

A disputada conquista das Américas



Análises sugerem que humanos chegaram ao continente entre 23 mil e 15 mil anos atrás e que alguns indígenas do Brasil têm DNA oriundo de povos da Oceania

Um tema controverso voltou à cena no final de julho: a chegada dos seres humanos às Américas. No dia 21, duas equipes independentes publicaram estudos em duas revistas concorrentes, a *Science* e a *Nature*, comparando as características genéticas de populações nativas americanas com as de povos de outras regiões do mundo. Os trabalhos analisaram o mais amplo conjunto de informações genéticas disponíveis de povos do Novo Mundo para tentar reconstruir a história da ocupação do último continente, exceto a Antártida, em que o *Homo sapiens* se estabeleceu. Os artigos chegaram a conclusões aparentemente distintas, mas ambos indicam que alguns grupos indígenas atuais do Brasil apresentam algum grau de parentesco com povos da Oceania.

No estudo da *Science*, o grupo do biólogo Eske Willerslev, da Universidade de Copenhague, na Dinamarca, afirma que os primeiros humanos chegaram às Américas em uma única leva migratória. Eles teriam partido do leste da Ásia em algum mo-



mento nos últimos 23 mil anos e alcançado o Novo Mundo depois de ter permanecido quase 8 mil anos na Beringia, uma vasta extensão de terras (hoje submersa) que conectava a Sibéria, na Ásia, ao Alasca, na América do Norte.

Willerslev e seus colaboradores – entre eles a arqueóloga Niède Guidon, da Fundação Museu do Homem Americano (Fumdhm), no Piauí – chegaram a essa conclusão depois de sequenciar o genoma de 31 indivíduos de 11 populações atuais nativas das Américas, da Sibéria e da Oceania e de comparar esses dados com os do genoma de 23 indivíduos de povos extintos das Américas do Norte e do Sul e com variações genéticas de outras 28 populações.

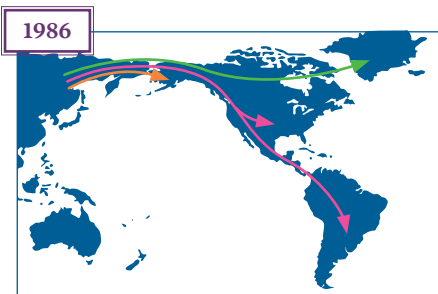
Estudos discutem as afinidades genéticas entre grupos indígenas da Oceania e da Ásia (página ao lado) e das Américas (acima)

Os resultados sugerem que, uma vez no Novo Mundo, essa população ancestral teria se separado em duas, por volta de 13 mil anos atrás. Uma delas teria permanecido no norte do continente e originado o povo Atabascano, do Alasca, e os grupos indígenas Chipewyan, Cree e Ojibwa, do Canadá. A outra teria se espalhado pelo sul da América do Norte e pelo restante do continente, gerando a maior parte das demais etnias.

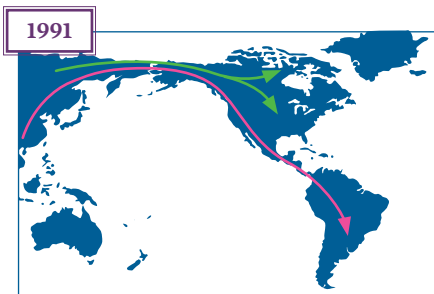
Mesmo com mais dados à disposição, Willerslev não propõe algo totalmente novo. Nos últimos 15 anos, outros grupos, brasileiros inclusive, já haviam sugerido que os primeiros humanos a chegar às Américas poderiam ter vindo do leste

Uma ocupação cheia de idas e vindas

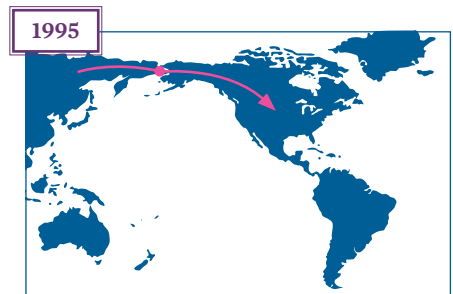
Modelos baseados em dados culturais e biológicos tentam explicar o povoamento das Américas



1986
MODELO TRIPARTITE — Evidências linguísticas e morfológicas e dados genéticos levam Joseph Greenberg e colaboradores a propor que três ondas migratórias vindas do leste da Ásia chegaram às Américas



1991
DUAS ONDAS — A partir da análise de crânios, Walter Neves e Héctor Pucciarelli afirmam que duas levas de morfologia distinta entraram no continente: uma vinda do sudeste e outra do leste asiático



1995
ONDA ÚNICA — A partir de 1995, vários grupos usam dados genéticos para reconstituir o parentesco entre populações e defendem a vinda de uma só população, que teria passado algum tempo na Beringia

da Ásia em um único deslocamento, até mesmo com uma parada na Beringia (ver Pesquisa FAPESP nº 77 e nº 149). Tanto a proposta apresentada na *Science* como suas versões anteriores confrontam ideias mais antigas, segundo as quais duas, três ou até mais levas teriam sido necessárias para originar a diversidade genética e de feições de crânio encontrada nas Américas (ver *infográfico acima*).

Como a maior parte dos trabalhos que falam de uma só entrada no continente americano, o modelo de Willerslev funciona bem para explicar como surgiram os povos nativos das Américas geneticamente mais próximos dos asiáticos atuais, com os quais compartilham algumas características anatômicas, como a face mais plana e o crânio arredondado. Mas falha em outros pontos. A ideia de uma só viagem torna difícil justificar, por exemplo, a semelhança genética encontrada entre os índios Suruí, da Amazônia brasileira, os Atabascanos e os nativos das ilhas Aleutas, no Alasca, e os povos nativos da Oceania, no Pacífico Sul.

DIFERENTE, MAS QUANTO?

Para Willerslev e seus colegas, esses dados podem indicar que houve um intercâmbio genético posterior ao povoamento inicial. Uma leva mais modesta de indivíduos aparentados dos aborígenes da Austrália e da Melanésia teria se miscigenado com populações asiáticas que, mais tarde, teriam entrado nas Américas, possivelmente a partir das ilhas Aleutas.

Enquanto Willerslev e seus colaboradores falam em uma chegada, talvez complementada por uma segunda, o geneticista David Reich, da Universidade Harvard, nos Estados Unidos, e seus colegas dizem ter evidências de que foi necessária a entrada de duas populações distintas em momentos diferentes para explicar a diversidade genética dos nativos americanos. Não estariam os dois grupos fazendo a mesma afirmação? Bem, sim e não.

No artigo da *Nature*, Reich e seus colaboradores, quatro deles brasileiros, argumentam que só a vinda de duas levas com características distintas ajudaria a entender por que os Suruí e outros grupos indígenas brasileiros guardam uma afinidade genética com povos do Pacífico Sul. Mas essa não é toda a história.

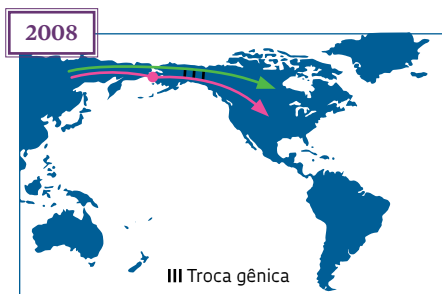
O estudo deste ano é um refinamento de um trabalho anterior. Em 2012, Reich e os pesquisadores Maria Cátira Bortolini e Francisco Salzano, da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Maria Luiza Petzl-Erler, da Universidade Federal do Paraná, e Tábita Hünemeier, da Universidade de São Paulo (USP), além de outros colaboradores, compararam cerca de 365 mil trechos do genoma de 493 indivíduos de 52 populações nativas das Américas com os de 245 integrantes de 17 povos da Sibéria e os de 1.613 pessoas de 52 populações do restante do mundo. Na época, em artigo também publicado na *Nature*, concluíram que as Américas haviam sido povoadas por três levas migratórias diferentes: uma primeira e

mais densa, com indivíduos de características genéticas e traços asiáticos, que teria chegado às Américas, via Beringia, há pelo menos 15 mil anos e originado a maior parte das populações americanas extintas e atuais; uma segunda, que, ao se miscigenar com a inicial, contribuiu para gerar os esquimós, na Groenlândia, e os habitantes das ilhas Aleutas, no Alasca; e uma terceira, que, ao chegar, misturou-se com os primeiros habitantes do continente e levou ao surgimento dos grupos indígenas canadenses.

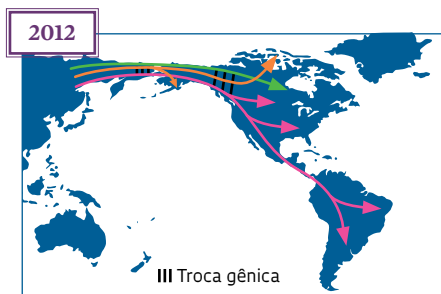
Agora, ao analisar mais trechos (cerca de 600 mil) do genoma de mais populações nativas (25) das Américas Central e do Sul e comparar com os dados de 197 populações de outras partes do mundo, eles encontraram algo semelhante ao que Willerslev observou e propuseram mais uma migração – a quarta, que teria alcançado a América do Sul há mais de 6 mil anos – para justificar a diversidade étnica do continente.

Além dos Suruí, que vivem na floresta amazônica em Rondônia, essa migração mais recente teria originado também o povo Karitiana, de Rondônia, e os índios Xavante, do Cerrado do Mato Grosso. Esses três grupos compartilham de 1% a 2% do seu genoma com os povos da Oceania. “Essa proporção parece ser pequena, mas é importante”, afirma Tábita. “Temos de imaginar que ela era muito mais elevada na população ancestral que chegou às Américas e depois se diluiu ao longo de centenas de gerações”, explica.

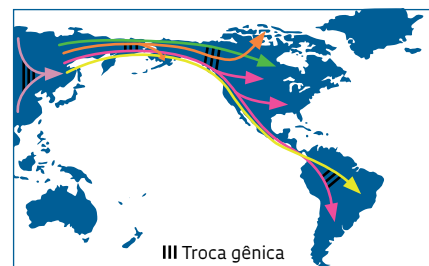
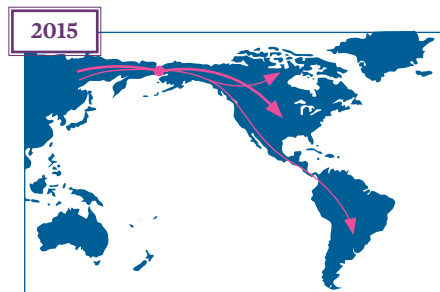
FONTES: TÁBITA HÜNEMEIER / USP; DE AZEVEDO, S. ET AL. AJPA. 2011; SKOGLUND, P. ET AL. NATURE. 2015; RAGHAVAN, M. ET AL. SCIENCE. 2015



FLUXO GÊNICO RECORRENTE — Para Rolando González, uma leva com indivíduos com alta diversidade genética e de morfologia de crânio, seguida de outra menor, explica a diversidade dos povos americanos



TRÊS ONDAS — David Reich e colegas sugerem o povoamento em três levas: a primeira gerou maior parte dos povos americanos; a segunda, os grupos do Ártico; e a terceira, os indígenas canadenses



RELEITURAS — Com mais dados genéticos, Eske Willerslev e equipe propõem a vinda de uma onda principal e talvez uma segunda (*no alto*); o grupo de Reich acrescenta uma leva de mestiços (*acima*)

Estudo na Nature mostra que três grupos indígenas do Brasil compartilham de 1% a 2% do seu genoma com povos da Oceania

FILHOS DE YPYKUÉRA

Essa leva migratória mais recente – a quarta segundo o artigo de 2012 ou segunda no de 2015 – não seria composta por indivíduos com características genéticas exclusivas dos povos do Pacífico Sul. Esses viajantes seriam descendentes de uma população mestiça, resultante do cruzamento de nativos da Oceania com asiáticos. Os pesquisadores deram a esse grupo o nome de população Y, inicial da palavra *Ypykuéra*, que significa ancestral em tupi. Para Reich e seus colaboradores brasileiros, os Suruí, os Karitiana e os Xavante atuais seriam descendentes da tal população Y, que ainda não se sabe dizer como teria chegado por aqui.

“O fato de que os Suruí, os Karitiana e os Xavante compartilhem características genéticas com povos do Pacífico Sul sugere que houve uma miscigenação em uma área menos restrita do que se pensava”, explica Tábita, coautora dos artigos da *Nature*. Afinal, os dois primeiros vivem em Rondônia, na Floresta Amazônica, a centenas de quilômetros dos Xavante, que são do Cerrado, em Mato Grosso. Além da distância física,

há também uma divergência cultural. Os Karitiana e os Suruí falam tupi; os Xavante, jê. “Essa miscigenação tem de ter acontecido antes de 6 mil anos atrás, quando esses troncos linguísticos se separaram”, diz Tábita.

A possível existência de uma população Y não surpreendeu alguns antropólogos físicos que estudam a ocupação das Américas. “Indiretamente esses resultados publicados na *Nature* são favoráveis à ideia que defendo, há 25 anos, da vinda de duas migrações para as Américas”, afirma o bioantropólogo Walter Neves, da USP. Com base na análise da morfologia de crânios de populações atuais e extintas de diferentes regiões das Américas – entre elas a do povo que viveu entre 12 mil e 7 mil anos atrás na região de Lagoa Santa, em Minas Gerais –, Neves e o arqueólogo argentino Héctor Pucciarelli propuseram que as Américas foram colonizadas por duas levas migratórias: a primeira, há 14 mil anos, integrada por indivíduos com morfologia semelhante à dos nativos da África e da Austrália, seguida por outra com traços asiáticos, que teria substituído o grupo inicial.

Para Rolando González-José, antropólogo físico e diretor do Centro Nacional Patagônico, em Puerto Madryn, Argentina, as evidências apresentadas nos artigos da *Science* e da *Nature* são de certo modo semelhantes. “O parentesco com os australo-melanésios que eles encontraram já era esperado havia anos, pois indica que as populações das Américas compartilharam ancestrais comuns”, afirma. “Os dados são interessantes, mas, nesses artigos, são pouco discutidos e não levam em conta todos os cenários possíveis.” Em 2008, González e colegas brasileiros apresentaram a hipótese de que as Américas teriam sido colonizadas por uma população inicial de indivíduos com alta diversidade genética e de morfologia de crânio, seguida de outra menor, que deu origem aos esquimós. Segundo essa versão, contestada há cerca de três anos por Walter Neves, durante os milhares de anos que existiu a Beringia teria havido contato entre populações da Ásia e das Américas. ■ Ricardo Zorzetto

Artigos científicos

SKOGLUND, P. et al. Genetic evidence for two founding populations of the Americas. *Nature*. 21 jul. 2015
 RAGHAVAN, M. et al. Genomic evidence for the Pleistocene and recent population history of Native Americans. *Science*. 21 jul. 2015.