



Uma grande diversidade indígena

Estudo com genomas completos de todo o continente conta história mais detalhada do povoamento da América do Sul

MARIA GUIMARÃES

Os povos indígenas que habitam a América do Sul descendem de três ondas migratórias. A novidade é que uma delas, mais representada na população atual, veio da Mesoamérica por volta de 1.300 anos atrás, de acordo com estudo feito apenas por pesquisadores do continente. Isso revela uma maior complexidade na história dos povos nativos, com maior diversidade genética do que se antecipava. A pesquisa estampa a capa de uma edição de maio da revista científica *Nature*. “Chegamos a essas conclusões por meio de um trabalho muito intenso do ponto de vista de colaborações”, conta a geneticista Tábita Hünnemeier, do Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo (IB-USP). Ela coordenou o estudo, no qual vem trabalhando há mais de uma década, e se surpreendeu com a diversidade genética mais alta do que esperava.

Foram 128 genomas sequenciados por inteiro, representando 45 povos de oito países latino-americanos – Argentina, Bolívia, Brasil, Colômbia, Equador, México, Paraguai e Peru –, e comparados a outras 71 sequências disponíveis em bancos de dados. A ideia foi estimar as afinidades genéticas entre todos os grupos indígenas americanos, levando em conta genomas antigos. A pesquisadora celebra a presença, entre os autores, da biomédica Putira Sacuena, da Universidade Federal do Pará (UFPA). “Ela foi a primeira mulher indígena a trabalhar com antropologia genética”, afirma. A colaboração indígena em estudos que dizem respeito aos povos nativos é considerada pelos pesquisadores uma novidade bem-vinda na busca por compreender essa história.

Esse trabalho acrescenta informações importantes sobre o que se sabe da colonização humana da América do Sul. A primeira onda migratória deixou registros com idades de até 12 mil anos na Lapa do Santo (ver Pesquisa FAPESP nº 247) e na gruta do Sumidouro, na região mineira de Lagoa Santa, e no Chile. Por volta de 9 mil anos atrás, mais uma migração deixou marcas distintas no registro genético e arqueológico, no Peru e na Argentina. Mas o Holoceno Médio, período entre 8 mil e 4,2 mil anos atrás, trouxe mudanças ambientais que prejudicaram ecossistemas e a disponibilidade de recursos, afetando também as populações humanas.

Os povos indígenas que hoje habitam o continente, em parte por isso, descendem também de indivíduos que chegaram cerca de 1.300 anos atrás a partir de onde agora é o México. Essa terceira onda, que não estava documentada até agora, é a grande novidade. As análises do DNA indicam também que após a chegada dos europeus no século XVI, os grupos indígenas se tornaram menos populosos e mais isolados uns dos outros. No tronco Tupi, o estudo detectou sinais de endocruzamento – quando a reprodução se dá entre grupos pequenos, sem possibilidades de migração – nos povos Sirionó, Suruí e Karitiana, indicando um colapso populacional provavelmente resultante de epidemias, escravização, perturbações nas possibilidades de subsistência e no conhecimento tradicional. É possível enxergar uma recuperação recente em algumas regiões da parte ocidental da América do Sul. A diversidade genética é maior na América Central e no Cone Sul.

Um enigma foi encontrar trechos genômicos muito antigos característicos da Australásia (Austrália e ilhas na região), de neandertais (da Europa) e de denisovanos (do leste asiático),

preservados no DNA sul-americano. A hipótese é de que esses genes antigos tenham um papel benéfico ainda desconhecido e foram mantidos por seleção natural. O foco do artigo era a diversidade e os percursos das populações, e não os aspectos funcionais, mas a identificação de regiões associadas à resposta imune, a traços cardiometabólicos, à fertilidade e a traços antropométricos sugere que estudos futuros podem explorar mais a fundo o papel da evolução humana no continente. De acordo com Hünemeier, os marcadores genéticos usados em pesquisas anteriores tinham sido desenhados a partir de populações europeias e africanas, e não eram adequados para entender a América. “Agora temos parâmetros.”

O importante – e que contraria algumas visões sobre os grupos nativos – foi documentar a permanência prolongada de grupos humanos em muitas áreas, com uma diversidade genética pronunciada. Isso indica a necessidade de uma representação mais completa desses povos em bancos genômicos globais. “O mundo inteiro dispunha de dados genômicos para contar a história de sua população, só o Brasil não tinha”, avalia o arqueólogo André Strauss, do Museu de Arqueologia e Etnologia (MAE) da USP, que não participou do estudo. Ele remete a um artigo publicado por ele em 2018 na revista *Cell*, sobre a história antiga da população sul-americana (ver Pesquisa FAPESP nº 273), que deixou um mistério no ar: se os povos de Lagoa Santa não eram os ancestrais diretos dos indígenas atuais, quem são esses ancestrais? “O artigo de agora confirma as duas levas migratórias anteriores e caracteriza a terceira.”

Strauss tem o objetivo de encontrar essa onda no registro arqueogenético. “Boa parte dos esqueletos que temos são mais antigos, há muito poucos dos grupos ceramistas”, explica ele. Um motivo é que as cavernas e os sambaquis são ambientes mais propícios à preservação dos esqueletos, enquanto em locais como a Amazônia eles se decompõem. Do que é possível contar a partir dos dados moleculares, há mais a caminho. “Já temos outras mil amostras sequenciadas”, afirma Hünemeier. “Entendemos que, para enxergar a diversidade da América e sua complexidade, o melhor é ter poucos indivíduos de muitas populações.” ●



Artigo foi capa de revista científica

Os projetos e o artigo científico consultados para esta reportagem estão listados na versão on-line.