Pleistoceno, houve uma migração a partir do sudoeste Europeu, passando pelo Oceano Atlântico, até a chegada no nordeste da América do Norte. Usam como base, por exemplo, a filogenia do haplogrupo materno X, como demonstrado na Figura 3.



**Figura 3:** Ilustração em cladograma da origem das subclades do haplogrupo X e seus locais de origem, adaptado de Oppenheimer *et al.*, 2014<sup>61</sup>.

Para o caso da hipótese de contato Polinésio, há poucos estudos que definem exatamente sobre o que se trata, visto ser uma hipótese apoiada por dados genéticos que podem ou não ser evidência de migrações diferentes para as Américas. De acordo com Gonçalves *et al.*<sup>28</sup>, a ideia de mistura com Polinésios pode ter sido tanto um evento migratório pré-histórico, como também um evento histórico no período pré-colombiano ou pós-colonial. Já Moreno-Mayar *et al.*<sup>59</sup> recusam a ideia de ser um evento histórico, dizendo e defendendo que o tempo máximo para que dita mistura tenha ocorrida seja de 10 mil anos atrás, sendo ou uma chegada dupla e eventual miscigenação, ou uma ocupação territorial das regiões previamente habitadas por polinésios.

Portanto, é notável que, para as teorias de migração Beríngia, o consenso é de que houve uma migração que ocorreu entre 20 e 15 mil anos atrás e que vieram do leste da Ásia, podendo ser tanto da Sibéria como também de regiões mais ao sul. Já sobre a teoria Solutreana, os autores que a descrevem concordam que a ocorrência tenha sido entre 25 e 13 mil anos, podendo então ser anterior a migração pelo estreito de Bering. Por fim, a hipótese de contato Polinésio tem

um menor consenso entre os autores, visto que Gonçalves *et al.*<sup>28</sup> não negam a possibilidade de que dito contato poderia ser tardio, mas Moreno-Mayar *et al.*<sup>59</sup> rejeitam essa premissa.

AUTOR	ANO	DESCRIÇÃO DA TEORIA
Schurr <sup>71</sup>	2004	Os ancestrais dos nativos americanos chegaram pela primeira vez entre 20 e 15 mil anos atrás, se espalhando pela América do Norte e central por volta de 12 mil anos atrás.
Tamm <i>et al.</i> <sup>76</sup>	2007	Os primeiros povos que vieram para as Américas vieram de um grupo ancestral que habitava a Beríngia por pelo menos 15 mil anos, isolados, antes da eventual dispersão pelo continente.
Gonçalves <i>et al.</i> <sup>28</sup>	2013	Se for contato pré-histórico, houve então a migração de Polinésios, sendo ancestrais distantes dos Botocudos e os nativos de Lagoa Santa.
Stanford e Bradley <sup>74</sup>	2013	Entre 25 e 13 mil anos atrás, indivíduos da cultura Solutreana no litoral sudoeste da Europa, impulsionados pelas necessidades de sua época, se aventuraram na extensão gelada da frente polar do Atlântico Norte, estabelecendo presença na América do Norte durante o Último Máximo Glacial.
Oppenheimer <i>et al.</i> <sup>61</sup>	2014	As populações do Pleistoceno chegaram não só pelo nordeste da Ásia, mas também por uma rota atlântica a partir da Europa, ocorrida aproximadamente entre 22 e 17 mil anos atrás.
Moreno-Mayar <i>et al.</i> <sup>59</sup>	2018	Ou os grupos com ancestralidade Polinésia já estavam presentes na América do Sul, ou grupos com ditos laços genéticos chegaram tardiamente, mas não depois de 10 mil anos atrás, visto que aparentam ser ancestrais dos nativos de Lagoa Santa.
Davis e Madsen <sup>15</sup>	2020	Povos da Ásia (provavelmente da costa próxima ao Japão) vieram para as Américas navegando ao longo da costa há 16 mil anos atrás, não havendo uma parada no estreito de Bering.

**Tabela 1:** Descrições realizadas por autores das teorias de migração Beríngia terrestre e costal, Solutreana, e a da hipótese de contato Polinésio.

## 4.2 – DOS DADOS MOLECULARES ENCONTRADOS

Os nativos americanos geralmente são descritos como sendo compostos autossomicamente com, aproximadamente, metade de sua ancestralidade contribuída pelos antigos habitantes da Sibéria, conhecidos como "Antigos Eurasianos do Norte" ou ANE, do inglês "Ancient North Eurasian", representados pelo garoto de Mal'ta (conhecido como MA-1), sendo ele uma múmia encontrada na Sibéria. Além da presença de ANE nos nativos americanos, também foi descoberta sua presença na ancestralidade dos europeus modernos<sup>27</sup>.

No entanto, a herança genética autossômica dos aborígenes das Américas não é de apenas o componente ANE. De acordo com Sikora *et al.*<sup>72</sup>, um outro componente genético pode ser atribuído à Ásia, assemelhando-se particularmente aos povos caçadores e coletores do extremo leste da Rússia.

Em 2014, Raghavan *et al.*<sup>66</sup> analisaram o genoma de MA-1 além de sua proximidade com os nativos americanos. Demonstraram evidências, a partir de análises bioestatísticas, de que o genoma de indígenas rondonienses (ou seja, nativos americanos do estado de Rondônia, Brasil) do grupo Karitiana apresentam, em média,  $41.6 \pm 3.4\%$  de ancestralidade vinda dos ANEs. Além disso, também comentaram de forma secundária que a proximidade dos indígenas com os chineses da etnia Han é alta, corroborando o que foi dito por Sikora *et al.*<sup>72</sup>.

Pesquisa recente conduzida por Yu *et al.*<sup>89</sup> com o foco de investigar sobre os siberídeos da era do bronze demonstrou que há ligações genéticas consideráveis entre os antigos habitantes do lago Baikal, localizado no sul da Sibéria, e os nativos americanos. O estudo indica que é possível modelar a ancestralidade das populações paleolíticas Baikal como tendo, em sua composição genética, linhagens similares aos antigos habitantes pré-históricos das atuais regiões de Ontário e San Nicolas, no Canadá e nos Estados Unidos, respectivamente, assim como demonstrado no esquema da Figura 4.

Diferente dos estudos abordados anteriormente, Castro e Silva *et al.*<sup>12</sup> apresentam dados que indicam influência autossômica de ancestralidade australo-polinésia (representada pelo povo Onge, habitantes das ilhas Andamão, na Baía de Bengala, Sudeste da Índia) nos indígenas Suruí, Karitiana, Xavante, e também outras etnias indígenas da costa do Pacífico. Os autores também investigaram o possível período de que o contato tenha ocorrido, com achados que sugerem que a miscigenação tenha ocorrido antes do isolamento das tribos amazônicas, sendo a introgressão feita no ancestral em comum de ambos indígenas amazônicos e indígenas da costa do Pacífico.

Dos dados genéticos de linhagem paterna (cromossomo Y) e linhagem materna (DNA mitocondrial), costuma-se classificar e analisar de acordo com haplótipos, sendo essas combinações específicas de variações genéticas que são her-



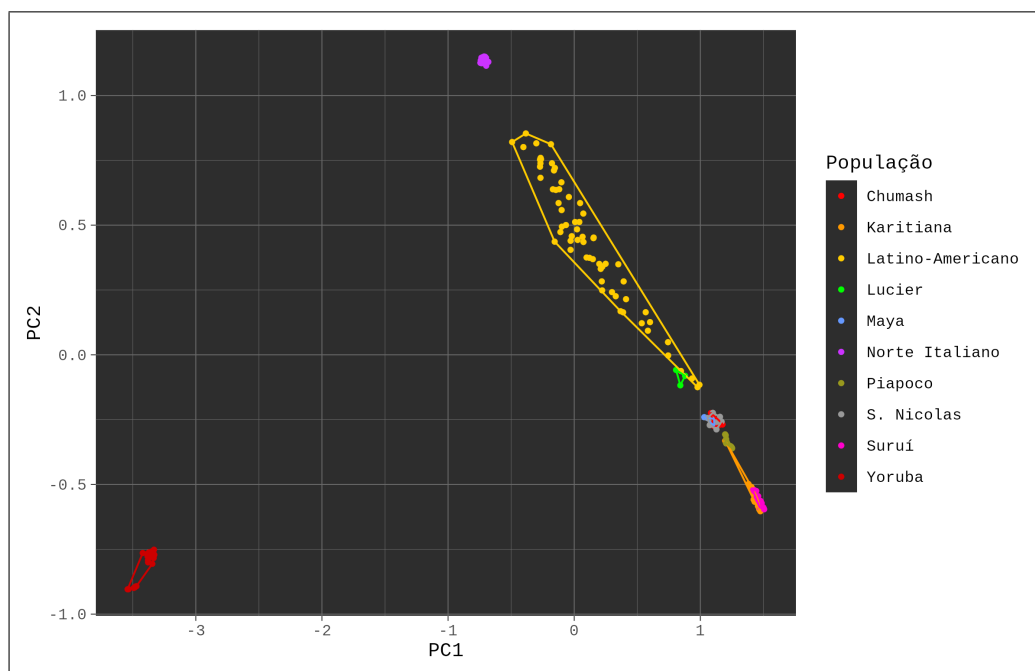
AUTOR	ANO	DADOS ENCONTRADOS (%)
Raghavan <i>et al.</i> <sup>66</sup>	2014	58.4% Leste Asiático 41.6% ANE
Skoglund <i>et al.</i> <sup>73</sup>	2015	<b>Ameríndios (excl. América do Sul)</b> 65.0% Leste Asiático 35.0% ANE <b>Ameríndios da América do Sul</b> 63.7% Leste Asiático 34.3% ANE 2.0% Onge
Sikora <i>et al.</i> <sup>72</sup>	2018	63.0% Leste Asiático 37.0% ANE
Yu <i>et al.</i> <sup>89</sup>	2020	70.0% Leste Asiático 30.0% ANE
Castro e Silva <i>et al.</i> <sup>12</sup>	2021	<b>Ameríndios (excl. América do Sul)</b> 64.0% Leste Asiático 36.0% ANE <b>Ameríndios do Sul (excl. Pacífico)</b> 62.7% Leste Asiático 35.3% ANE 2.0% Onge <b>Ameríndios do Sul (Pacífico)</b> 63.0% Leste Asiático 34.0% ANE 3.0% Onge

**Tabela 2:** Dados autossômicos encontrados nos estudos levantados.

### 4.3 – DA ANÁLISE DA GENÉTICA POPULACIONAL

A análise de componentes principais revela um padrão de agrupamento claro, destacando a proximidade das populações nativas das Américas, assim como ilustrado na Figura 5. Em contraste, o grupo dos ameríndios está posicionado distintamente dos europeus modernos (representados pelos italianos do norte da Itália) e dos africanos modernos (representados pelos Yoruba).

Os latino-americanos incluídos na análise de componentes principais, neste caso sendo indivíduos estadunidenses com ancestralidade mexicana, não se agrupa de forma separada. A colocação desta população reflete sua composição genética mestiça, sendo descrita em estudos como em média 66% de origem ameríndia<sup>91</sup>.

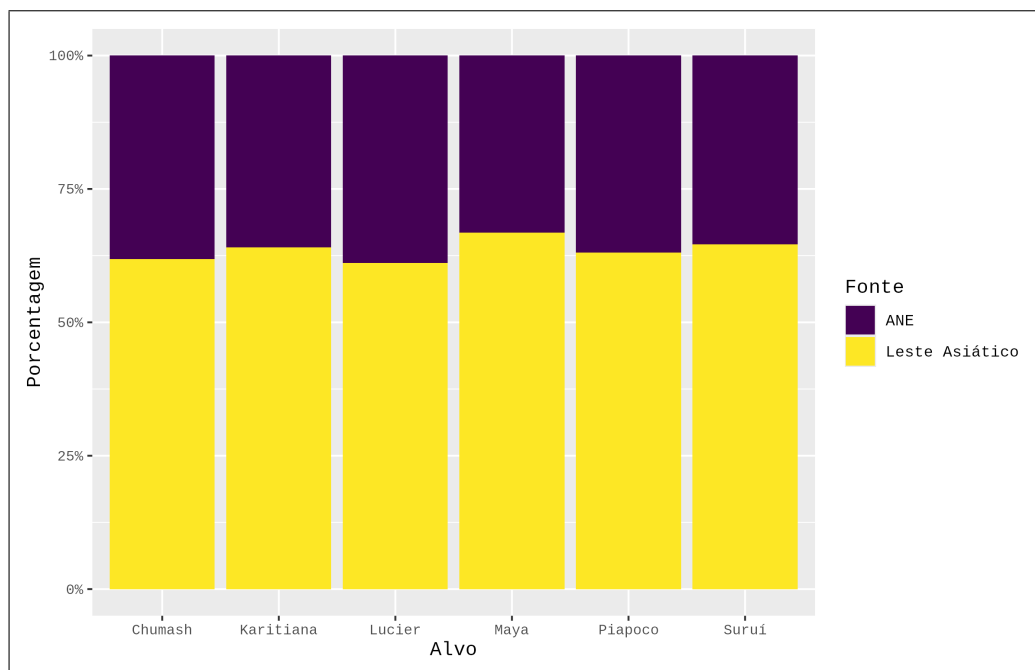


**Figura 5:** Ilustração dos resultados da análise de componentes principais das populações modernas utilizando o programa PLINK 1.9.

Os resultados obtidos com a utilização do pacote ADMIXTOOLS 2 demonstram consistentemente proporções ancestrais semelhantes entre as populações testadas, assim como é ilustrado na Figura 6. Portanto, os dados adquiridos utilizando a função qpAdm reforçam os padrões observados na análise de componentes principais.

Assim como mostrado na Tabela 2 e na Tabela 3, nota-se que as maiores porções ancestrais de todas as populações analisadas utilizando a função qpAdm são as da Ásia. É possível de observar, portanto, uma alta taxa de ancestralidade do leste asiático (representadas pelos exemplares da caverna Chortovy Varota) e também das antigas populações habitantes da Sibéria (ANEs) nos modelos computados.



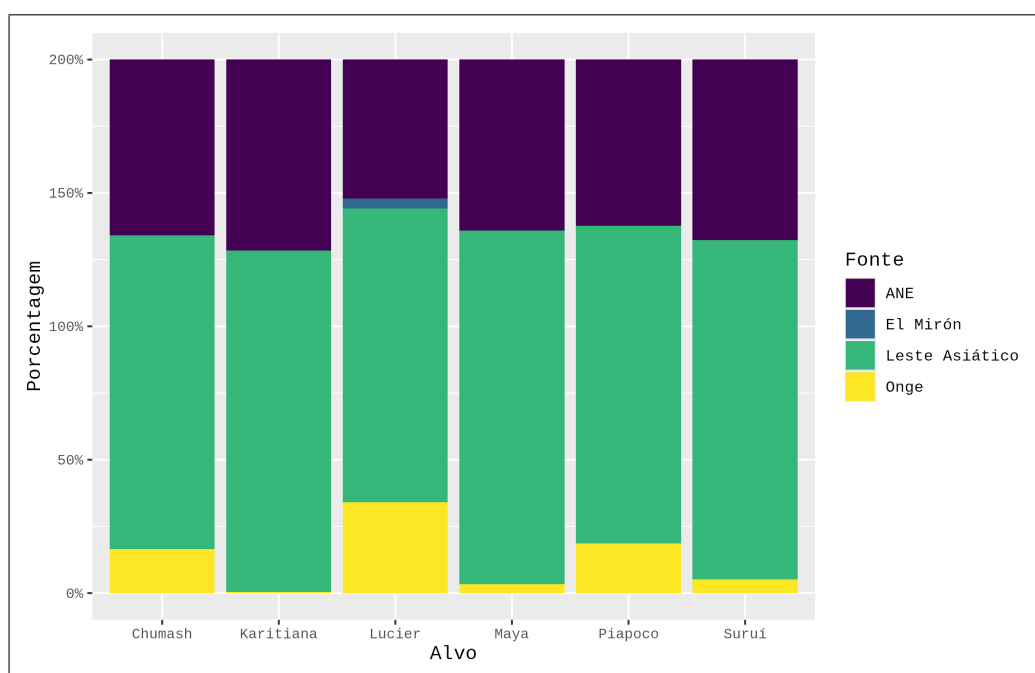


**Figura 6:** Ilustração dos resultados validados (sem a presença de exemplares de rotas alternativas) da possível hibridização utilizando a função qpAdm do pacote ADMIXTOOLS 2, de autoria própria.

Para a análise utilizando as populações representantes das rotas alternativas, além dos dois principais componentes, também é notável a presença do componente representado pelos exemplares do povo Onge. Para o componente solutreano, representado por exemplar de El Mirón, apenas houve sua presença em exemplares de Lucier (1.8%). A presença de Onge foi relativamente maior nos exemplares de Lucier (14.1%) e menor nos exemplares do povo Karitiana (0.1%).

Das populações-alvo, a maior quantidade de leste asiático colocada pelo programa foi nos exemplares do povo Maya, sendo atribuídos 66.3% de ancestralidade para o grupo. A menor quantidade relatada para dito componente foi nos exemplares de Lucier, com a atribuição de 55.9%.

No caso do componente dos antigos siberídeos, a maior atribuição foi aos exemplares do povo Karitiana, alcançando 35.8%. Em contrapartida, a população-alvo que menos obteve o componente foi, novamente, os exemplares de Lucier, com 30.0%.



**Figura 7:** Ilustração dos resultados validados (com a presença de exemplares de rotas alternativas) da possível hibridização utilizando a função qpAdm do pacote ADMIXTOOLS 2, de autoria própria.

ALVO	FONTE	%	P-Value
Chumash	ANE	38.1%	0.7986
Chumash	Leste Asiático	61.9%	
Karitiana	ANE	35.9%	0.7025
Karitiana	Leste Asiático	64.1%	
Lucier	ANE	38.8%	0.2427
Lucier	Leste Asiático	61.2%	
Maya	ANE	33.2%	0.1805
Maya	Leste Asiático	66.8%	
Piapoco	ANE	37.0%	0.0982
Piapoco	Leste Asiático	63.0%	
Suruí	ANE	35.4%	0.9655
Suruí	Leste Asiático	64.6%	

**Tabela 3:** Dados obtidos e validados estatisticamente a partir da função qpAdm do pacote ADMIXTOOLS 2 (sem a presença de exemplares de rotas alternativas).

ALVO	FONTE	%	P-Value
Chumash	ANE	32.9%	0.7593
Chumash	Leste Asiático	58.8%	
Chumash	Onge	8.3%	
Chumash	El Mirón	0%	
Karitiana	ANE	35.8%	0.5116
Karitiana	Leste Asiático	64.0%	
Karitiana	Onge	0.2%	
Karitiana	El Mirón	0.0%	
Lucier	ANE	26.1%	0.2814
Lucier	Leste Asiático	55.1%	
Lucier	Onge	17.0%	
Lucier	El Mirón	1.8%	
Maya	ANE	32.0%	0.0802
Maya	Leste Asiático	66.3%	
Maya	Onge	1.6%	
Maya	El Mirón	0.0%	
Piapoco	ANE	31.1%	0.0723
Piapoco	Leste Asiático	59.6%	
Piapoco	Onge	9.3%	
Piapoco	El Mirón	0.0%	
Suruí	ANE	33.8%	0.9143
Suruí	Leste Asiático	63.6%	
Suruí	Onge	2.6%	
Suruí	El Mirón	0.0%	

**Tabela 4:** Dados obtidos e validados estatisticamente a partir da função qpAdm do pacote ADMIXTOOLS 2 (com a presença de exemplares de rotas alternativas).

## 5 – DISCUSSÃO E CONSIDERAÇÕES FINAIS

É de suma importância compreender que todas as ideias de fluxo migratório abordadas neste trabalho são compatíveis umas com as outras, pois os achados de uma não implicam na não existência da outra, podendo ter ocorrido e não deixado muitos rastros. Além disso, de acordo com Sullivan *et al.*<sup>75</sup>, é necessário, para uma análise estatística, levar em consideração as limitações relacionadas aos métodos utilizados e a quantidade/qualidade de indivíduos disponíveis, assuntos que serão abordados posteriormente.

Dos dados autossômicos levantados neste trabalho, nota-se que há uma grande concordância numérica entre os valores atribuídos para a hibridização formadora dos povos ameríndios. No geral, são descritos como aproximadamente 2/3 de ancestralidade advinda de povos relacionados com o leste asiático e 1/3 de ancestralidade advinda dos antigos habitantes da Sibéria, também chamados de ANE. Dos estudos levantados, os que mais aparentam ter divergido foram os estudo realizado por Raghavan *et al.*<sup>66</sup>, colocando as proporções mais próximas, comparado aos outros estudos, de 1/2 leste asiático e 1/2 ANE, e o estudo realizado por Yu *et al.*<sup>89</sup>, colocando as proporções mais próximas de 5/7 leste asiático e 2/7 ANE.

Um dos possíveis motivos pelas divergências nos resultados, pelo menos no caso de Raghavan *et al.*<sup>66</sup>, seria a utilização de membros asiáticos da moderna etnia Han como representantes dos antigos migrantes leste asiáticos para a Sibéria, não sendo uma boa ideia por conta da mudança da frequência alélica ocorrida nas centenas de gerações que ocorreram entre o atual e o antigo. Porém, no caso de Yu *et al.*<sup>89</sup>, não se aplica, visto ter utilizado populações mais adequadas para representação, como os exemplares da caverna Chrtovy Varota.

Os dados que foram calculados neste trabalho (Tabela 3) seguem esta tendência, colocando, em média, 2/3 da ancestralidade dos povos ameríndios como advindo do leste asiático e 1/3 de ancestralidade dos povos ameríndios como advindo de ANE. Porém, quando adicionadas as populações relacionadas com as rotas possivelmente não ocorridas pelo estreito de Bering (Tabela 4), o padrão muda drasticamente: a porcentagem atribuída aos exemplares de Onge aparecem acima de todos estudos que ela abordam, além de também aparecem em povos que, na literatura, não apresentam os sinais de contato Polinésio<sup>73,12</sup>.

Primeiramente, para entender os possíveis motivos de Onge ter sido atribuído de forma extremamente mais significativa do que estudos anteriores, é necessário entender de onde surgiu o povo Onge. De acordo com análises mitocondriais do povo Onge, Thangaraj *et al.*<sup>78</sup> reportam que a linhagem originária de Onge separou-se há aproximadamente de 50 a 70 mil anos atrás, ficando isolada desde aquele período.

Por conta do isolamento por longo período de tempo, o povo Onge é considerado um caso a parte, estatisticamente falando, quando comparado com qualquer povo que habita ou habitou o leste da Eurásia nos últimos milênios. Apesar de conterem informações úteis em casos a parte, são considerados problemáticos na estatística, geralmente havendo métodos para detecção e remoção deles<sup>1</sup>. Porém, no caso dos estudos com análise autossômica levantados que falam sobre o possível contato Polinésio, utilizam um caso a parte como componente principal para a análise<sup>73,12</sup>.

Ambos estudos feitos por Skoglund *et al.*<sup>73</sup> e Castro e Silva *et al.*<sup>12</sup> fazem uso, para o cálculo da quantidade de Onge possivelmente presente nos ameríndios, de funções presentes nos pacotes ADMIXTOOLS<sup>62</sup> e ADMIXTOOLS 2<sup>51</sup>. Não utilizam, porém, qpAdm de forma direta.

Uma das características em comum das funções, além da utilização de f-statistics, encontradas em estudos (qpAdm, qpWave, qpGraph, entre outras) advindas das duas versões de ADMIXTOOLS é a necessidade da inserção de contexto trazido pelos pesquisadores, como é o caso da escolha de populações na computação com a função qpAdm. Por conta da falta de métodos formalizados para a escolha populacional, sendo apenas colocadas indicações do que escolher e não escolher<sup>33</sup>, é a critério dos pesquisadores de colocar exemplares a partir de palpites educados, podendo facilmente achar correlações que não implicam em causalidade. Além disso, a própria base do programa, f-statistics, é criticada em estudos recentes por Flegontova *et al.*<sup>25</sup>, Yüncü *et al.*<sup>90</sup>, e Maier *et al.*<sup>51</sup> como sendo uma ferramenta não relatável dependendo do caso, podendo dar resultados válidos em teoria, mas falsos na realidade.

Outro grande problema, não só presente com o pacote ADMIXTOOLS<sup>62</sup> e ADMIXTOOLS 2<sup>51</sup>, é a ideia, utilizada nas fórmulas, de que cada variante é independente uma da outra. Essa preposição é a diferença entre dois modos de modelagem de ancestralidade: a inferência local de ancestralidade (LAI) e a inferência global de ancestralidade (GAI). Os nomes "local" e "global" ambos estão relacionados com o modo que funcionam, sendo que os algoritmos LAI calculam a ancestralidade em blocos separados ao longo dos cromossomos analisados. Já o caso de GAI, utiliza cada marcador como se fosse independente.

Apesar dos mais usados programas para análise populacional utilizarem GAI (ex. ADMIXTURE<sup>3</sup>, STRUCTURE<sup>36</sup>, ADMIXTOOLS<sup>62</sup>, ADMIXTOOLS 2<sup>51</sup>, e até, de modo geral, as diversas ferramentas que computam análise de componentes principais<sup>19</sup>), a forma que LAI é mais comparável com os mecanismos ocorrentes na formação gamética e eventual formação de híbridos<sup>64,2</sup>. Apesar de existirem programas que utilizam LAI (ex. RFmix<sup>56</sup>), a presença deste tipo de modelagem é pouco utilizada na área de genética populacional humana.

Fora da área autossômica, problemas continuam a existir no grupo alossô-

mico e mitocondrial. Apesar do uso do cromossomo Y e do cromossomo mitocondrial serem importantes para a área de arqueogenética<sup>80</sup>, demonstra apenas uma parte da história, visto ser um indicador da linhagem patrilinear e matrilinear, respectivamente, e apenas isso<sup>81</sup>.

Por fim, após ter comentado sobre problemas específicos, a limitação principal que ocorre tanto na área da genética médica como também na genética populacional é o número limitado de exemplares. Em 2016, a presença de exemplares de populações modernas para a área médica foi de apenas 35 milhões<sup>65</sup>, enquanto para a área de genética populacional (neste caso focando na atual versão do AADR, a v54.1.p1) é de 20 mil exemplares, sendo 9 mil o número de exemplares antigos<sup>52,53</sup>.

## REFERÊNCIAS

- 1 AGGARWAL, C. Outlier Analysis. **Springer: New York**, 2013. Disponível em: <<https://www.semanticscholar.org/paper/Outlier-Analysis-Aggarwal/1bc042ec7a58ca8040ee08178433752f2c16f25e>>.
- 2 ALBERTS, Bruce et al. Meiosis. In: MOLECULAR BIOLOGY OF THE CELL. 4TH EDITION. Abingdon, England, UK: Garland Science, 2002. Disponível em: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK26840>>.
- 3 ALEXANDER, David H.; NOVEMBRE, John; LANGE, Kenneth. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. **Genome Res.**, Cold Spring Harbor Lab, v. 19, n. 9, p. 1655–1664, jul. 2009. ISSN 1088-9051. DOI: [10.1101/gr.094052.109](https://doi.org/10.1101/gr.094052.109).
- 4 ALRYALAT, Saif Aldeen S.; MALKAWI, Lna W.; MOMANI, Shaher M. Comparing Bibliometric Analysis Using PubMed, Scopus, and Web of Science Databases. **Journal of Visualized Experiments (JoVE)**, n. 152, e58494, out. 2019. ISSN 1940-087X. DOI: [10.3791/58494](https://doi.org/10.3791/58494).
- 5 AUTON, Adam et al. A global reference for human genetic variation. **Nature**, Nature Publishing Group, v. 526, n. 7571, p. 68–74, out. 2015. ISSN 1476-4687. DOI: [10.1038/nature15393](https://doi.org/10.1038/nature15393).
- 6 BERGSTRÖM, Anders et al. Insights into human genetic variation and population history from 929 diverse genomes. **Science**, American Association for the Advancement of Science (AAAS), v. 367, n. 6484, mar. 2020. ISSN 1095-9203. DOI: [10.1126/science.aay5012](https://doi.org/10.1126/science.aay5012). Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1126/science.aay5012>>.
- 7 BIASUTTI, R.; BARTOLI, Matteo. **Le Razze e i popoli della terra**. [S.l.: s.n.], 1941.
- 8 BIRX, H. James. **21st Century Anthropology: A Reference Handbook (21st Century Reference Series)**. Thousand Oaks, CA, USA: SAGE Publications, Inc, jun. 2010. ISBN 978-1-41295738-0.
- 9 BUSBY, George B. J. et al. Admixture into and within sub-Saharan Africa. **eLife**, eLife Sciences Publications, Ltd, jun. 2016. DOI: [10.7554/eLife.15266](https://doi.org/10.7554/eLife.15266).
- 10 CALLAWAY, Ewen. Ethiopian jawbone may mark dawn of humankind - Nature. **Nature**, Nature Publishing Group, mar. 2015. ISSN 1476-4687. DOI: [10.1038/nature.2015.17039](https://doi.org/10.1038/nature.2015.17039).

- 11 CASTELLI, F. Drivers of migration: why do people move? **J. Travel Med.**, 2018. Disponível em: <<https://www.semanticscholar.org/paper/Drivers-of-migration:-why-do-people-move-Castelli/c2fb9ba131b5a33f767fc18c46f3f8bb190a4c1d>>.
- 12 CASTRO E. SILVA, Marcos Arajo et al. Deep genetic affinity between coastal Pacific and Amazonian natives evidenced by Australasian ancestry. **Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.**, Proceedings of the National Academy of Sciences, v. 118, n. 14, e2025739118, abr. 2021. DOI: [10.1073/pnas.2025739118](https://doi.org/10.1073/pnas.2025739118).
- 13 CHANG, Christopher C. et al. Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets. **GigaScience**, Oxford Academic, v. 4, n. 1, p. 13742–015, dez. 2015. ISSN 2047-217X. DOI: [10.1186/s13742-015-0047-8](https://doi.org/10.1186/s13742-015-0047-8).
- 14 COTTER, John. Yuma and Folsom artifacts. Department of Anthropology, Denver, Colorado.
- 15 DAVIS, Loren G.; MADSEN, David B. The coastal migration theory: Formulation and testable hypotheses. **Quaternary Science Reviews**, Pergamon, v. 249, p. 106605, dez. 2020. ISSN 0277-3791. DOI: [10.1016/j.quascirev.2020.106605](https://doi.org/10.1016/j.quascirev.2020.106605).
- 16 DEBEAUNE, By SophieA. The Invention of Technology. **Current Anthropology**, The University of Chicago Press, abr. 2004. Disponível em: <<https://www.journals.uchicago.edu/doi/10.1086/381045>>.
- 17 DILLEHAY, Tom D. Probing deeper into first American studies. **Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.**, Proceedings of the National Academy of Sciences, v. 106, n. 4, p. 971–978, jan. 2009. DOI: [10.1073/pnas.0808424106](https://doi.org/10.1073/pnas.0808424106).
- 18 DUNCAN, Neil A. et al. Pre-Columbian fire management and control of climate-driven floodwaters over 3,500 years in southwestern Amazonia. **Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.**, Proceedings of the National Academy of Sciences, v. 118, n. 40, e2022206118, out. 2021. DOI: [10.1073/pnas.2022206118](https://doi.org/10.1073/pnas.2022206118).
- 19 ELHAIK, Eran. Principal Component Analyses (PCA)-based findings in population genetic studies are highly biased and must be reevaluated. **Sci. Rep.**, Nature Publishing Group, v. 12, n. 14683, p. 1–35, ago. 2022. ISSN 2045-2322. DOI: [10.1038/s41598-022-14395-4](https://doi.org/10.1038/s41598-022-14395-4).
- 20 ESKE WILLERSLEV, #; DAVID J. MELTZER, #. Peopling of the Americas as inferred from ancient genomics. **Nature**, See full text options at Nature Publishing Group, v. 594, n. 7863, p. 356–364, jun. 2021. ISSN 1476-4687. DOI: [10.1038/s41586-021-03499-y](https://doi.org/10.1038/s41586-021-03499-y). eprint: [34135521](https://www.nature.com/articles/s41586-021-03499-y).



- 21 EXCOFFIER, Laurent. Human Diversity: Our Genes Tell Where We Live. **Curr. Biol.**, Elsevier, v. 13, n. 4, r134–r136, fev. 2003. ISSN 0960-9822. DOI: [10.1016/S0960-9822\(03\)00074-5](https://doi.org/10.1016/S0960-9822(03)00074-5).
- 22 FLADMARK, K. R. Routes: Alternate Migration Corridors for Early Man in North America. **Am. Antiqu.**, Cambridge University Press, v. 44, n. 1, p. 55–69, jan. 1979. ISSN 0002-7316. DOI: [10.2307/279189](https://doi.org/10.2307/279189).
- 23 FLADMARK, Knut R. Feasibility of the Northwest Coast As a Migration Route for Early Man. **Archaeological Researches International**, Archaeological Researches International, p. 119–128, 1978. Disponível em: <https://core.tdar.org/document/144259/feasibility-of-the-northwest-coast-as-a-migration-route-for-early-man>.
- 24 FLANNERY, K. V. et al. Implications of new petrographic analysis for the Olmec. **Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.**, 2005. Disponível em: <https://www.semanticscholar.org/paper/Implications-of-new-petrographic-analysis-for-the-Flannery-Balkansky/a5226c20ab8b4fdc0ee9dc31e08581f402a016d9>.
- 25 FLEGONTOVA, Olga et al. Performance of qpAdm-based screens for genetic admixture on admixture-graph-shaped histories and stepping-stone landscapes. **bioRxiv**, Cold Spring Harbor Laboratory, p. 2023.04.25.538339, ago. 2024. eprint: [2023.04.25.538339](https://doi.org/10.1101/2023.04.25.538339). Disponível em: <https://doi.org/10.1101/2023.04.25.538339>.
- 26 FREIHERR, Egon. **Geschichte der anthropologischen Namengebung und Klassifikation (Unter Betonung der Erforschung von Südasien)**. [S.l.]: Zeitschrift für Rassenkunde, 1937.
- 27 FU, Qiaomei et al. The genetic history of Ice Age Europe. **Nature**, Nature Publishing Group, v. 534, n. 7606, p. 200–205, jun. 2016. ISSN 1476-4687. DOI: [10.1038/nature17993](https://doi.org/10.1038/nature17993).
- 28 GONALVES, Vanessa Faria et al. Identification of Polynesian mtDNA haplogroups in remains of Botocudo Amerindians from Brazil. **Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.**, Proceedings of the National Academy of Sciences, v. 110, n. 16, p. 6465–6469, abr. 2013. DOI: [10.1073/pnas.1217905110](https://doi.org/10.1073/pnas.1217905110).
- 29 GONZLEZ-JOS, Rolando et al. Late Pleistocene/Holocene craniofacial morphology in Mesoamerican Paleoindians: Implications for the peopling of the New World. **Am. J. Phys. Anthropol.**, John Wiley & Sons, Ltd, v. 128, n. 4, p. 772–780, dez. 2005. ISSN 0002-9483. DOI: [10.1002/ajpa.20165](https://doi.org/10.1002/ajpa.20165).

- 30 GOROSTIZA, Amaya et al. Reconstructing the History of Mesoamerican Populations through the Study of the Mitochondrial DNA Control Region. **PLoS One**, Public Library of Science, v. 7, n. 9, e44666, set. 2012. ISSN 1932-6203. DOI: [10.1371/journal.pone.0044666](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0044666).
- 31 GREENMAN, E. F. The Upper Palaeolithic and the New World. **Current Anthropology**, Current Anthropology, fev. 1963. DOI: [10.1086/200337](https://doi.org/10.1086/200337).
- 32 HAJDINJAK, Mateja et al. Initial Upper Palaeolithic humans in Europe had recent Neanderthal ancestry. **Nature**, Nature Publishing Group, v. 592, n. 7853, p. 253–257, abr. 2021. ISSN 1476-4687. DOI: [10.1038/s41586-021-03335-3](https://doi.org/10.1038/s41586-021-03335-3).
- 33 HARNEY, adaoín et al. Assessing the performance of qpAdm: a statistical tool for studying population admixture. **Genetics**, Oxford University Press, v. 217, n. 4, abr. 2021. DOI: [10.1093/genetics/iyaa045](https://doi.org/10.1093/genetics/iyaa045).
- 34 HASLIP-VIERA, Gabriel; MONTELLANO, Bernard Ortiz de; BARBOUR, Warren. Robbing Native American Cultures: Van Sertima's Afrocentricity and the Olmecs. **Current Anthropology**, The University of Chicago Press, jun. 1997. Disponível em: <https://www.journals.uchicago.edu/doi/abs/10.1086/204626>.
- 35 HERACLIDES, Alexandros et al. Palaeogenomic insights into the origins of early settlers on the island of Cyprus. **Sci. Rep.**, 2024. The Author(s), v. 14, n. 1, p. 9632. Abr. 2024. ISSN 2045-2322. DOI: [10.1038/s41598-024-60161-z](https://doi.org/10.1038/s41598-024-60161-z). eprint: [38671010](https://arxiv.org/abs/38671010).
- 36 HUBISZ, Melissa J. et al. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. **Mol. Ecol. Resour.**, John Wiley & Sons, Ltd, v. 9, n. 5, p. 1322–1332, set. 2009. ISSN 1755-098X. DOI: [10.1111/j.1755-098X.2009.02591.x](https://doi.org/10.1111/j.1755-098X.2009.02591.x).
- 37 INDIGENOUS PEOPLES IN VOLUNTARY ISOLATION AND INITIAL CONTACT IN THE AMERICAS: RECOMMENDATIONS FOR THE FULL RESPECT OF THEIR HUMAN RIGHTS - IWGIA - INTERNATIONAL WORK GROUP FOR INDIGENOUS AFFAIRS. [S.l.: s.n.], set. 2024. [Online; accessed 8. Sep. 2024]. Disponível em: <https://www.iwgia.org/en/resources/publications/305-books/3171-indigenous-peoples-in-voluntary-isolation-and-initial-contact-in-the-americas.html>.
- 38 JARCHO, S. Origin of the American Indian as Suggested by Fray Joseph de Acosta (1589). **Isis**, 1959. Disponível em: <https://www.semanticscholar.org/paper/Origin-of-the-American-Indian-as-Suggested-by-Fray-Jarcho/3c591baad5cbbdc9d94b1fb9de4c7091be844190>.

- 39 KLYOSOV, A.; ROZHANSKII, I. Re-Examining the. **Advances in Anthropology**, 2012. Disponível em:  
<<https://www.semanticscholar.org/paper/Re-Examining-the-%22Out-of-Africa%22-Theory-and-the-of-Klyosov-Rozhanskii/f0f6315c33b3c490706d8c7612a780f74a3f0f22>>.
- 40 LAMBECK, Kurt et al. Sea level and global ice volumes from the Last Glacial Maximum to the Holocene. **Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.**, Proceedings of the National Academy of Sciences, v. 111, n. 43, p. 15296–15303, out. 2014. DOI: [10.1073/pnas.1411762111](https://doi.org/10.1073/pnas.1411762111).
- 41 LAMNIDIS, Thiseas C. et al. Ancient Fennoscandian genomes reveal origin and spread of Siberian ancestry in Europe. **Nat. Commun.**, Nature Publishing Group, v. 9, n. 5018, p. 1–12, nov. 2018. ISSN 2041-1723. DOI: [10.1038/s41467-018-07483-5](https://doi.org/10.1038/s41467-018-07483-5).
- 42 LAUGHLIN, William S. Human Migration and Permanent Occupation in the Bering Sea Area. **Stanford University Press**, Stanford University Press, p. 409–460, 1967. Disponível em:  
<<https://core.tdar.org/document/150053/human-migration-and-permanent-occupation-in-the-bering-sea-area>>.
- 43 LAZARIDIS, Iosif; ALPASLAN-ROODENBERG, Songli; REICH, David. The genetic history of the Southern Arc: A bridge between West Asia and Europe. **Science**, American Association for the Advancement of Science, v. 377, n. 6609, ago. 2022. ISSN 0036-8075. DOI: [10.1126/science.abm4247](https://doi.org/10.1126/science.abm4247).
- 44 LI, Yu-Chun et al. Mitogenome evidence shows two radiation events and dispersals of matrilineal ancestry from northern coastal China to the Americas and Japan. **Cell Rep.**, Elsevier, v. 42, n. 5, mai. 2023. ISSN 2211-1247. DOI: [10.1016/j.celrep.2023.112413](https://doi.org/10.1016/j.celrep.2023.112413).
- 45 LIBRADO, Pablo et al. Widespread horse-based mobility arose around 2200 BCE in Eurasia. **Nature**, The Author(s)., v. 631, n. 8022, p. 819–825, jul. 2024. ISSN 1476-4687. DOI: [10.1038/s41586-024-07597-5](https://doi.org/10.1038/s41586-024-07597-5). eprint: [38843826](https://www.nature.com/eprints/38843826).
- 46 LIMA, Jane Daniele Jornada de; GAIKE, Tanise Marian; AYRES-PERES, Luciane. Bipedalismo: uma breve reviso deste fator que distancia o ser humano dos demais primatas. **ScientiaTec**, v. 4, n. 3, p. 213–222, 2017. ISSN 2318-9584. DOI: [10.35819/scientiatec.v4i3.2113](https://doi.org/10.35819/scientiatec.v4i3.2113).

- 47 LIPSON, Mark et al. Ancient DNA and deep population structure in sub-Saharan African foragers. **Nature**, Nature Publishing Group, v. 603, n. 7900, p. 290–296, mar. 2022. ISSN 1476-4687. DOI: [10.1038/s41586-022-04430-9](https://doi.org/10.1038/s41586-022-04430-9).
- 48 LORENZ, J. G.; SMITH, D. G. Distribution of four founding mtDNA haplogroups among Native North Americans. **Am. J. Phys. Anthropol.**, See full text options at Wiley, v. 101, n. 3, p. 307–323, nov. 1996. ISSN 0002-9483. DOI: [10.1002/\(SICI\)1096-8644\(199611\)101:3<307::AID-AJPA1>3.0.CO;2-W](https://doi.org/10.1002/(SICI)1096-8644(199611)101:3<307::AID-AJPA1>3.0.CO;2-W). eprint: [8922178](https://doi.org/10.1002/(SICI)1096-8644(199611)101:3<307::AID-AJPA1>3.0.CO;2-W).
- 49 LUNDMAN, Bertil. **Jordens människoraser och folkstammar: I deras Etnografiska och Geografiska Sammanhang**. Uppsala, Uppland, Sverige: [s.n.], 1943.
- 50 MACGOWAN, Kenneth. **Early Man in the New World**. New York, NY, USA: Macmillan, jan. 1950.
- 51 MAIER, Robert et al. On the limits of fitting complex models of population history to f-statistics. **eLife**, eLife Sciences Publications, Ltd, abr. 2023. DOI: [10.7554/eLife.85492](https://doi.org/10.7554/eLife.85492).
- 52 MALLICK, Swapan; REICH, David. The Allen Ancient DNA Resource (AADR): A curated compendium of ancient human genomes. **Harvard Dataverse**, Harvard Dataverse, set. 2024. DOI: [10.7910/DVN/FFIDCW](https://doi.org/10.7910/DVN/FFIDCW).
- 53 MALLICK, Swapan et al. The Allen Ancient DNA Resource (AADR): A curated compendium of ancient human genomes. **bioRxiv**, Cold Spring Harbor Laboratory, p. 2023.04.06.535797, abr. 2023. DOI: [10.1038/s41597-024-03031-7](https://doi.org/10.1038/s41597-024-03031-7). eprint: [2023.04.06.535797](https://doi.org/10.1038/s41597-024-03031-7).
- 54 MALLICK, Swapan et al. The Simons Genome Diversity Project: 300 genomes from 142 diverse populations. **Nature**, Nature Publishing Group, v. 538, n. 7624, p. 201–206, out. 2016. ISSN 1476-4687. DOI: [10.1038/nature18964](https://doi.org/10.1038/nature18964).
- 55 MAO, Xiaowei et al. The deep population history of northern East Asia from the Late Pleistocene to the Holocene. **Cell**, Elsevier, v. 184, n. 12, 3256–3266.e13, jun. 2021. ISSN 0092-8674. DOI: [10.1016/j.cell.2021.04.040](https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.04.040).
- 56 MAPLES, Brian K. et al. RFMix: A Discriminative Modeling Approach for Rapid and Robust Local-Ancestry Inference. **Am. J. Hum. Genet.**, Elsevier, v. 93, n. 2, p. 278–288, ago. 2013. ISSN 0002-9297. DOI: [10.1016/j.ajhg.2013.06.020](https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2013.06.020).

- 57 MELGAR, José. Estudio sobre la antigüedad y el origen de la cabeza colosal de tipo etiópico que existe en Hueyapam, del cantón de los Tuxtlas. **Boletín de la Sociedad Mexicana de Geografía y Estadística**, Sociedad Mexicana de Geografía y Estadística, Mexico, 1871.
- 58 MONDAL, Mayukh et al. Genomic analysis of Andamanese provides insights into ancient human migration into Asia and adaptation. **Nat. Genet.**, Nature Publishing Group, v. 48, n. 9, p. 1066–1070, set. 2016. ISSN 1546-1718. DOI: [10.1038/ng.3621](https://doi.org/10.1038/ng.3621).
- 59 MORENO-MAYAR, J. Vctor et al. Early human dispersals within the Americas. **Science**, American Association for the Advancement of Science, v. 362, n. 6419, nov. 2018. ISSN 0036-8075. DOI: [10.1126/science.aav2621](https://doi.org/10.1126/science.aav2621).
- 60 NEUBAUER, Simon; HUBLIN, Jean-Jacques; GUNZ, Philipp. The evolution of modern human brain shape. **Sci. Adv.**, See full text options at Atypon, v. 4, n. 1, eaao5961. Jan. 2018. ISSN 2375-2548. DOI: [10.1126/sciadv.aao5961](https://doi.org/10.1126/sciadv.aao5961). eprint: [29376123](https://eprint.org/29376123).
- 61 OPPENHEIMER; BRADLEY; STANFORD. Solutrean hypothesis: genetics, the mammoth in the room. **World Archaeol.**, Taylor & Francis, v. 46, n. 5, out. 2014. ISSN 0043-8243. DOI: [10.1080/00438243.2014.966273](https://doi.org/10.1080/00438243.2014.966273).
- 62 PATTERSON, Nick et al. Ancient admixture in human history. **Genetics**, See full text options at Silverchair Information Systems, v. 192, n. 3, p. 1065–1093, nov. 2012. ISSN 1943-2631. DOI: [10.1534/genetics.112.145037](https://doi.org/10.1534/genetics.112.145037). eprint: [22960212](https://eprint.org/22960212).
- 63 PETER, Benjamin M. Admixture, Population Structure, and F-Statistics. **Genetics**, Oxford Academic, v. 202, n. 4, p. 1485–1501, abr. 2016. ISSN 1943-2631. DOI: [10.1534/genetics.115.183913](https://doi.org/10.1534/genetics.115.183913).
- 64 PHD, Lynn B. Jorde; MPH, John C. Carey Md; M. D., Michael J. Bamshad. **Medical Genetics**. Walthm, MA, USA: Elsevier, dez. 2019. ISBN 978-0-32359737-1.
- 65 POPEJOY, Alice B.; FULLERTON, Stephanie M. Genomics is failing on diversity. **Nature**, Nature Publishing Group, v. 538, n. 7624, p. 161–164, out. 2016. ISSN 1476-4687. DOI: [10.1038/538161a](https://doi.org/10.1038/538161a).
- 66 RAGHAVAN, Maanasa et al. Upper Palaeolithic Siberian genome reveals dual ancestry of Native Americans. **Nature**, Nature Publishing Group, v. 505, n. 7481, p. 87–91, jan. 2014. ISSN 1476-4687. DOI: [10.1038/nature12736](https://doi.org/10.1038/nature12736).

- 67 RODNING, Christopher B. Social networks and the archaeology of the Native American South. **Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.**, Proceedings of the National Academy of Sciences, v. 116, n. 14, p. 6519–6521, abr. 2019. DOI: [10.1073/pnas.1901804116](https://doi.org/10.1073/pnas.1901804116).
- 68 SANTOS, Fabrcio R. et al. The Central Siberian Origin for Native American Y Chromosomes. **Am. J. Hum. Genet.**, Cell Press, v. 64, n. 2, p. 619–628, fev. 1999. ISSN 0002-9297. DOI: [10.1086/302242](https://doi.org/10.1086/302242).
- 69 SARNO, Stefania et al. Ancient and recent admixture layers in Sicily and Southern Italy trace multiple migration routes along the Mediterranean. **Sci. Rep.**, Nature Publishing Group, v. 7, n. 1984, p. 1–12, mai. 2017. ISSN 2045-2322. DOI: [10.1038/s41598-017-01802-4](https://doi.org/10.1038/s41598-017-01802-4).
- 70 SCHEIB, C. L. et al. Ancient human parallel lineages within North America contributed to a coastal expansion. **Science**, American Association for the Advancement of Science, v. 360, n. 6392, p. 1024–1027, jun. 2018. ISSN 0036-8075. DOI: [10.1126/science.aar6851](https://doi.org/10.1126/science.aar6851).
- 71 SCHURR, Theodore G. The Peopling of the New World: Perspectives from Molecular Anthropology. **Annual Review of Anthropology**, Annual Reviews, v. 33, n. 1, p. 551–583, set. 2004. ISSN 0084-6570. DOI: [10.1146/annurev.anthro.33.070203.143932](https://doi.org/10.1146/annurev.anthro.33.070203.143932).
- 72 SIKORA, Martin et al. The population history of northeastern Siberia since the Pleistocene. **bioRxiv**, Cold Spring Harbor Laboratory, p. 448829, out. 2018. DOI: [10.1101/448829](https://doi.org/10.1101/448829). eprint: [448829](https://doi.org/448829).
- 73 SKOGLUND, Pontus et al. Genetic evidence for two founding populations of the Americas. **Nature**, Nature Publishing Group, v. 525, n. 7567, p. 104–108, set. 2015. ISSN 1476-4687. DOI: [10.1038/nature14895](https://doi.org/10.1038/nature14895).
- 74 STANFORD, Dennis J. J.; BRADLEY, Bruce A.; COLLINS, Michael. **Across Atlantic Ice: The Origin of America's Clovis Culture**. Ewing, NJ, USA: University of California Press, jun. 2013. ISBN 978-0-52027578-2. Disponível em: <<https://www.amazon.com/Across-Atlantic-Ice-Americas-Culture/dp/0520275780>>.
- 75 SULLIVAN, Lisa M.; WEINBERG, Janice; KEANEY JR., John F. Common Statistical Pitfalls in Basic Science Research. **J. Am. Heart Assoc.**, set. 2016. DOI: [10.1161/JAHA.116.004142](https://doi.org/10.1161/JAHA.116.004142).
- 76 TAMM, Erika et al. Beringian standstill and spread of Native American founders. **PLoS One**, See full text options at Public Library of Science, v. 2, n. 9, e829. Set. 2007. ISSN 1932-6203. DOI: [10.1371/journal.pone.0000829](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0000829). eprint: [17786201](https://doi.org/17786201).



- 77 TATTERSALL, Ian. Human origins: Out of Africa. **Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.**, Proceedings of the National Academy of Sciences, v. 106, n. 38, p. 16018–16021, set. 2009. DOI: [10.1073/pnas.0903207106](https://doi.org/10.1073/pnas.0903207106).
- 78 THANGARAJ, Kumarasamy et al. Reconstructing the Origin of Andaman Islanders. **Science**, American Association for the Advancement of Science, v. 308, n. 5724, p. 996, mai. 2005. ISSN 0036-8075. DOI: [10.1126/science.1109987](https://doi.org/10.1126/science.1109987).
- 79 TIESLER, Vera et al. Life and death in early colonial Campeche: new insights from ancient DNA. **Antiquity**, Cambridge University Press, v. 96, n. 388, p. 937–954, ago. 2022. ISSN 0003-598X. DOI: [10.15184/aqy.2022.79](https://doi.org/10.15184/aqy.2022.79).
- 80 TORRONI, Antonio et al. Harvesting the fruit of the human mtDNA tree. **Trends Genet.**, Elsevier, v. 22, n. 6, p. 339–345, jun. 2006. ISSN 0168-9525. DOI: [10.1016/j.tig.2006.04.001](https://doi.org/10.1016/j.tig.2006.04.001).
- 81 UNDERHILL, Peter A.; KIVISILD, Toomas. Use of Y Chromosome and Mitochondrial DNA Population Structure in Tracing Human Migrations. **Annu. Rev. Genet.**, Annual Reviews, Volume 41, 2007, p. 539–564, dez. 2007. DOI: [10.1146/annurev.genet.41.110306.130407](https://doi.org/10.1146/annurev.genet.41.110306.130407).
- 82 UNKEL, Ingmar et al. A comprehensive numerical chronology for the pre-Columbian cultures of the Palpa valleys, south coast of Peru. **J. Archaeolog. Sci.**, Academic Press, v. 39, n. 7, p. 2294–2303, jul. 2012. ISSN 0305-4403. DOI: [10.1016/j.jas.2012.02.021](https://doi.org/10.1016/j.jas.2012.02.021).
- 83 VILLALBA-MOUCO, Vanessa et al. Survival of Late Pleistocene Hunter-Gatherer Ancestry in the Iberian Peninsula. **Curr. Biol.**, Elsevier, v. 29, n. 7, 1169–1177.e7, abr. 2019. ISSN 0960-9822. DOI: [10.1016/j.cub.2019.02.006](https://doi.org/10.1016/j.cub.2019.02.006).
- 84 WANG, Chuan-Chao et al. Ancient human genome-wide data from a 3000-year interval in the Caucasus corresponds with eco-geographic regions. **Nat. Commun.**, Nature Publishing Group, v. 10, n. 590, p. 1–13, fev. 2019. ISSN 2041-1723. DOI: [10.1038/s41467-018-08220-8](https://doi.org/10.1038/s41467-018-08220-8).
- 85 WICKHAM, Hadley. **ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis**. [S.l.]: Springer-Verlag New York, 2016. ISBN 978-3-319-24277-4. Disponível em: <https://ggplot2.tidyverse.org>.
- 86 XIYAN WU, # et al. Genomic insights into the complex demographic history and inbreeding phenomena during Zhou Dynasty on the Central Plains of China. **Front. Microbiol.**, Wu, Ding, Nie, Zhong, Liu, Liang, Wang, Gao, Wei e Zhou., 15:1471740., set. 2024. ISSN 1664-302X. DOI: [10.3389/fmicb.2024.1471740](https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1471740). eprint: [39345259](https://eprints.org/39345259).

- 87 XUE, James et al. The time and place of European admixture in Ashkenazi Jewish history. **PLoS Genet.**, See full text options at Public Library of Science, v. 13, n. 4, e1006644. Abr. 2017. ISSN 1553-7404. DOI: [10.1371/journal.pgen.1006644](https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1006644). eprint: [28376121](https://doi.org/28376121).
- 88 YANG, Melinda A. et al. 40,000-Year-Old Individual from Asia Provides Insight into Early Population Structure in Eurasia. **Curr. Biol.**, Elsevier, v. 27, n. 20, 3202–3208.e9, out. 2017. ISSN 0960-9822. DOI: [10.1016/j.cub.2017.09.030](https://doi.org/10.1016/j.cub.2017.09.030).
- 89 YU, He et al. Paleolithic to Bronze Age Siberians Reveal Connections with First Americans and across Eurasia. **Cell**, Elsevier Inc, v. 181, n. 6, p. 1232–124520, jun. 2020. ISSN 1097-4172. DOI: [10.1016/j.cell.2020.04.037](https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.04.037). eprint: [32437661](https://doi.org/32437661).
- 90 YNC, Eren et al. False discovery rates of qpAdm-based screens for genetic admixture. **bioRxiv**, Cold Spring Harbor Laboratory, p. 2023.04.25.538339, out. 2023. eprint: [2023.04.25.538339](https://doi.org/2023.04.25.538339). Disponível em: <https://doi.org/10.1101/2023.04.25.538339>.
- 91 ZIYATDINOV, Andrey et al. Genotyping, sequencing and analysis of 140,000 adults from Mexico City. **Nature**, Nature Publishing Group, v. 622, n. 7984, p. 784–793, out. 2023. ISSN 1476-4687. DOI: [10.1038/s41586-023-06595-3](https://doi.org/10.1038/s41586-023-06595-3).