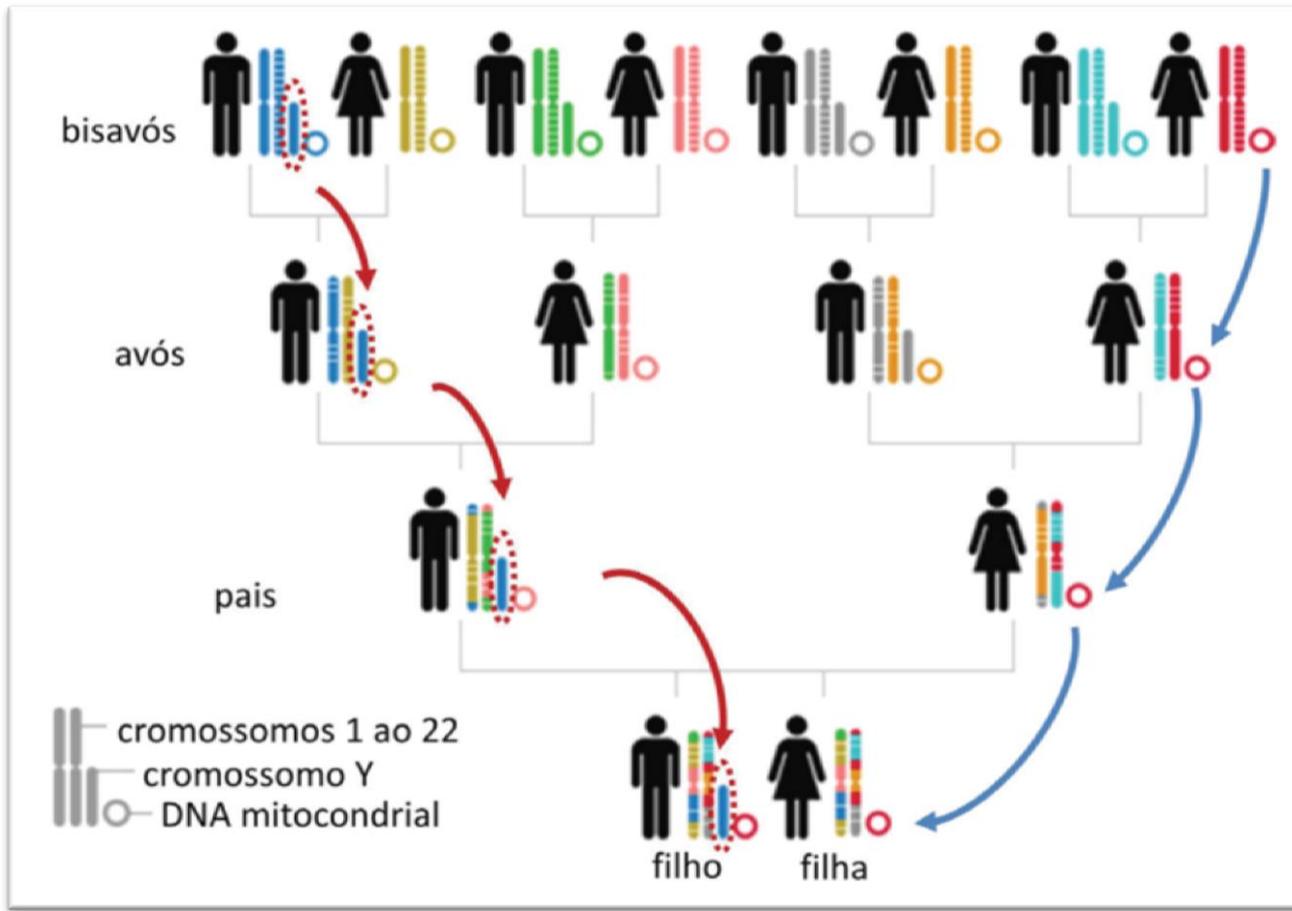

MEA 0003

Arqueologia Brasileira

**Aula 4 – A evidência genética e o Modelo dos Dois
Componentes Principais**

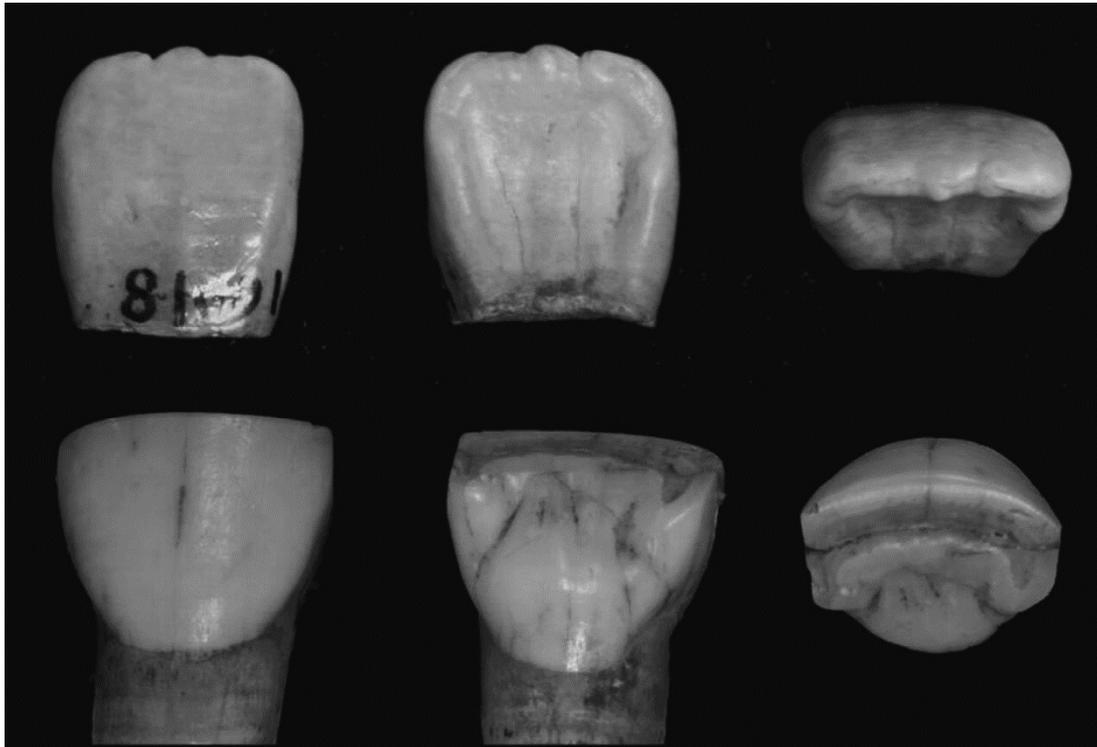
Ferramenta

Dados Genéticos – Marcadores de ancestralidade por excelência



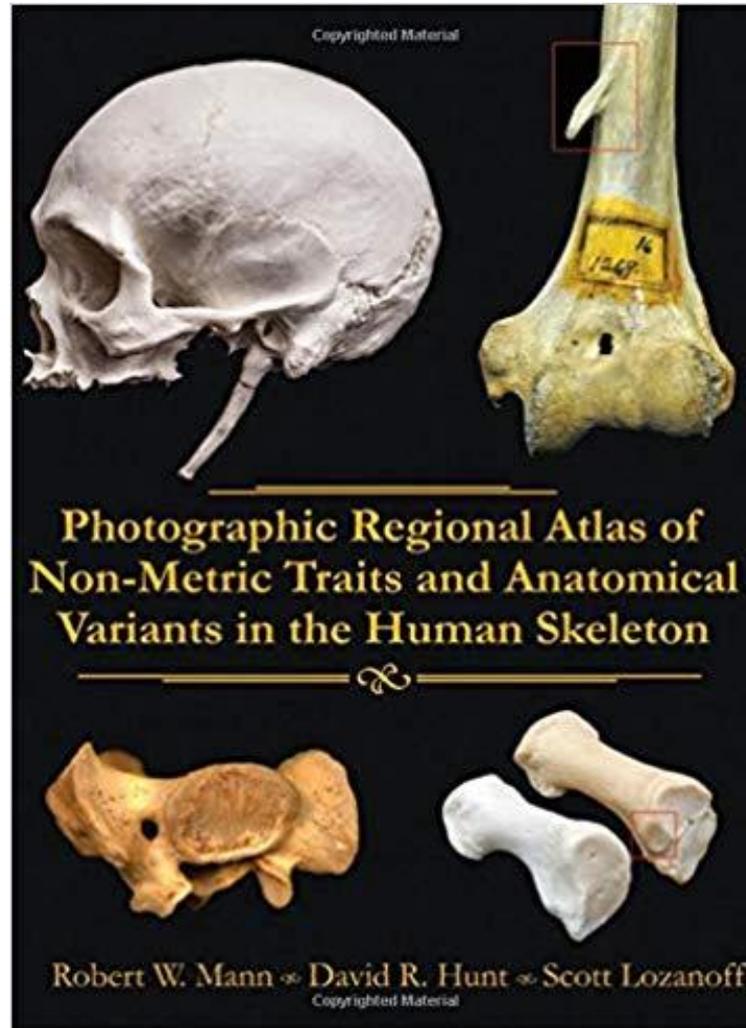
Ferramenta

Análises morfológicas – ‘substituto’ na ausência de DNA



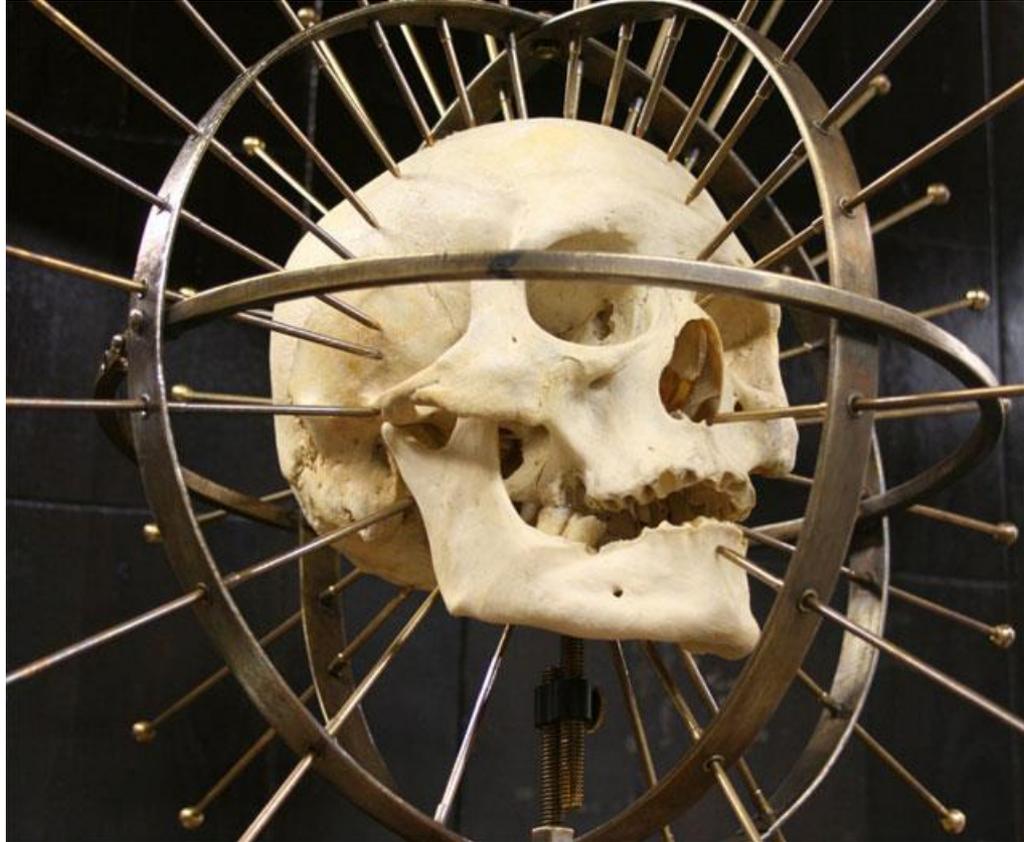
Ferramenta

Análises morfológicas – ‘substituto’ na ausência de DNA



Ferramenta

Análises morfológicas – ‘substituto’ na ausência de DNA



Um breve histórico da Antropologia Física

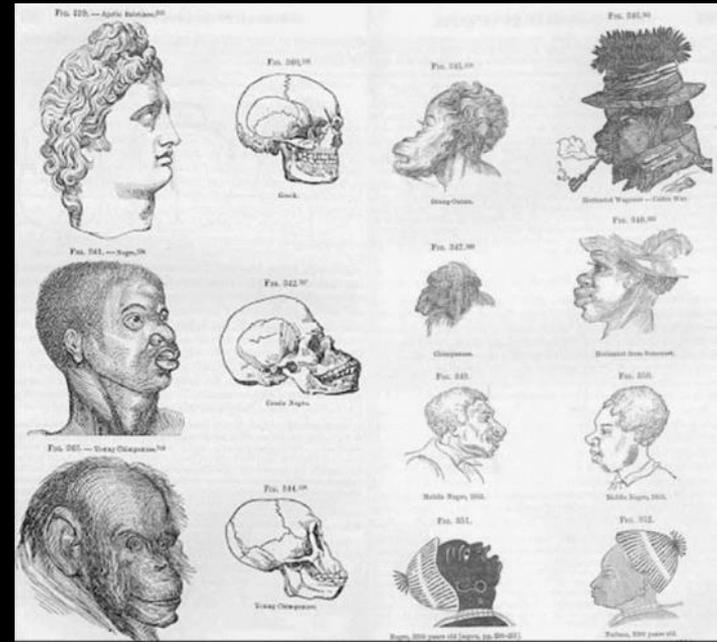
- Johann Blumenbach (1752–1840)
 - Estende conceito Linneaus para humanos
 - Monogenista (degeneração das raças)

Caucasian, the white race; Mongolian, the yellow race; Malayan, the brown race; Ethiopian, the black race; and American, the red race.



Um breve histórico da Antropologia Física

- Paul Broca (1824–1880)
- Rudolf Virchow (1821–1902)
- Samuel Morton (1799–1851)



Um breve histórico da Antropologia Física

- Ales Hrdlicka (1869–1943)
 - Ênfase na descrição da variabilidade humana
 - Homótipo Americano
 - American Journal of Physical Anthropology
 - Discute os achados de Lund
 - Relação com a arqueologia

Um breve histórico da Antropologia Física

- Earnest Hooton (1887–1954)
 - Harvard
 - Ênfase em processos
 - Relação com arqueologia
 - Sherwood Woodburn (1911–2000)
 - “New Physical Anthropology”

Um breve histórico da Antropologia Física

- Jane Buikstra (1945–????)
- Em 1977 emprega o termo bioarqueologia para o campo que “estuda os remanescentes esqueléticos humanos arqueológicos”.

The PaleoAmerican hypothesis

Were first Americans ancestral to recent Amerindians?

or

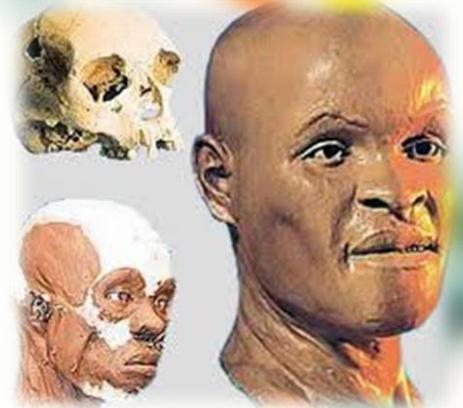
Two migrations hypothesis

or

Two Main Biological Component hypothesis

or

PaleoAmerican hypothesis

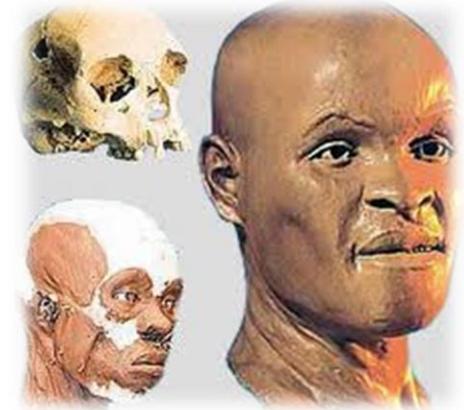
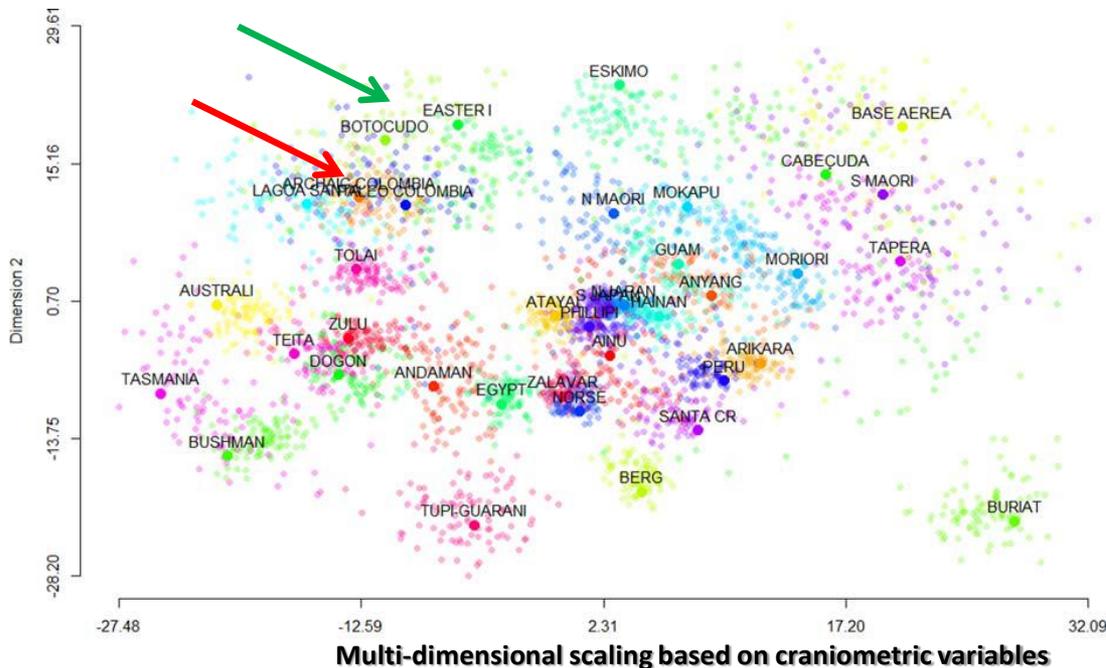


The PaleoAmerican hypothesis

The “cranial argument” for the settlement of the New World

1. The “Two Main Biological Component Model” (Paleoamericans vs Amerindians)

- Early Americans crania had a different cranial morphology.
- High morphological variation in the last continent to be settled.
- The recent **Pericues, Fuegians, Botocudos** are late survival of the first population.



Facial reconstruction by Richard Neave of Luzia

The PaleoAmerican hypothesis

2. Early Holocene crania were morphologically different

- Denies there is a “PaleoAmerican morphology” (e.g. *Raghavan et al., 2015*)

3. The “Subsistence and nutritional hypothesis”

- South America has drastically distinct landscapes and environments.
- During the Holocene drastically distinct subsistence strategies/diets were adopted.
- When quantitative genetics test Lande models the pattern of variation is not compatible with drift.

(e.g. *Perez et al., 2009, 2011; Menendez et al., 2013*)

4. The “Recurrent gene flow hypothesis”

- Paleoamerican morphology is an extreme of a continuous variation.
- Highly diverse founding population.
- Continuous gene flow between Asia and America.

(e.g. *González-José et al., 2008; Pascheta et al., 2013*)

O estudo da ancestralidade (afinidades morfológicas)

Ácido desoxirribonucleico (DNA)

Propriedades necessárias: 1- mutável, 2- herdável, 3- evolução por deriva.

Marcadores moleculares neutros (microsatélites, STRs [alta variabilidade]).

PROCESSOS MICROEVOLUTIVOS:
MUTAÇÃO, **SELEÇÃO NATURAL**,
DERIVA e **FLUXO GÊNICO**.

DNA -> Nem sempre está disponível.

O estudo da ancestralidade

Fenótipo (morfologia craniana).

Propriedades necessárias: 1- variável?, 2- herdável/canalizado?, 3- evolução por deriva?

GENÉTICA QUANTITATIVA: É o ramo da “Genética de populações” que estuda a variação e a base genética de traços fenotípicos contínuo (ex. altura, peso, cor de pele, morfologia)

O estudo da ancestralidade

Fenótipo (morfologia craniana).

Propriedades necessárias: 2- herdável/canalizado

ARQUITETURA GENÉTICA

- Fenótipo = Genótipo + Ambiente
- Sistema poligênico aditivo sem dominância
- Pleiotropia e epistasia
- Herdabilidade = $V_g / (V_a + V_g)$
- Plasticidade (Canalização)

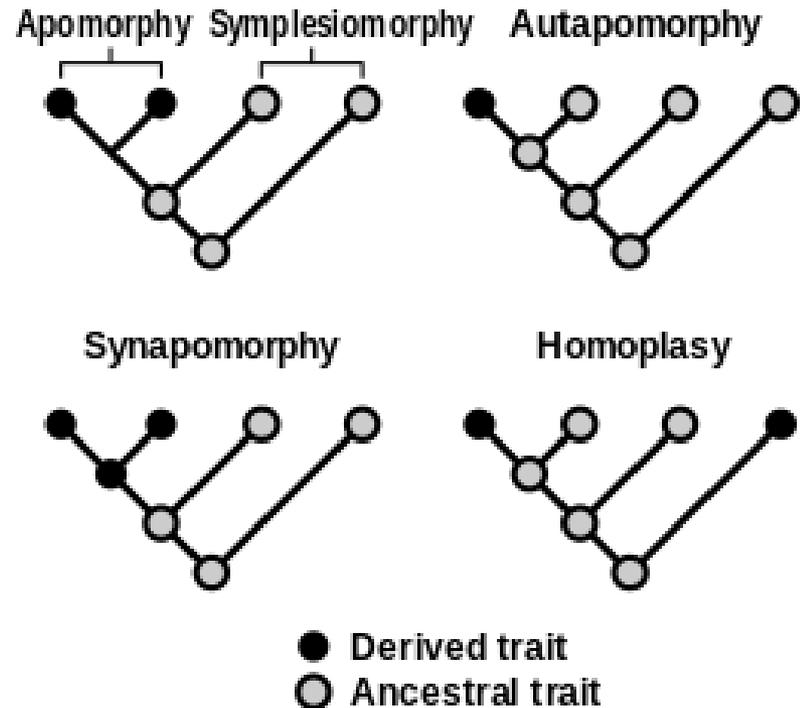
O estudo da ancestralidade

Fenótipo (morfologia craniana).

Propriedades necessárias: 3- evolução por deriva?

TIPOS DE SEMELHANÇA

Homologia versus homoplasia



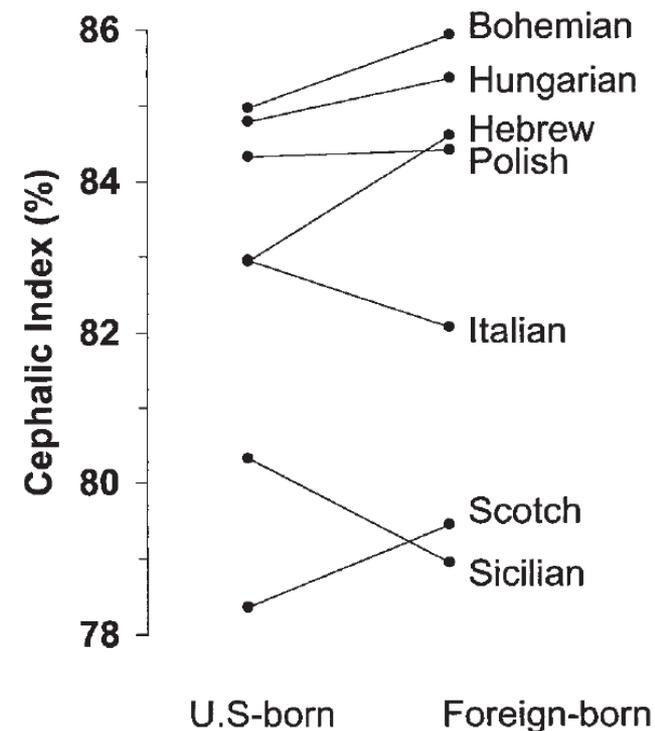
O mito da plasticidade craniana

Franz Boas: fundando o mito

Changes in the Bodily form of descendants of Immigrants (1912)

Os descendentes dos Europeus nascidos nos USA tinham morfologia craniana diferente da geração parental.

- **Morfologia craniana é plástica**
- **Base genética mínima**
- **Inútil como indicador de ancestralidade**
 - I.e. phylogeny studies



Franz Boas: profundamente enraizado.

Changes in the Bodily form of descendants of Immigrants (1912)

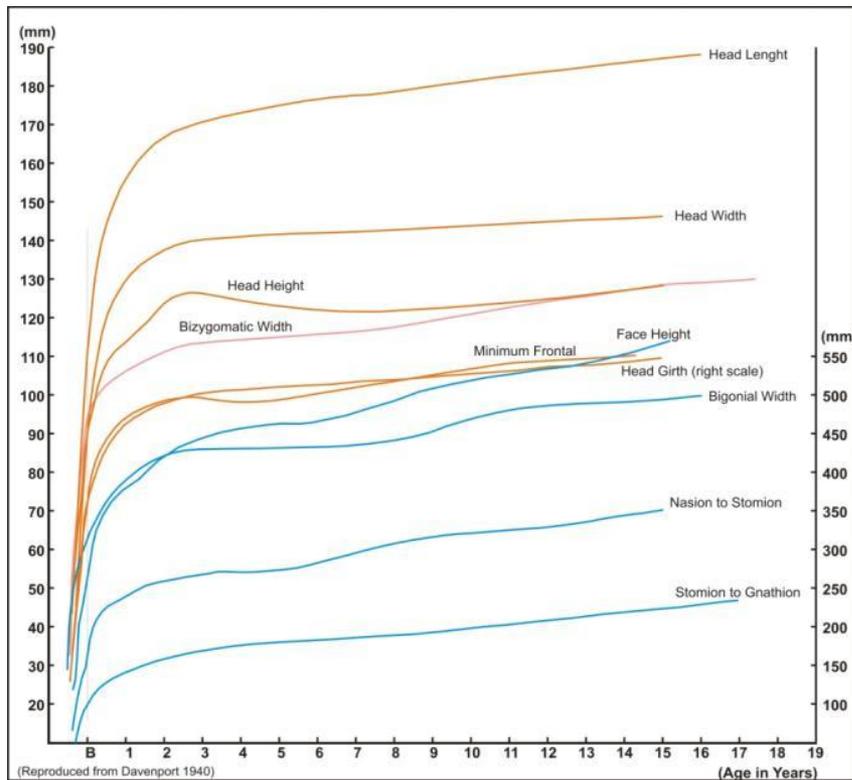
Os descendentes dos Europeus nascidos nos USA tinham morfologia craniana diferente da geração parental.

Bogin (1999:288):

“Boas (1912) showed that migration from southern Europe to New York changed the shape of the skulls from the brachycephalic shape of parents to the doliocephalic shape of their children in one generation. **Given these caveats, there is little support for an adaptative or evolutionary explanation for head shape in any human population”.**

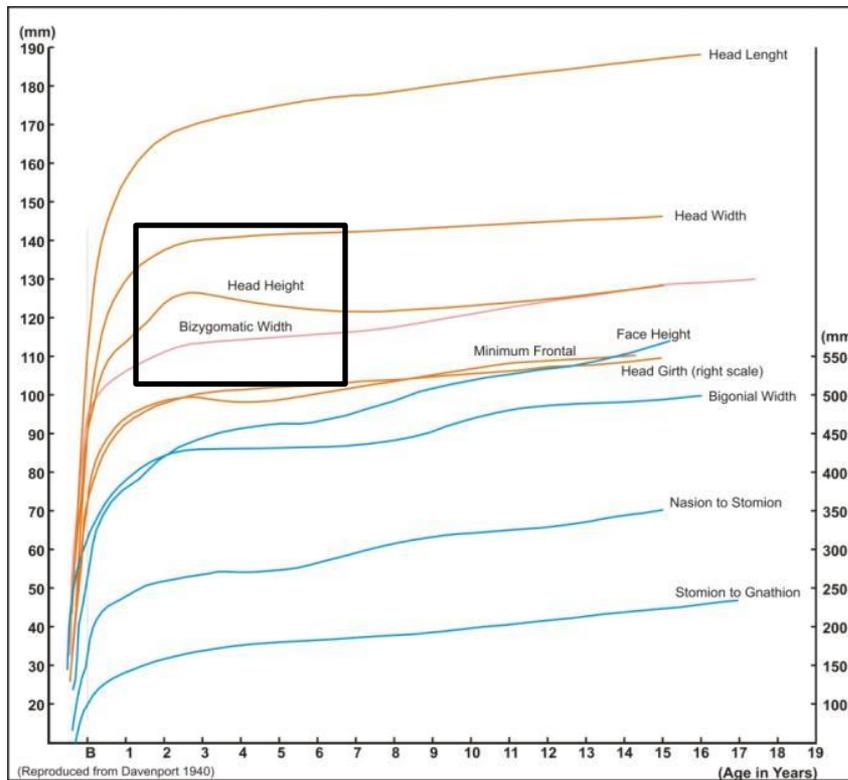
Charles Davenport

Post-natal development of the head (1940:198):



Charles Davenport

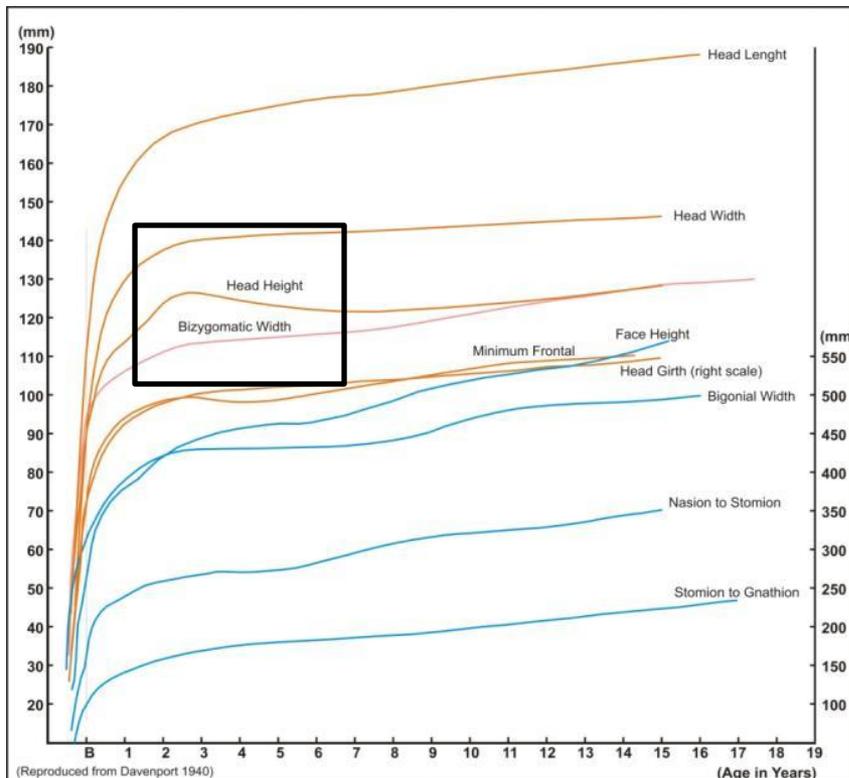
Post-natal development of the head (1940:198):



Charles Davenport

Post-natal development of the head (1940:198):

“The activity of boys jumping, especially off high places, may cause a depression of the skull”



Original author: Unknown

See Barry Bogin for a recent reproduction (Patterns of Human Growth, 1999:288) :

“... other cultural practices, such as normative sleeping positions for infants and children can alter head shape during growth”.



Dolichocephaly



Brachycephaly

Cultural anthropology: still in early 20th century

Michael Frachetti (Migration Concepts in Central Eurasian Archaeology, 2011:205):

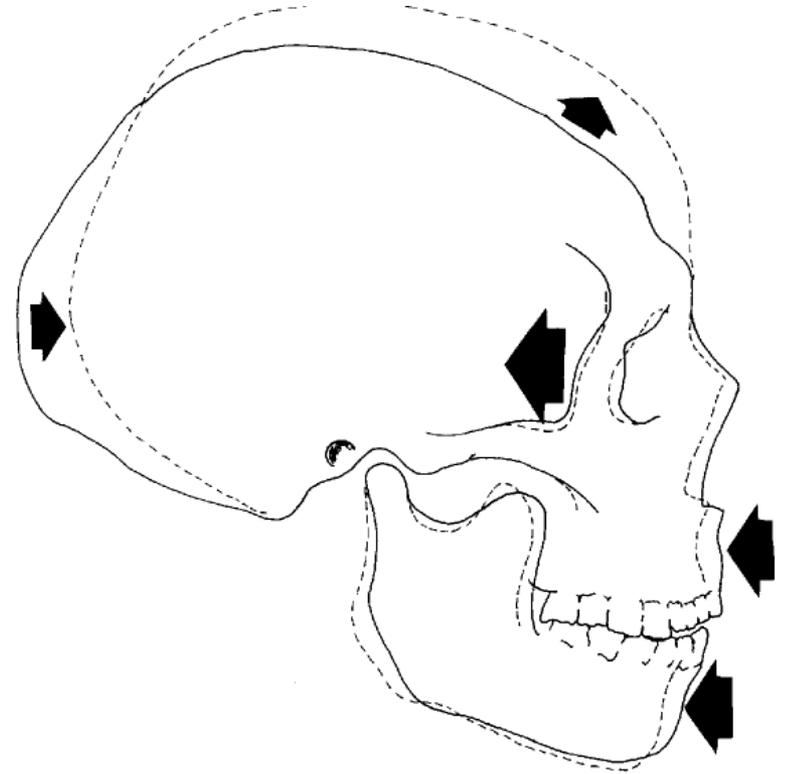
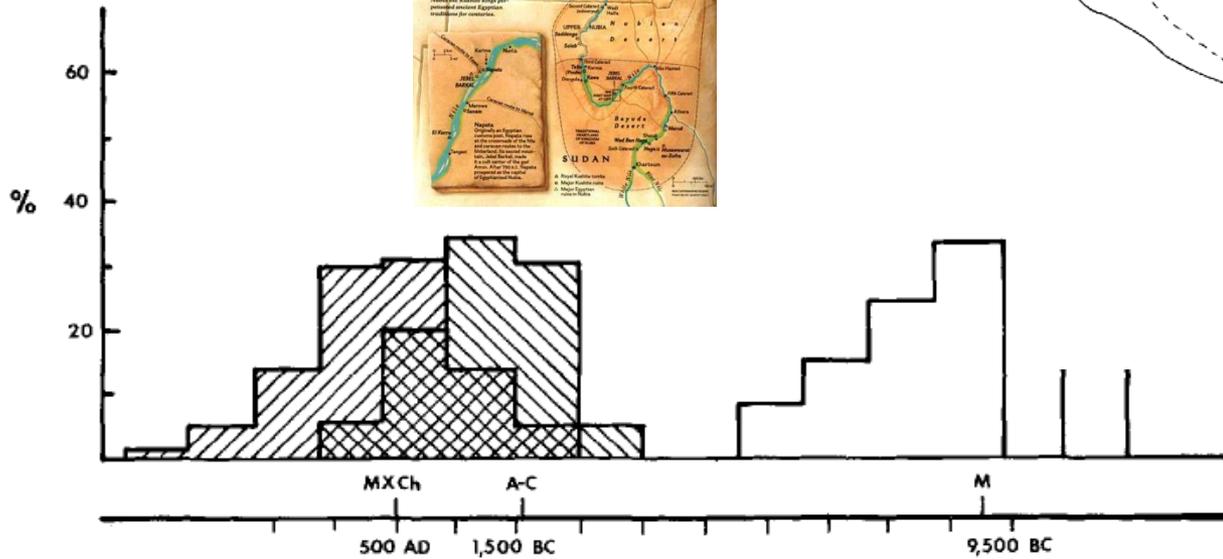
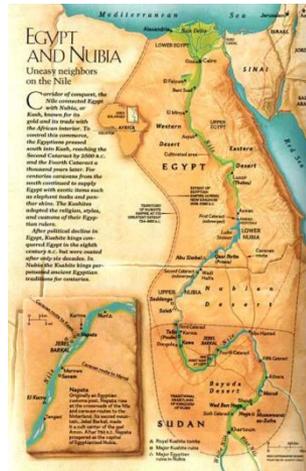
“... Long held as an effective method for distinguishing regional displacements of populations, **craniometric analyses increasingly appear to reinforce circular argumentation** and do not introduce an independent assessment of regional genetic affinity”.



Subsistence strategy: masticatory approach

Carlson and Van Gerven 1977 (see also Carlson 1976, Van Gerven 1976)

Post-Pleistocene Brachycephalization



Subsistence strategy: masticatory approach

See Clark Larsen (1997:227) for a recent reproduction:

“... alterations in mechanical loading produce shifts in masticatory behavior that result in distinctive craniofacial morphological changes”.



If subsistence has a dramatic effect on the evolution of cranial morphology this implies that **any signature of past population history has been effectively erased** and therefore craniometric data cannot be used as a proxy of genetic relationships.

(Beecher and Corrucini, 1981; Hallgrímsson et al., 2007; Corrucini and Handler, 1980; Corrucini and Beecher 1982, 1984; Beecher et al., 1983; Corrucini et al., 1985; Irgervall and Bitsanis, 1987; Larsen, 1985; Lieberman et al., 2004, Lieberman, 2008).

Cranial plasticity re-evaluated



Não existe dúvidas sobre o potencial do crânio humano para a plasticidade.

Mas questão é:

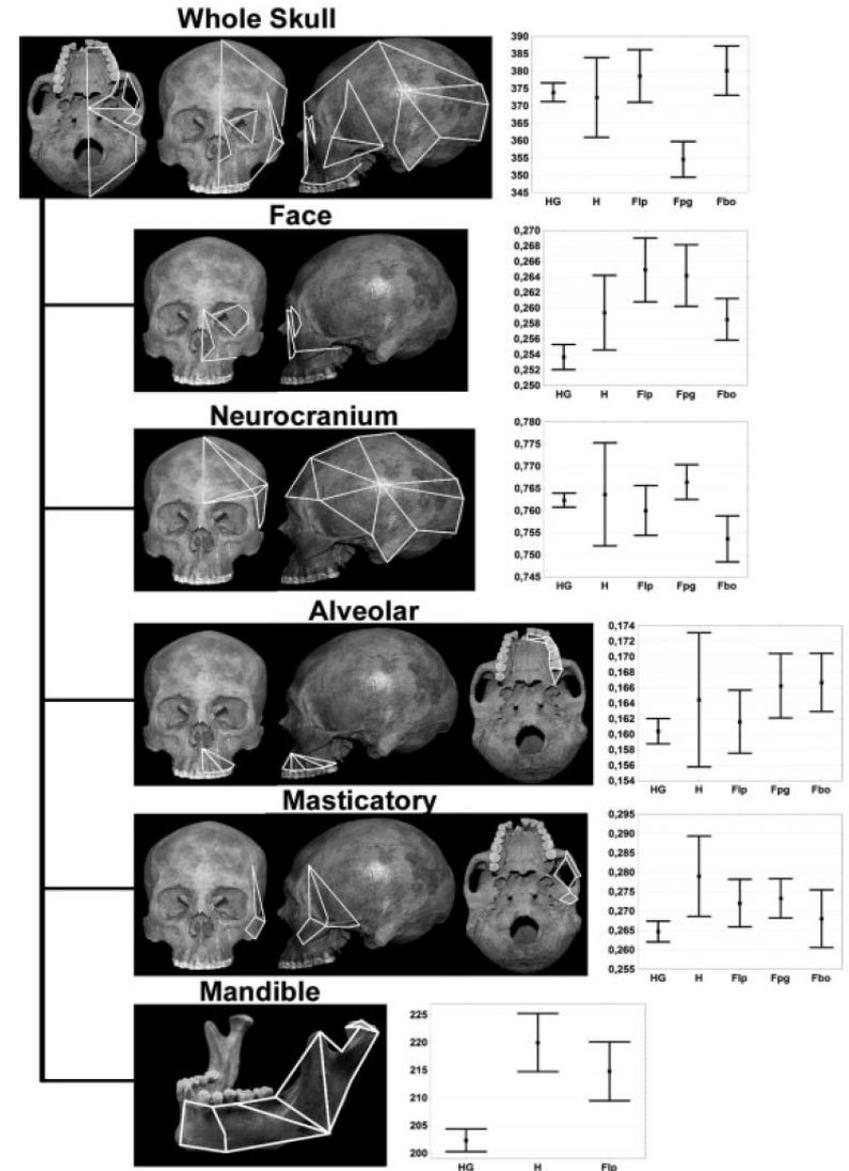
DOES THIS POTENTIAL ACTUALLY PLAYED A ROLE IN CRANIAL EVOLUTION?

Cranial plasticity re-evaluated

The Influence of Masticatory Loading on Craniofacial Morphology: A Test Case Across Technological Transitions in the Ohio Valley

Carolina Paschetta,¹ Soledad de Azevedo,¹ Lucía Castillo,² Neus Martínez-Abadías,³ Miquel Hemández,³ Daniel E. Lieberman,^{4*} and Rolando González-José^{1*}

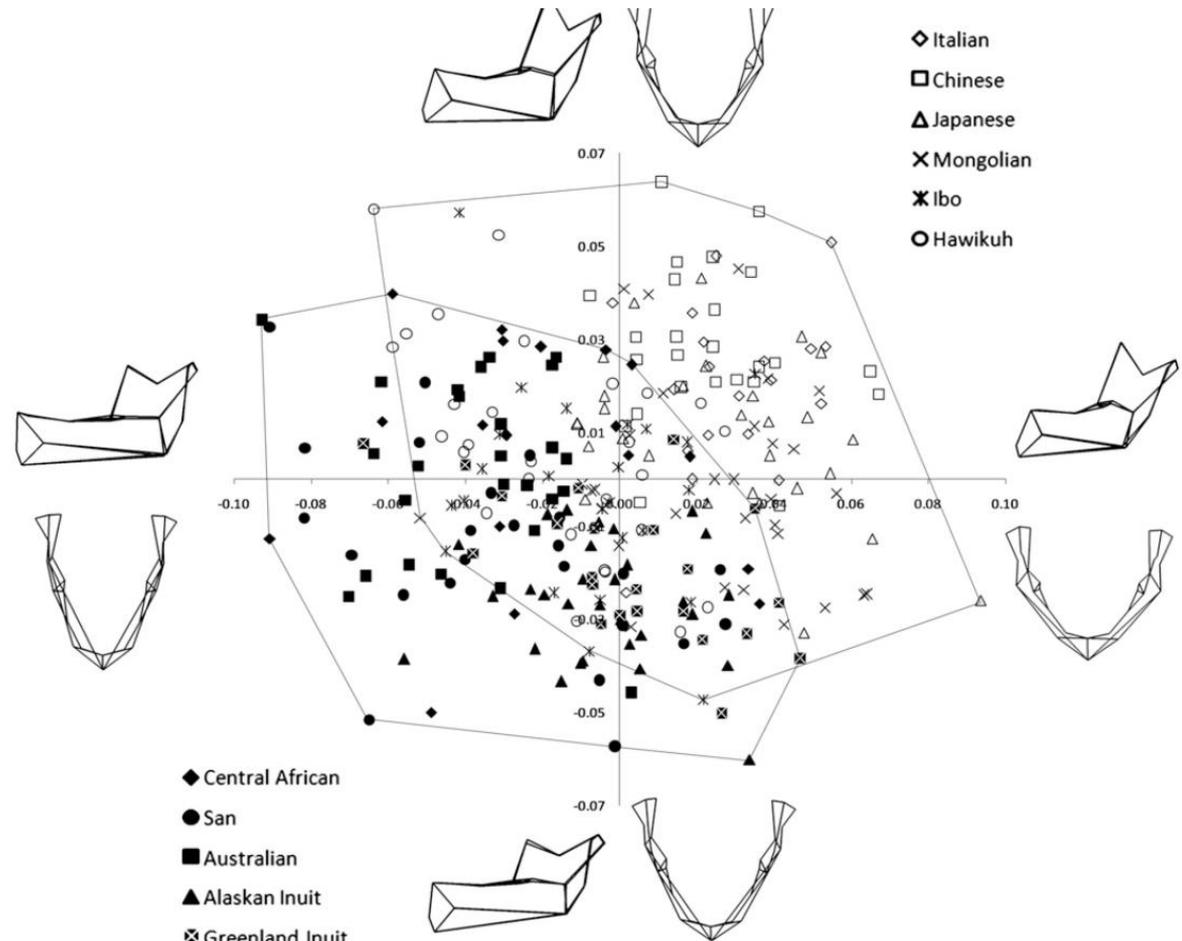
- Relative reduction of the temporal fossa
- and
- A displacement of the attachment of the temporal muscles.



Cranial plasticity re-evaluated

Global human mandibular variation reflects differences in agricultural and hunter-gatherer subsistence strategies

Noreen von Cramon-Taubadel¹



Cranial plasticity re-evaluated

Every study so far failed to show homoiology on cranium is capable of obliterating population history signal.

Hominin homoiology: An assessment of the impact of phenotypic plasticity on phylogenetic analyses of humans and their fossil relatives[☆]

Mark Collard^{a,b,*}, Bernard Wood^{c,d,1}

Revisiting the homoiology hypothesis: the impact of phenotypic plasticity on the reconstruction of human population history from craniometric data

Noreen von Cramon-Taubadel

Department of Anthropology, University of Kent, Marlowe Building, Canterbury, CT2 7NR, UK

Cautionary note: even for mandible this can be the result of either plasticity or natural selection and therefore is not possible to be sure the obliteration is due to homoiologies.

Boas` debate revisited



COREY S. SPARKS
RICHARD L. JANTZ



CLARENCE C. GRAVLEE
H. RUSSELL BERNARD
WILLIAM R. LEONARD

Changing Times, Changing Faces: Franz Boas's Immigrant Study in Modern Perspective

New Answers to Old Questions: Did Boas Get It Right?

Heredity, Environment, and Cranial Form: A Reanalysis of Boas's Immigrant Data

CLARENCE C. GRAVLEE
H. RUSSELL BERNARD
WILLIAM R. LEONARD

Commentary

Head to head with Boas: Did he err on the plasticity of head form?

Ralph L. Holloway*

Department of Anthropology, Columbia University, New York, NY 10027

Boas's *Changes in Bodily Form: The Immigrant Study,* Cranial Plasticity, and Boas's Physical Anthropology

A reassessment of human cranial plasticity: Boas revisited

Corey S. Sparks*[†] and Richard L. Jantz[‡]

*Department of Anthropology, Pennsylvania State University, 409 Carpenter Building, University Park, PA 16802; and [†]Department of Anthropology,
University of Tennessee, 250 South Stadium Hall, Knoxville, TN 37996

AMERICAN JOURNAL OF HUMAN BIOLOGY 16:379–386 (2004)



Exchange across Difference

Wiley-Liss Plenary Symposium

Boas and Beyond: Migration and Craniometric Variation

JOHN H. RELETFORD*

Department of Anthropology, State University of New York College at Oneonta, Oneonta, New York 13820

DID BOAS GET IT RIGHT OR WRONG?

From the Editors

The myth of cranial plasticity

Summary:

1. Cranial developmental plasticity is not an important agent in the evolution of modern human crania.
2. It is hard to imagine a specie that is exposed to a wider range of environments (climate, vegetation, etc... but also culture) than *Homo sapiens*.

Natural selection or genetic drift?

Natural selection or genetic drift?

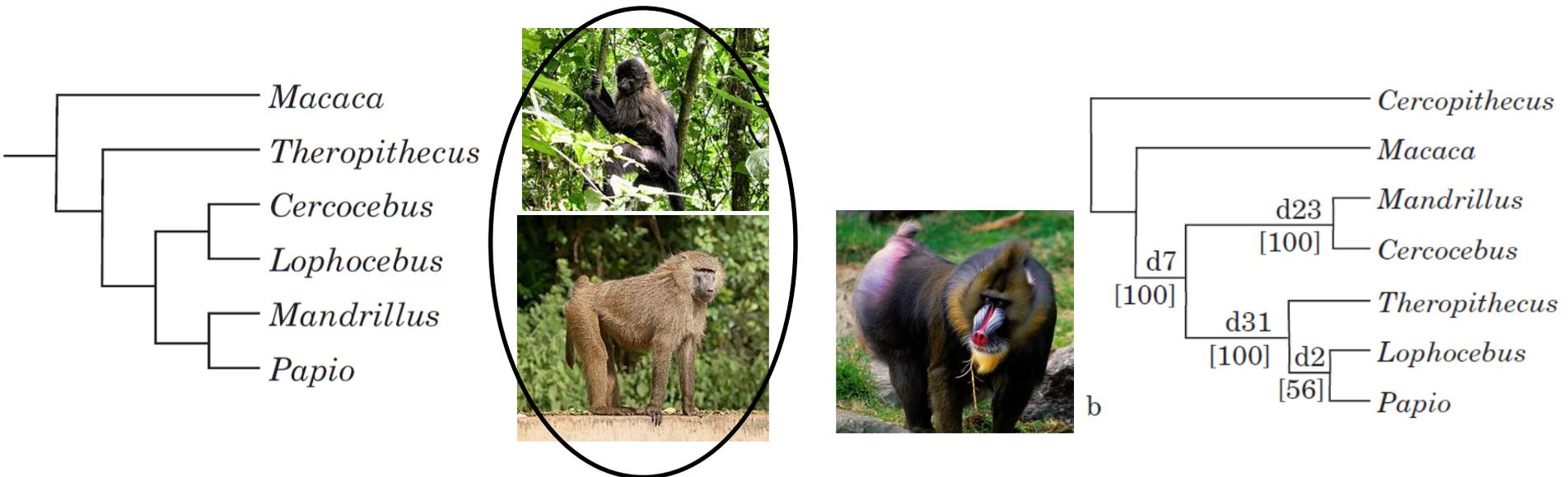
If Natural Selection -> Potential for homoplasia. Useless for phylogenetic studies.

If Drift -> Good proxy for neutral molecular markers. Very good for phylogenetic studies.

Genetic base of cranial morphology

There is absolute no question on the power of natural selection to drive phenotypical evolution.

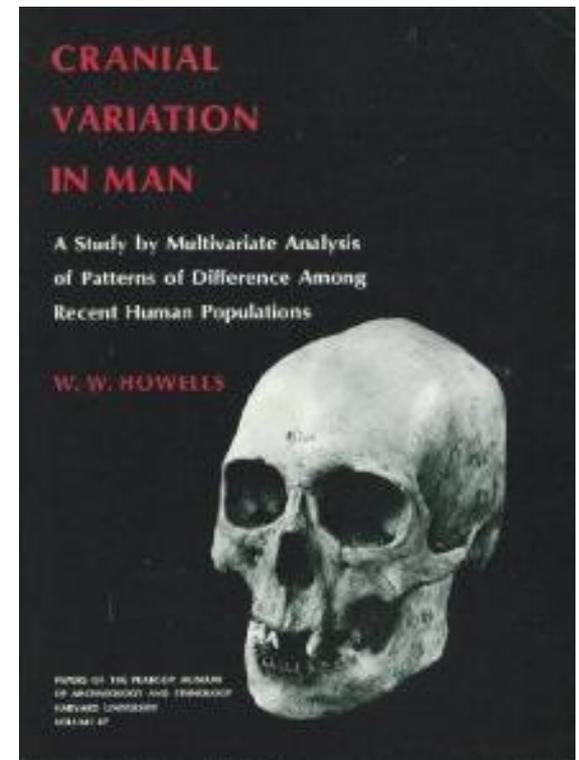
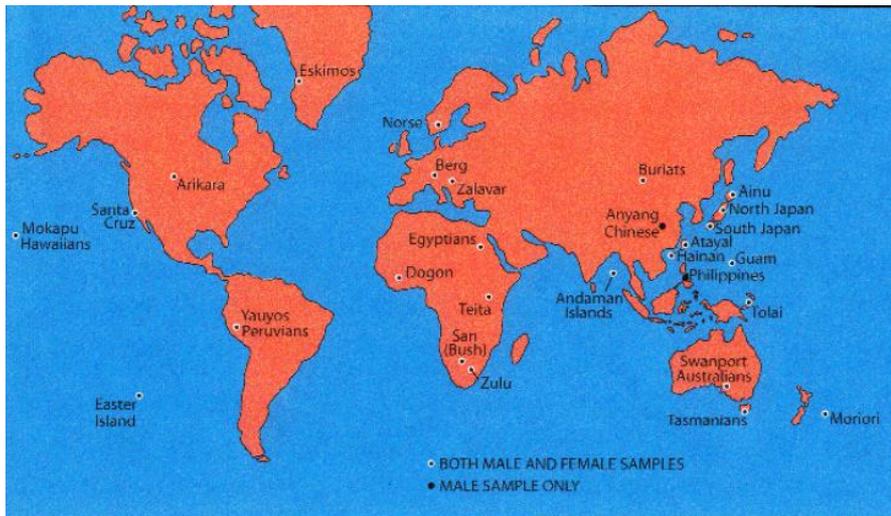
- Incompatibility between morphological and molecular tree for mammals.
- Among primates the case of Baboons and Mangabeys.



W.W. Howells: *Cranial Variation in Man*

In 1970`s Howells start his fundamental work on validating craniometric as a valid tool for inferring biological relationship among modern human populations.

- Geographical logic is indeed very clear



- Howells, W. W. 1973. *Cranial Variation in Man: A Study by Multivariate Analysis of Patterns of Difference Among Recent Human Populations*. Papers of the Peabody Museum of Archaeology and Ethnology, v. 67. Cambridge, MA: Harvard University.
- Howells, W. W. 1989. *Skull Shapes and the Map*. Papers of the Peabody Museum of Archaeology and Ethnology, v. 79 Cambridge, MA: Harvard University.
- Howells, W. W. 1995. *Who's Who in Skulls*. Papers of the Peabody Museum of Archaeology and Ethnology, v. 82. Cambridge, MA: Harvard University Press.

Something is wrong!

IS IT POSSIBLE THAT SUCH A PLASTIC STRUCTURE WOULD PRESENT THIS KIND OF PATTERN?



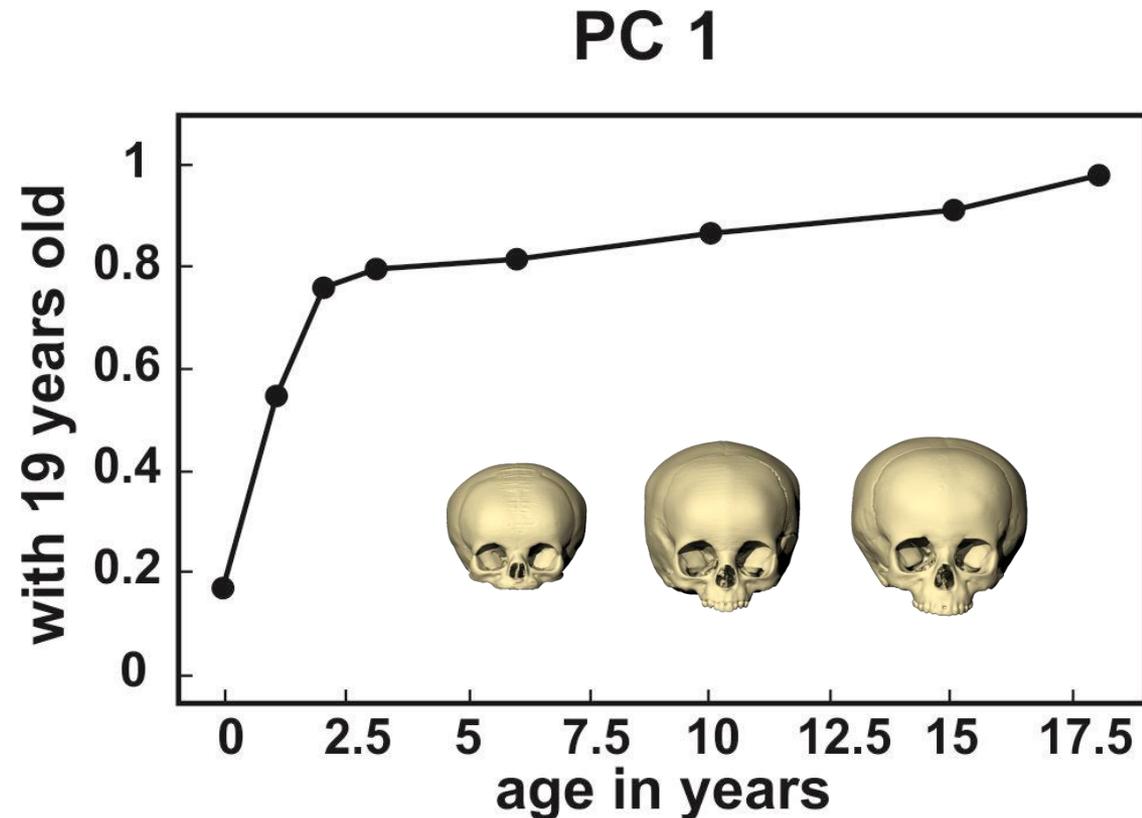
- Howells, W. W. 1973. *Cranial Variation in Man: A Study by Multivariate Analysis of Patterns of Difference Among Recent Human Populations*. Papers of the Peabody Museum of Archaeology and Ethnology, v. 67. Cambridge, MA: Harvard University.
- Howells, W. W. 1989. *Skull Shapes and the Map*. Papers of the Peabody Museum of Archaeology and Ethnology, v. 79 Cambridge, MA: Harvard University.
- Howells, W. W. 1995. *Who's Who in Skulls*. Papers of the Peabody Museum of Archaeology and Ethnology, v. 82. Cambridge, MA: Harvard University Press.

Cranial plasticity re-evaluated

Geographical pattern is also present among very young individuals

(Viarsdottir et al., 2002; Ackermann et al., 2005; Bulygina et al., 2006).

- Therefore, post-natal environment is not the main factor explaining cranial variation among modern humans.



Genetic base of cranial morphology

The close relationship between morphological and neutral genetic variation was first suggested by studies that demonstrated that craniometric traits, like many other phenotypic traits, have moderate heritability ($h^2=0.55$).

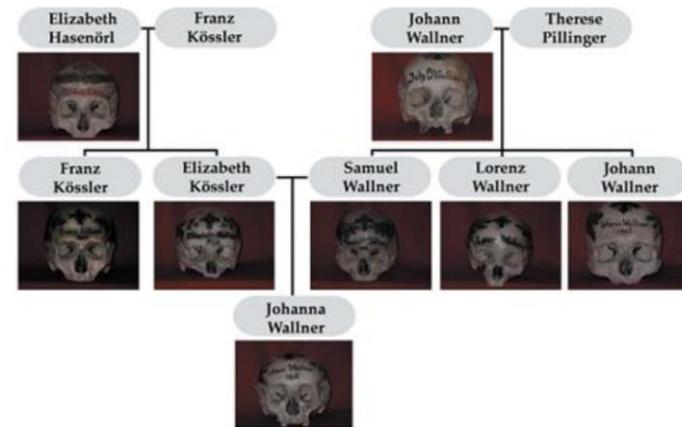


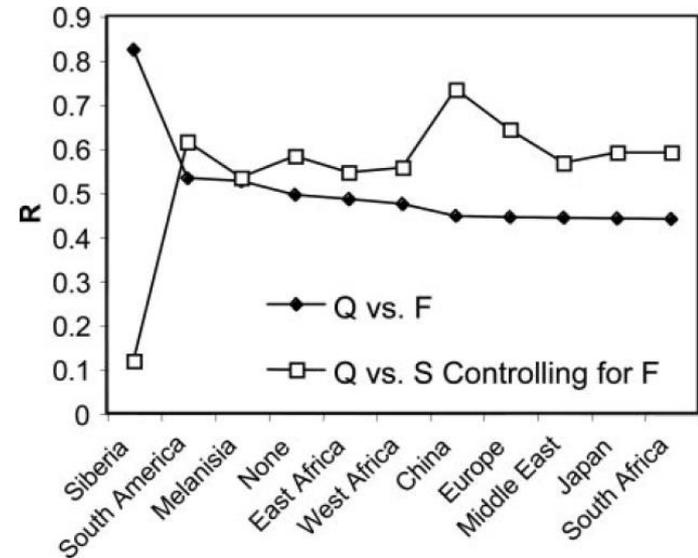
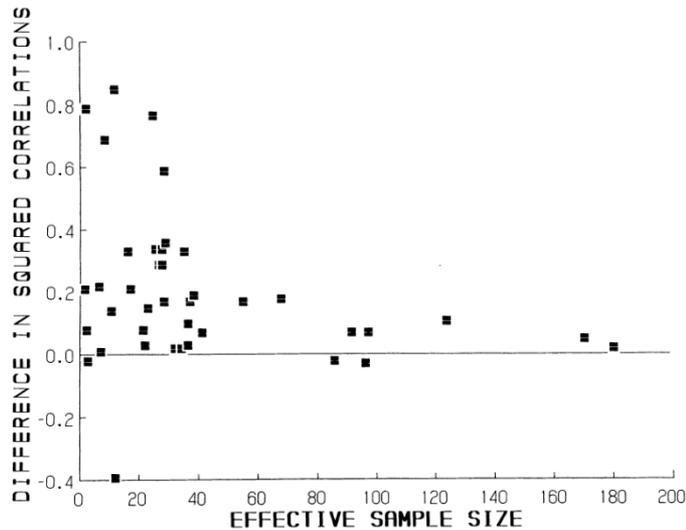
TABLE 4. Comparison of published craniometric narrow-sense heritability estimates (SE when available)

Measurement	Susanne, 1977	Sjøvold, 1984 ¹	Devor et al., 1986b	Devor, 1987	Arya et al., 2002	Sparks and Jantz, 2002	Current study
GOL	0.554		0.435 (0.072)	0.61	0.413 (0.051)	0.631 (0.022)	0.363 (0.116)
XCB	0.614		0.574 (0.069)	0.57	0.447 (0.051)	0.699 (0.018)	0.233 (0.115)
ZYB	0.606		0.399 (0.065)	0.55	0.605 (0.045)	0.629 (0.021)	0.257 (0.178)
NLH	0.391		0.512 (0.060)	0.68	0.417 (0.051)		0.729 (0.153)
NLB	0.639		0.352 (0.072)	0.49	0.498 (0.049)		0.007 (0.122)
IML		0.475					0.154 (0.155)
XML		0.548					0.241 (0.156)
ZMB		0.580					0.597 (0.152)
FMB		0.365					0.000 (0.000)
FRC		0.222					0.144 (0.175)
PAC		0.064					0.307 (0.108)
OCC		0.276					0.332 (0.147)

(Susanne 1977; Sjøvold 1984; Carson 2006; Devor 1987; Königsberg and Ousley 1995; Lynch and Walsh 1998; Martínez-Abadías et al. 2009; Mousseau and Roff 1987; Raposo do Amaral et al. 1989; Sherwood et al. 2008; Sparks and Jantz 2002).

Genetic base of cranial morphology

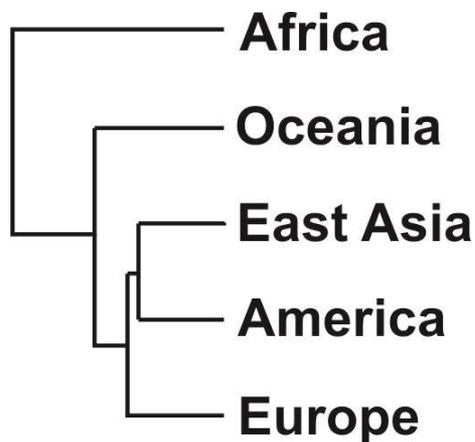
Direct comparison of dissimilarity matrix based on neutral genetic markers and based on phenotype.



(Cheverud, 1988; Roseman, 2004; Perez et al., 2007).

Genetic base of cranial morphology

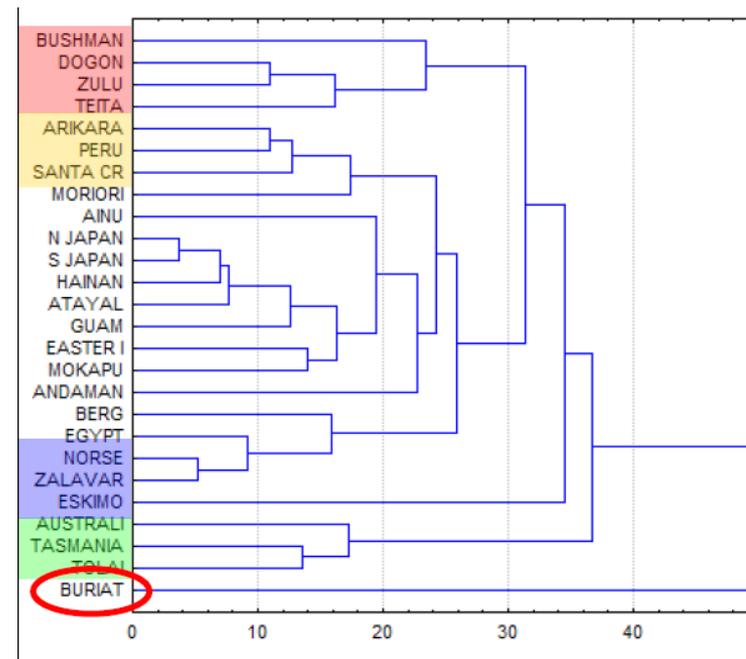
Direct comparison of dissimilarity matrix based on neutral genetic markers and based on phenotype.



Genetic distances based on 120 classical polymorphism

	Africa	Oceania	East Asia	Europe
Oceania	24.7			
East Asia	20.6	10.0		
Europe	16.6	13.5	9.7	
America	22.6	14.6	8.9	9.5

Cavalli-Sforza et al., 1997



Genetic base of cranial morphology

Mainly under a additive poligenic system without dominance

$$V_P = V_G + V_E + V_{GE}$$

and

$$V_G = V_A + V_D + V_I$$

ADDITIVE VARIANCE

A = 4; a = 2

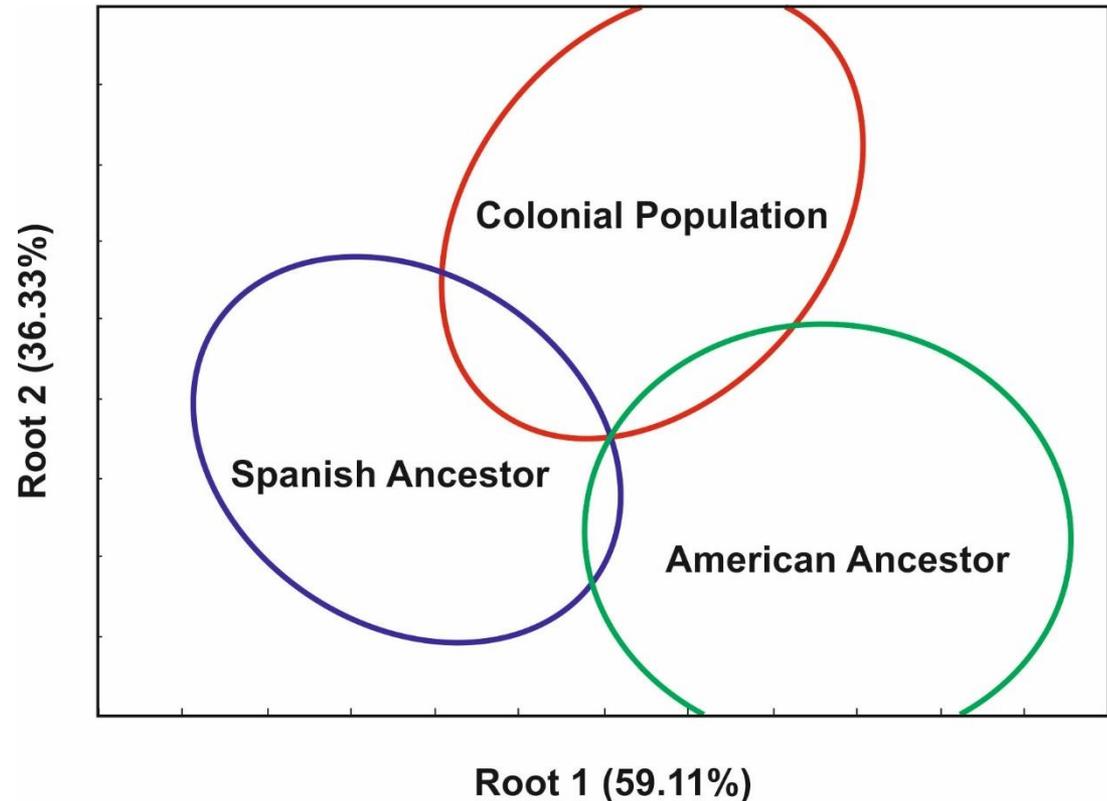
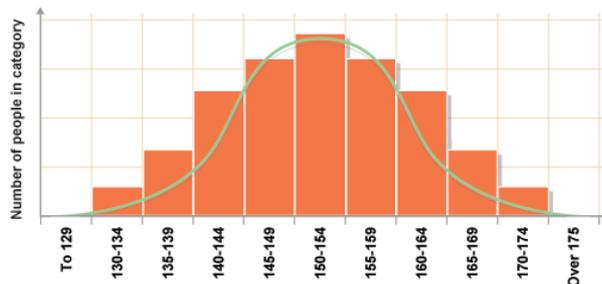
B = 6; b = 3

Then->

AABB = 20 (4+4+6+6)

AaBb = 15 (4+2+6+3)

aabb = 10 (2+2+3+3)



Phenotypic Evolution of Human Craniofacial Morphology After Admixture: A Geometric Morphometrics Approach

Neus Martínez-Abadías,^{1*} Rolando González-José,^{1,2} Antonio González-Martín,³ Silvana Van der Molen,² Arturo Talavera,⁴ Patricia Hernández,⁵ and Miquel Hernández¹

Genetic base of cranial morphology

EVOLUTION OF CRANIAL SHAPE IS DRIVEN BY THE TRADITIONAL MICRO-EVOLUTIONARY FORCES:

- Migration (gene flux)
- Natural Selection
- Drift
- Mutation
- Non-random mating

ADEQUATE TO BE INVESTIGATED USING TOOLS OF QUANTITATIVE GENETICS

(Lande`s, Blangero, Falconer etc...)

Global apportionment of craniometric variability

- **Fst for Neutral Molecular Markers: ~ 0.15** (Lewontin, 1972; Barbujani et al. 1997; Bowcock et al. 1991; Rosenberg et al., 2002)
- **Fst for Craniometric data (Howells` database): ~ 0.15** (Relethford 1994, 2002, But see Roseman and Weaver, 2006)
- **Fst for Skin Color: ~ 0.85**

Data	Reference	Number of regions	Among regions (<i>AR</i>)
Blood polymorphisms	Lewontin (1972)	7	6.3
Blood polymorphisms	Latter (1980) ¹	6	10.4
Blood polymorphisms	Ryman et al. (1983)	3	9.9
Microsatellite DNA	Barbujani et al. (1997)	5	10.0
RFLPs, 16 loci	Barbujani et al. (1997)	5	8.0
RFLPs, 79 loci	Barbujani et al. (1997)	4	11.7
Microsatellite DNA	Jorde et al. (2000)	3	10.4
RFLPs	Jorde et al. (2000)	3	13.2
<i>Alu</i> insertions	Jorde et al. (2000)	3	17.4
mtDNA (HVS1)	Jorde et al. (2000)	3	22.0
mtDNA (HVS2)	Jorde et al. (2000)	3	24.9
Y-chromosome ²	Jorde et al. (2000)	3	7.8
Craniometrics	Present study	3	11.4
Craniometrics	Present study	6	14.6
Skin color	Present study	3	87.2
Skin color	Present study	5	87.9

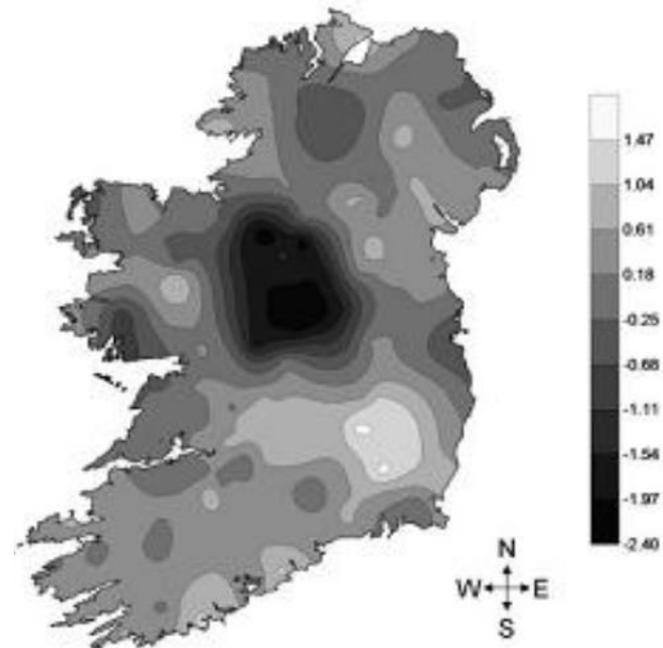
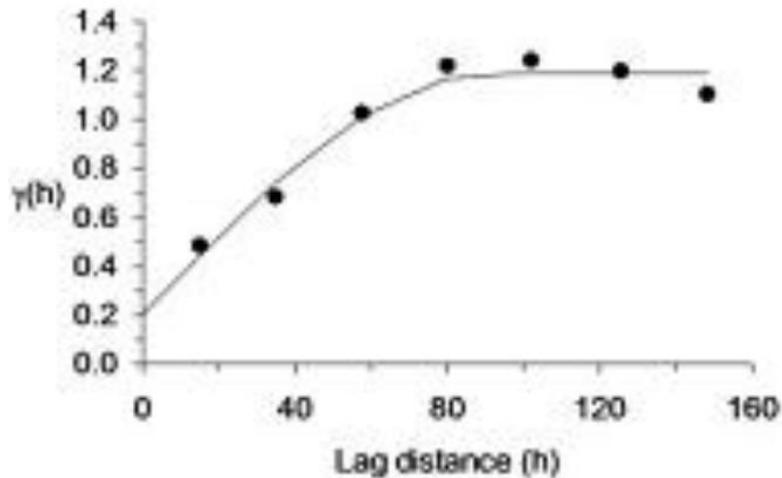
Global apportionment of craniometric variability

- **Fst for Neutral Molecular Markers: ~ 0.15** (Lewontin, 1972; Barbujani et al. 1997; Bowcock et al. 1991; Rosenberg et al., 2002)
- **Fst for Craniometric data (Howells` database): ~ 0.15** (Relethford 1994, 2002)
- **Fst for Skin Color: ~ 0.85**

- **EVOLUTION OF CRANIAL MORPHOLOGY IN MODERN HUMAN, IN GLOBAL SCALE, IS MAINLY DRIVEN BY DRIFT.**
 - **Genetic basis behind cranial shape.**
 - **Can be used to infer population history.**

Isolation by distance

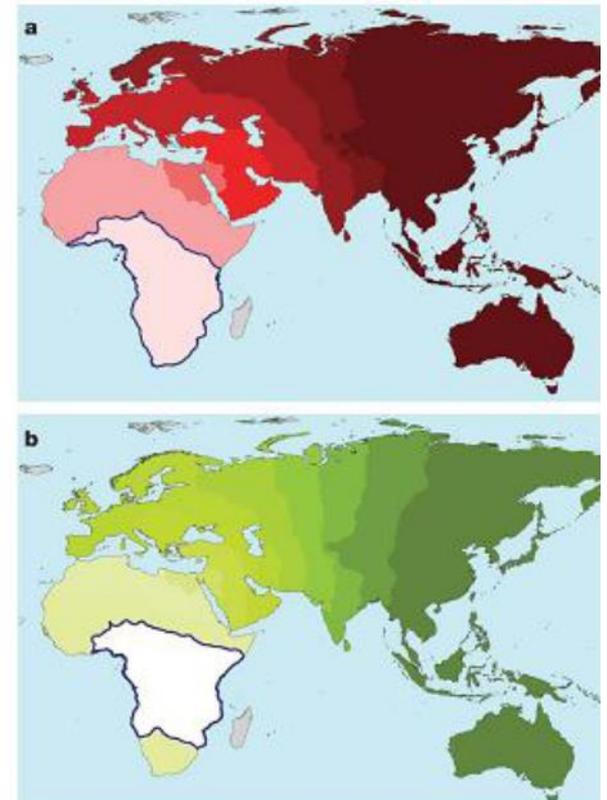
Local and regional spatial variation of cranial morphology behaves according to the expected under a “Isolation by distance” model, like neutral genetic systems (Relethford, 2004, 2008; Roseman 2004; Harvati and Weaver 2006)



Isolation by distance

Local and regional spatial variation of cranial morphology behaves according to the expected under a “Isolation by distance” model, like neutral genetic systems (Relethford, 2004, 2008; Roseman 2004; Harvati and Weaver 2006)

The main force driven modern human cranial evolution is genetic drift.



EM RESUMO....

- **Drift is the main evolutionary force behind cranial evolution.**
- **Other agents like gene flux, developmental plasticity and natural selection took place in small proportion and only in localized spatial scale.**

MORFOMETRIA GEOMÉTRICA

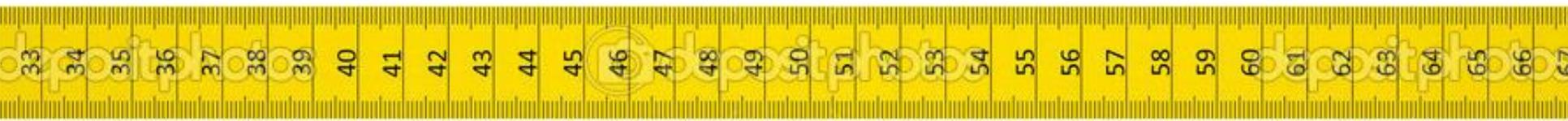
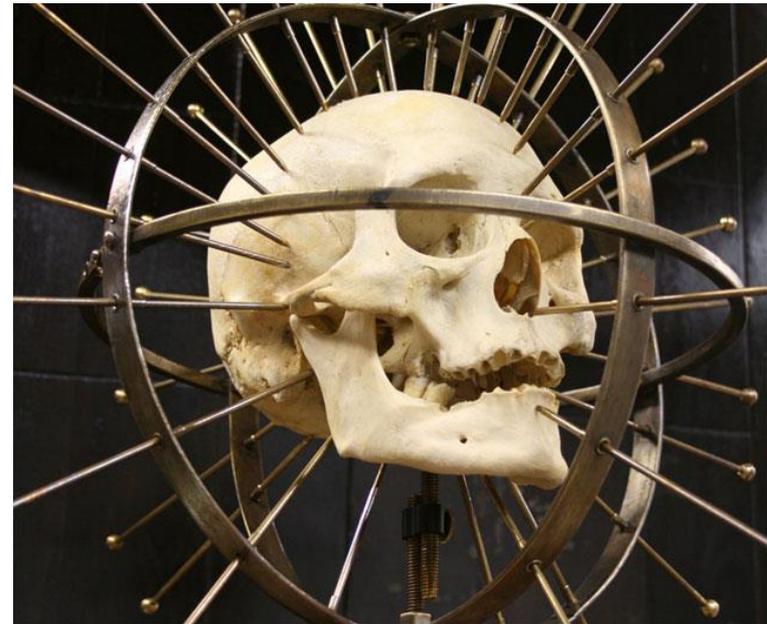
e

ANTROPOLOGIA VIRTUAL

A new comprehensive GM cranial protocol

Introduction

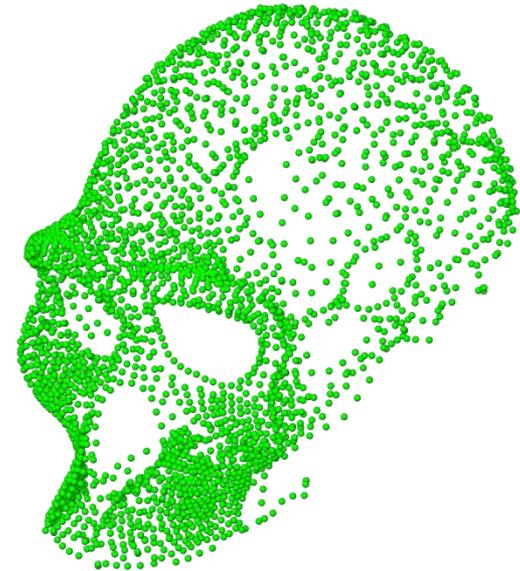
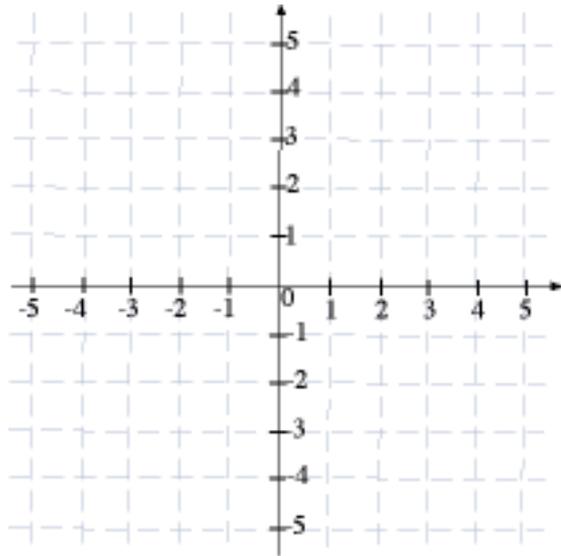
- **Morphometrics** is of interest for an ample range of disciplines.
- A common approach was the use of **linear or angular measurements**.



A new comprehensive GM cranial protocol

Introduction

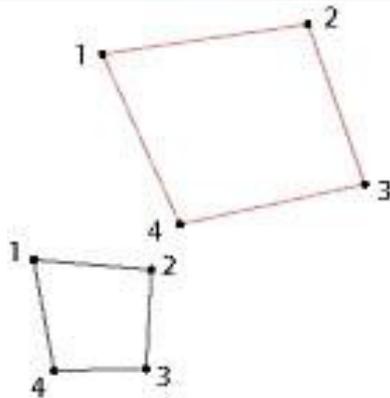
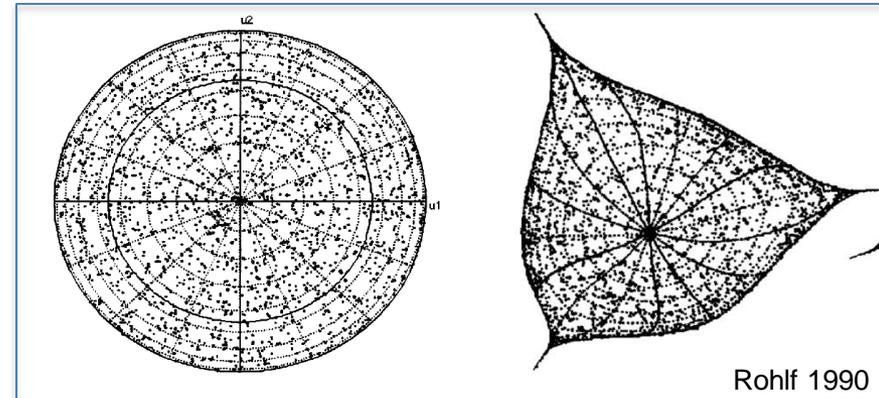
- **Geometric morphometrics (GM)** is based on the use of **coordinates** (x,y,z) instead of linear measurements.
- Enhanced analytic capacities (or not?).
- It certainly revolutionized the capacities of **visualizing shape changes**.



A new comprehensive GM cranial protocol

Introduction

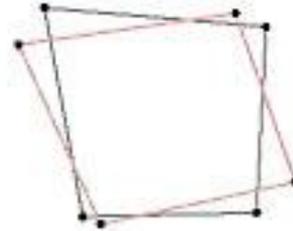
- A major source of debate is the best **superimposition strategy**.
- After decades the debate was not settled but certainly diluted with **Generalized Procrustes Analysis** assuming an overall acceptance.
 - Minimizing least squared distance among homologous landmarks.
- Removes the effect of translation, rotation and scaling.



raw landmarks



centered landmarks



centered and scaled landmarks

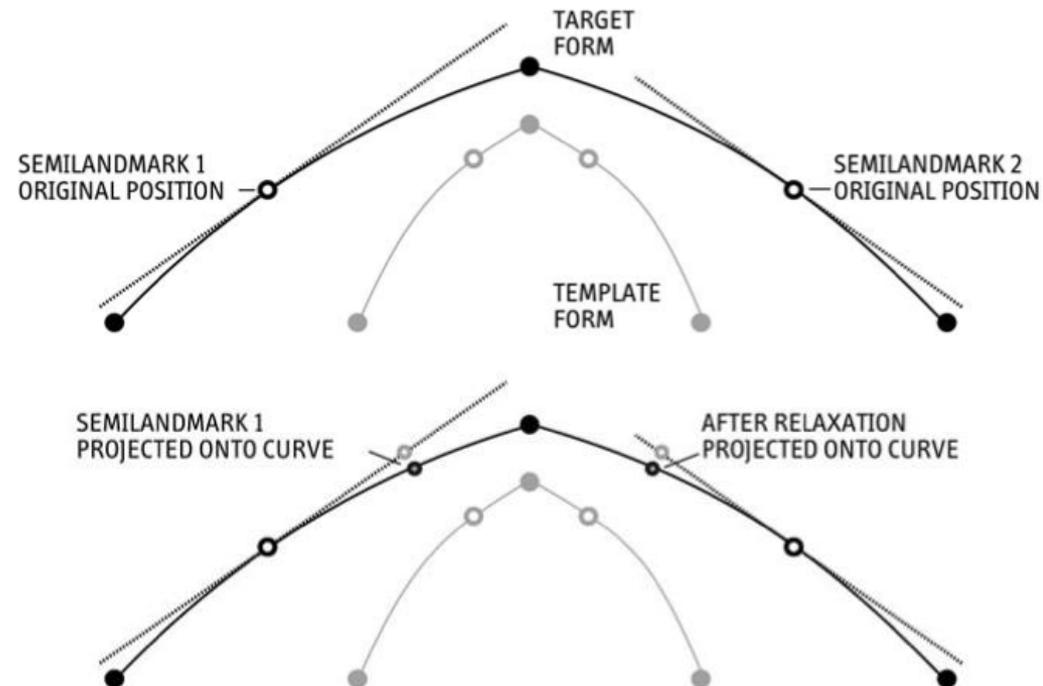
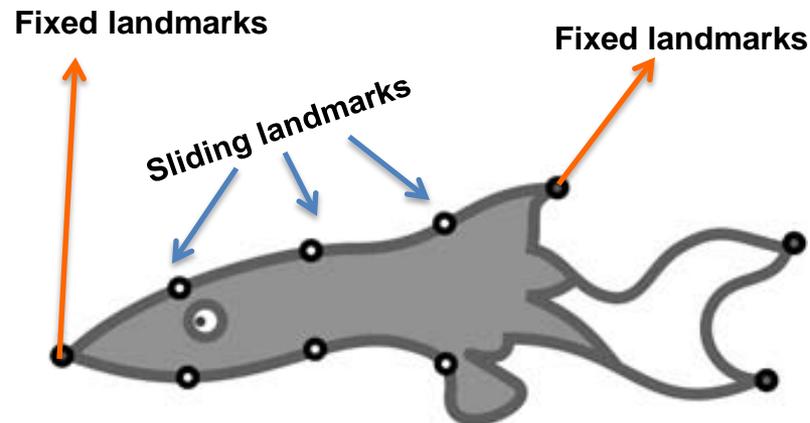


centered, scaled, and rotated lms

A new comprehensive GM cranial protocol

Introduction

- **Sliding landmarks** (a.k.a. 'semilandmarks')
 - Curves and surfaces.
- Sliding allows landmarks to move **along the tangent** of a curve or surface until some metric of morphology dissimilarity (e.g. bending energy, procrustes distance) is minimized.
- Debated over the '**homology**' of sliding landmark (Biological homology? Geometric homology?).

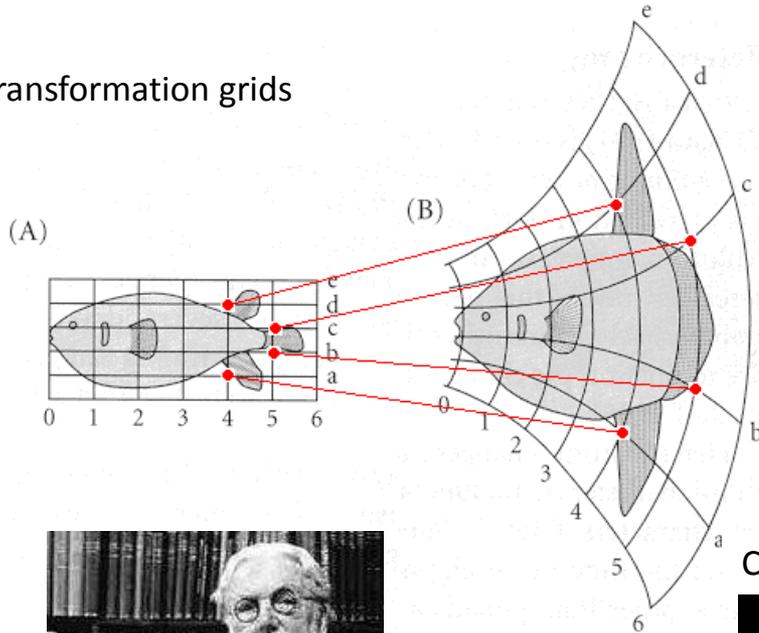


A new comprehensive GM cranial protocol

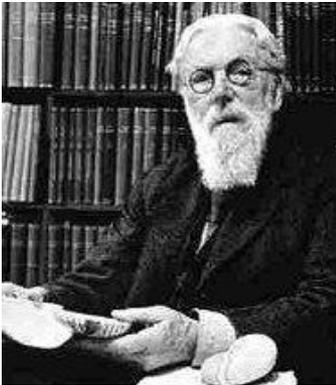
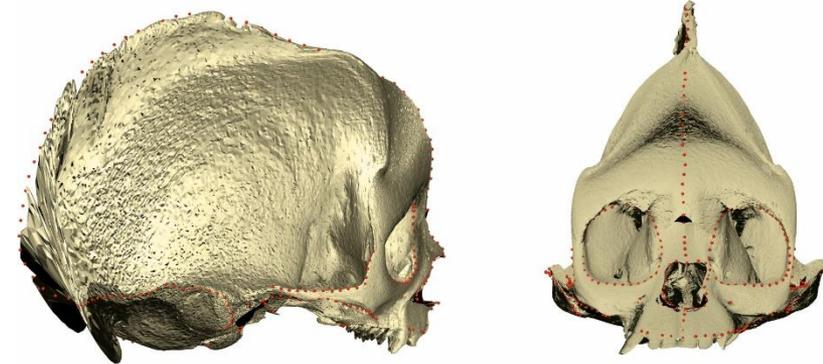
Introduction

- Shape change visualization has always relied on **extensive interpolation techniques**.
- Most common approaches > **warping** of a **Cartesian grid** or warping of a **template surface**.

Transformation grids

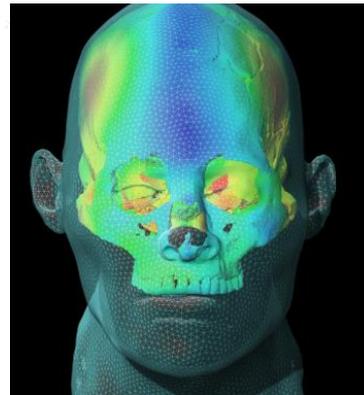


Surface warping

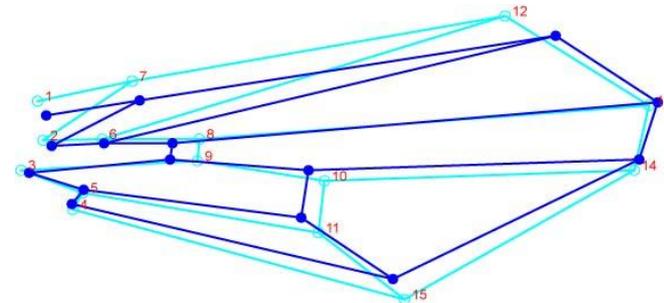


On Growth and Form (1917).
Sir D'Arcy Wentworth Thompson (1860-1948)

Color mapping



Wireframes



A new comprehensive GM cranial protocol

Introduction

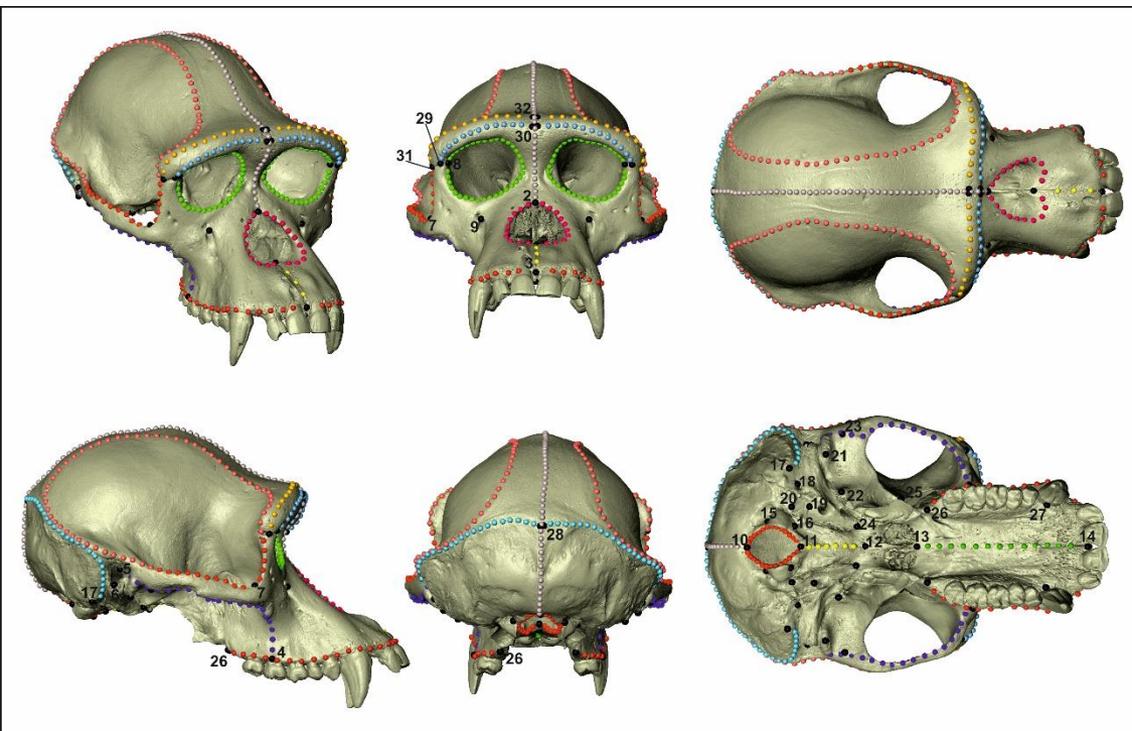
- More recently **virtual anthropology** became the other side of the GM coin.
- Generating 3D models (cloud of three-dimensional points) of the specimens of interest.
 - Surface scans, X-rays or photographic derived.
- **The present work contributes on making GM and VA fully compatible.**



A new comprehensive GM cranial protocol

Introduction

- To a certain extent 3D models were used as basis for **traditional low density landmark protocols**.
- An example of a traditional set of landmarks representing cranial morphology.

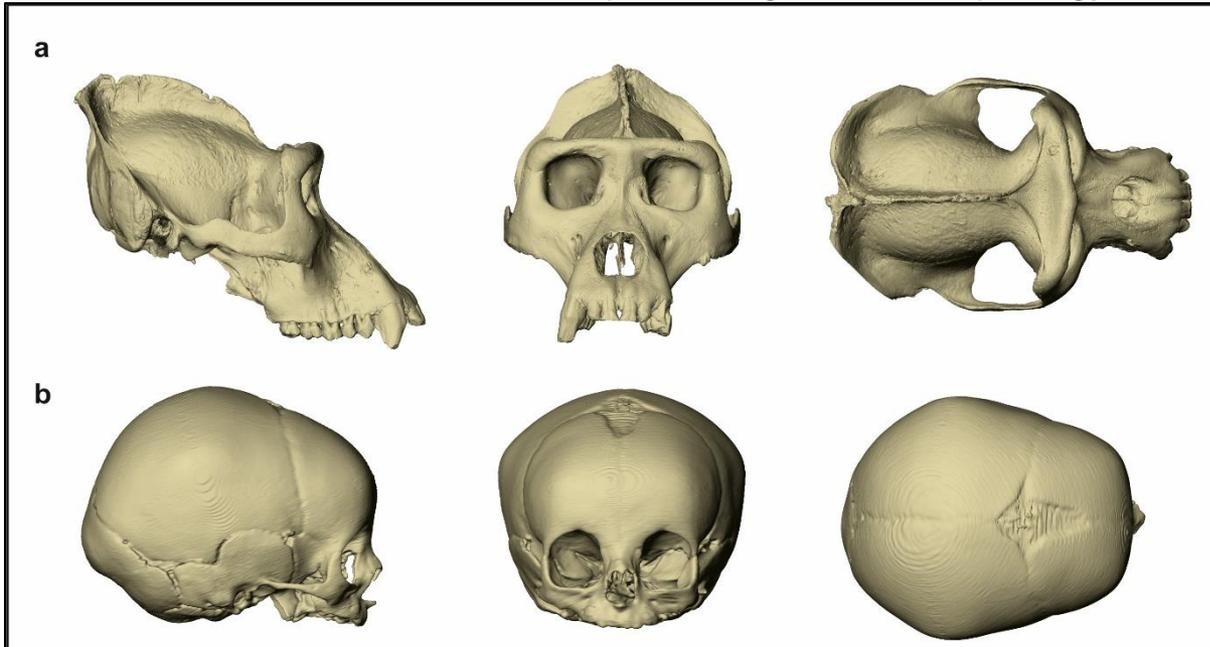


Traditional 574 landmark configuration

A new comprehensive GM cranial protocol

Introduction

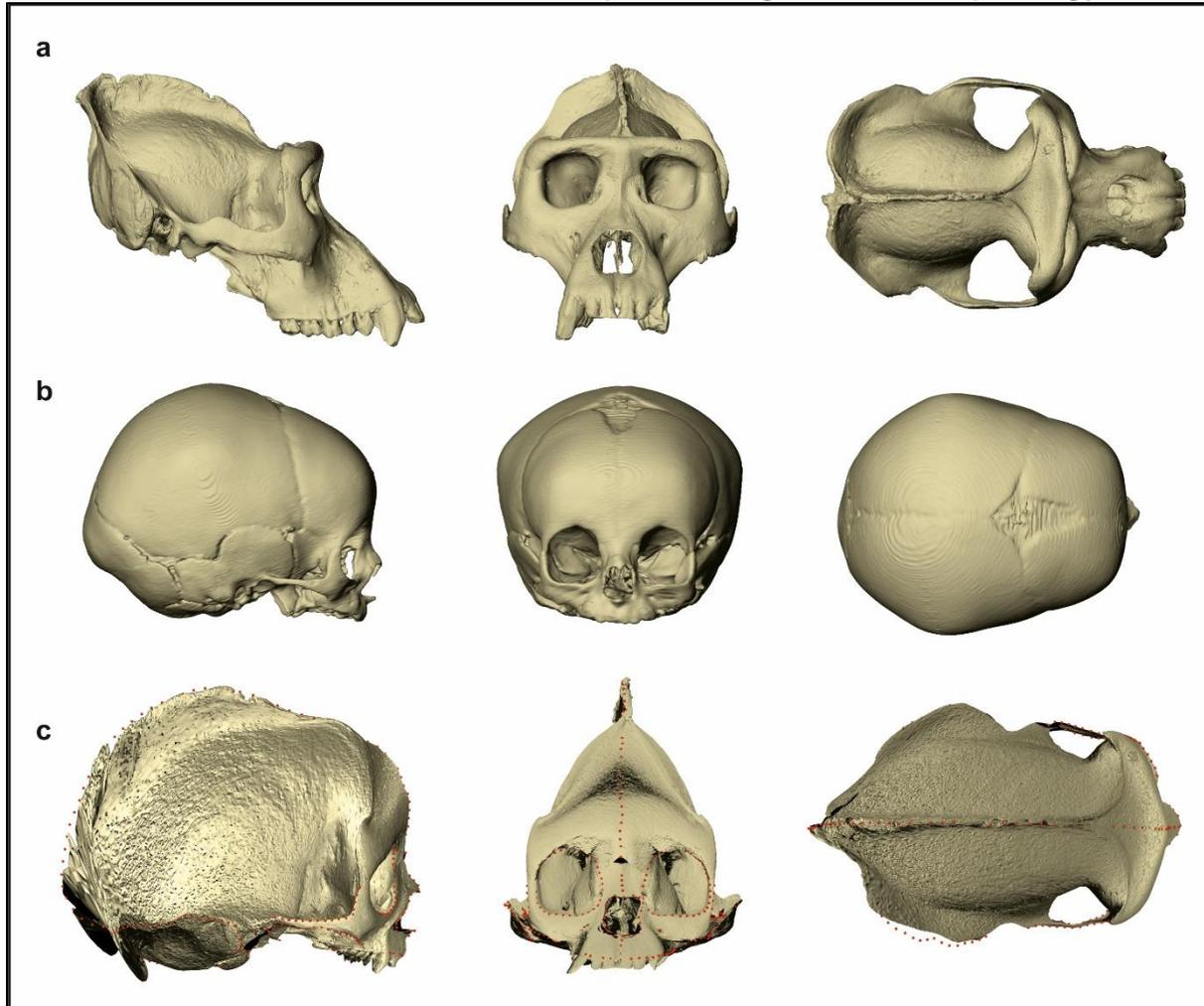
- Are traditional landmarks and curves enough?
- An example of a traditional set of landmarks representing cranial morphology.



A new comprehensive GM cranial protocol

Introduction

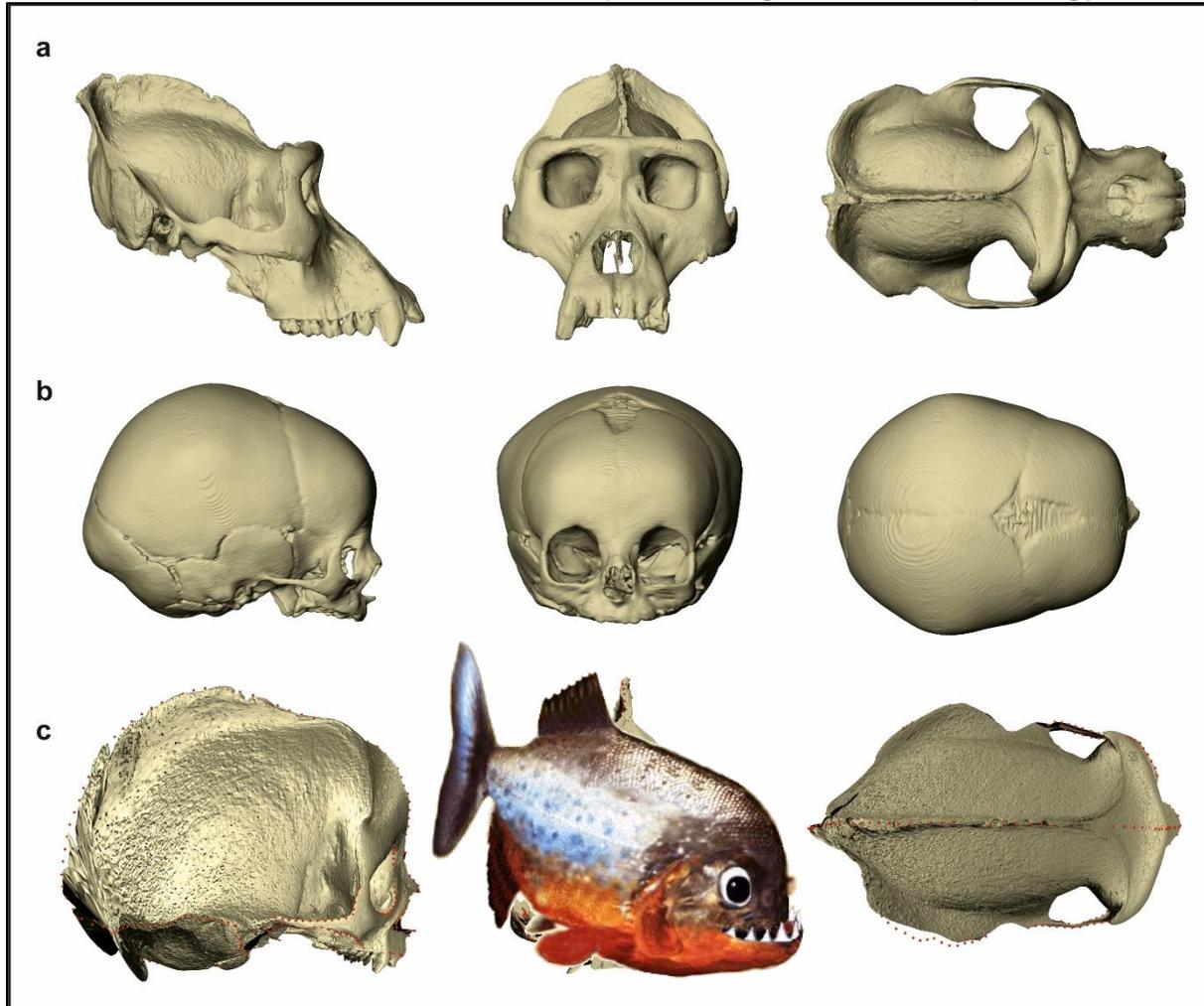
- Are traditional landmarks and curves enough?
- An example of a traditional set of landmarks representing cranial morphology.



A new comprehensive GM cranial protocol

Introduction

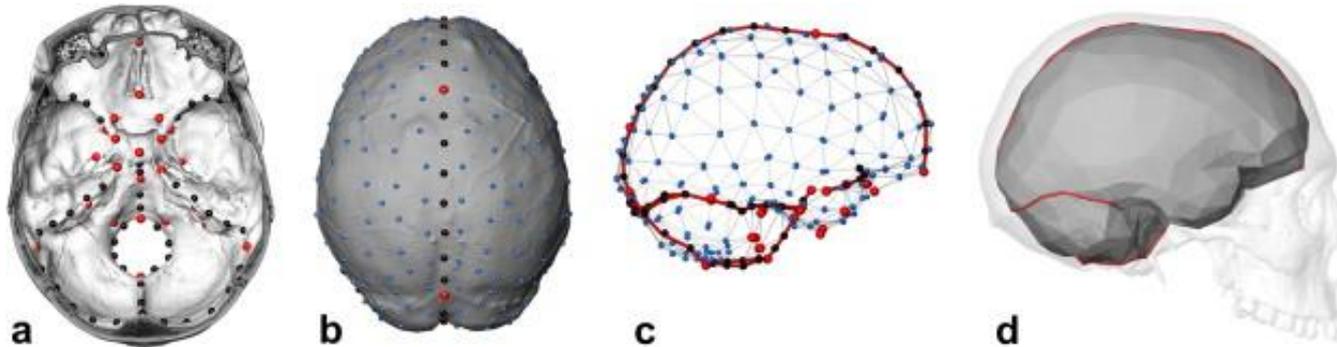
- Are traditional landmarks and curves enough?
- An example of a traditional set of landmarks representing cranial morphology. **NO**



A new comprehensive GM cranial protocol

Objective

- To develop a comprehensive geometric morphometric protocol for the primate ectocranium.
- A protocol in which, within the scale of interest (gross anatomy), **fully covers the structure of interest.**

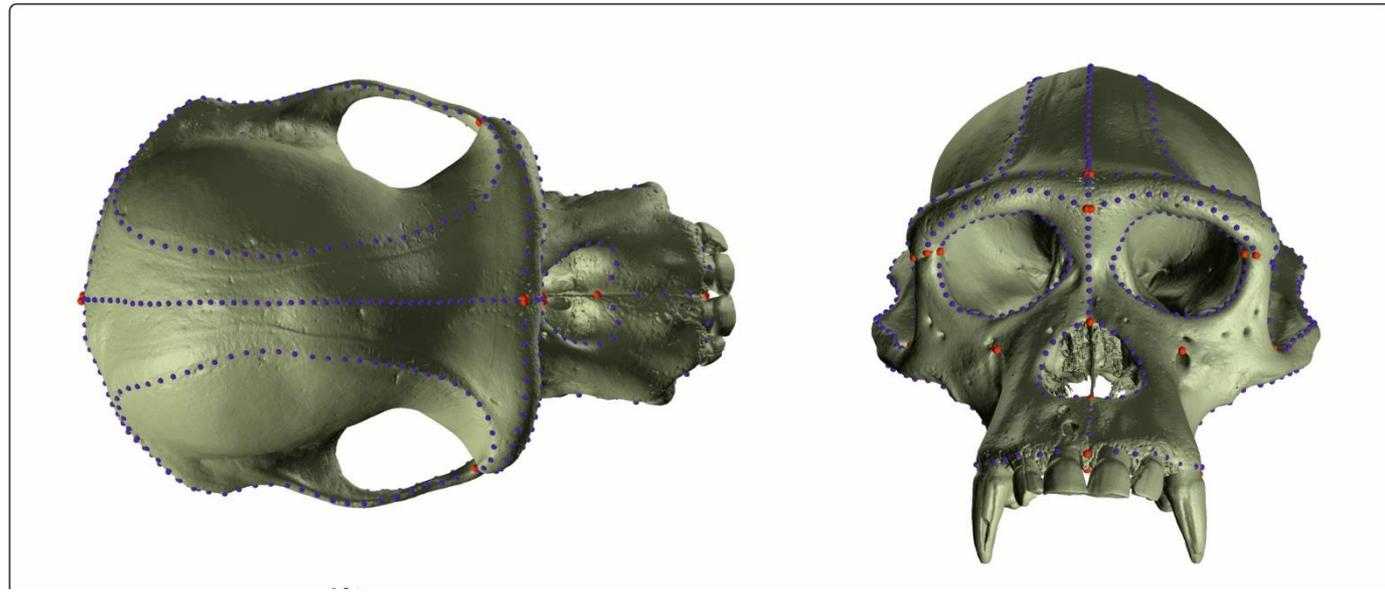


Example of a comprehensive GM protocol for endocasts (from Neubauer 2010)

A new comprehensive GM cranial protocol

The specific problems precluding a comprehensive cranial protocol

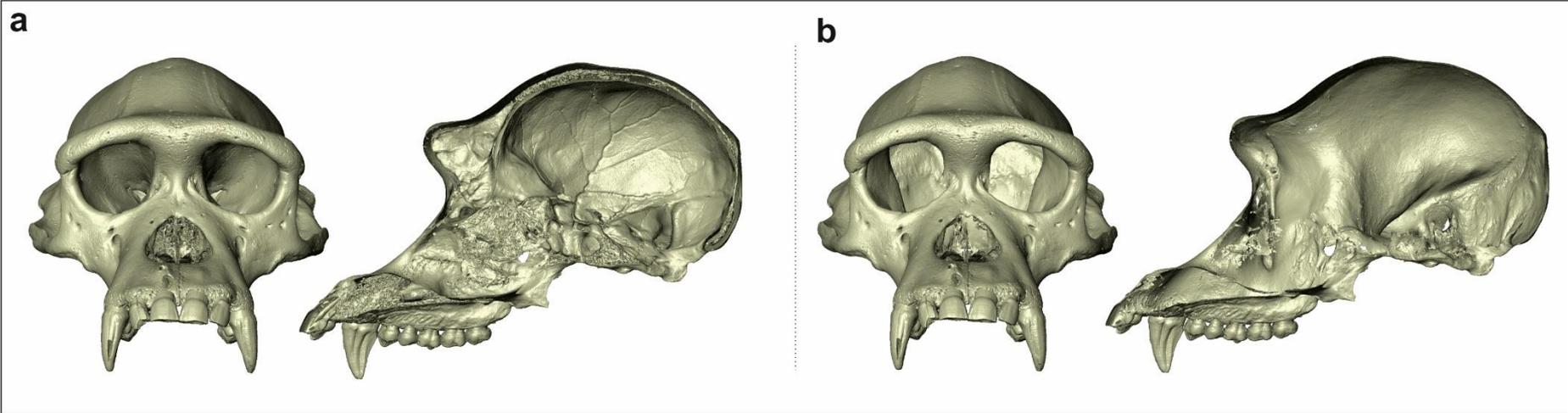
- 1-) Faces of the surface that are too close to each other lead to false projections;
- 2-) Morphological differences that are too large to be addressed by a traditional projection based on simple warping and location of closest vertex on the surface model;
- 3-) The presence of curves that overlap with the SLSM in varying positions in different specimens.



A new comprehensive GM cranial protocol

Solution

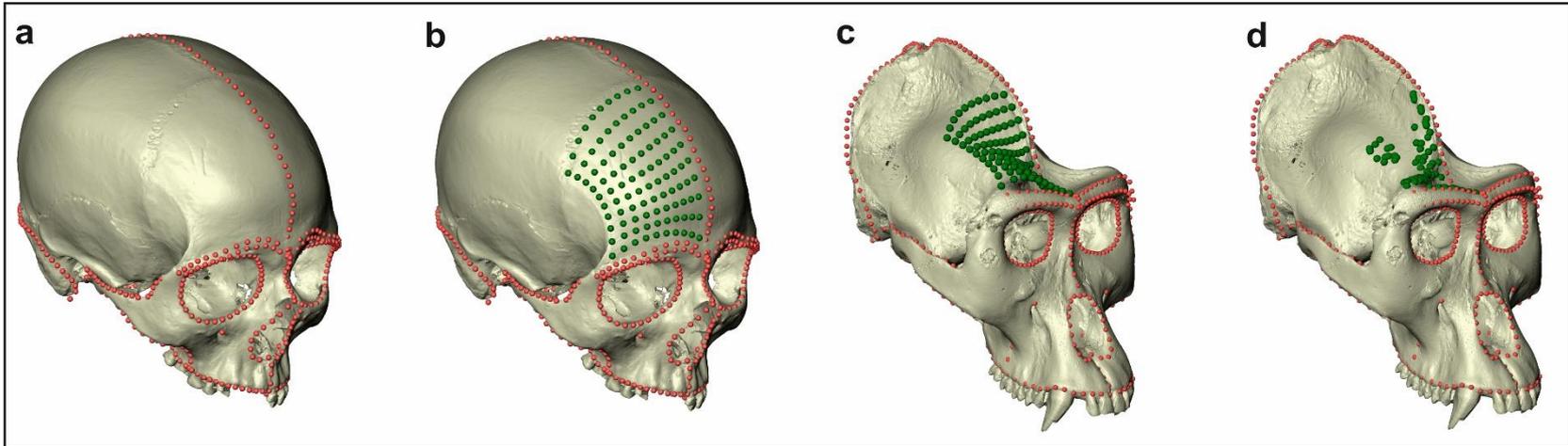
1-) Protocol of surface segmentation.



A new comprehensive GM cranial protocol

Problem

2-) Morphological differences that are too large to be addressed by a traditional projection strategy

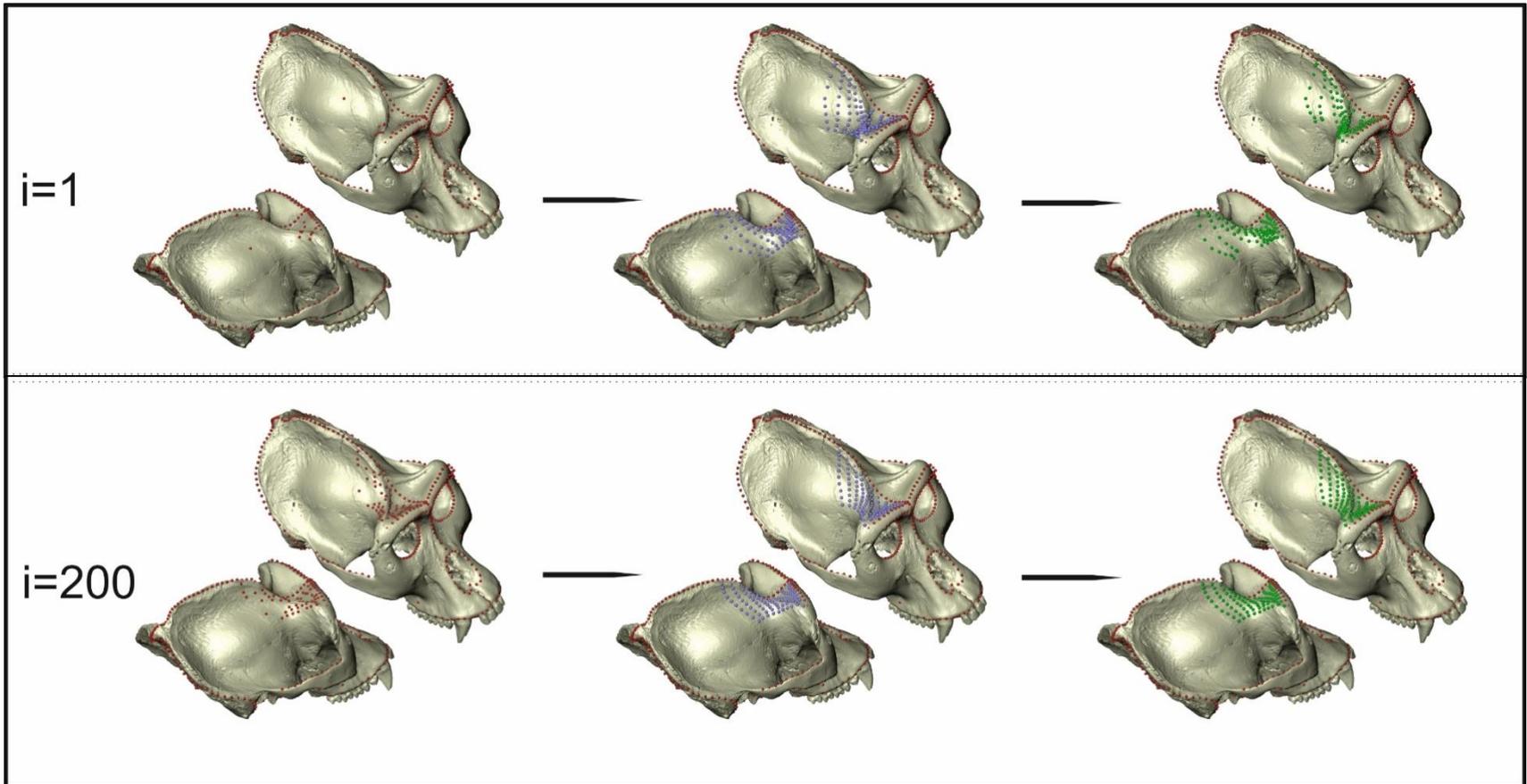


A new comprehensive GM cranial protocol

Solution

2-) An “iterative random self-anchoring landmark projection algorithm” (IRSAL)

Is not based on computation of tangent planes



A new comprehensive GM cranial protocol

Solution

2-) An “iterative random self-anchoring landmark projection algorithm” (IRSAL)

SHOW ISRAL VIDEO

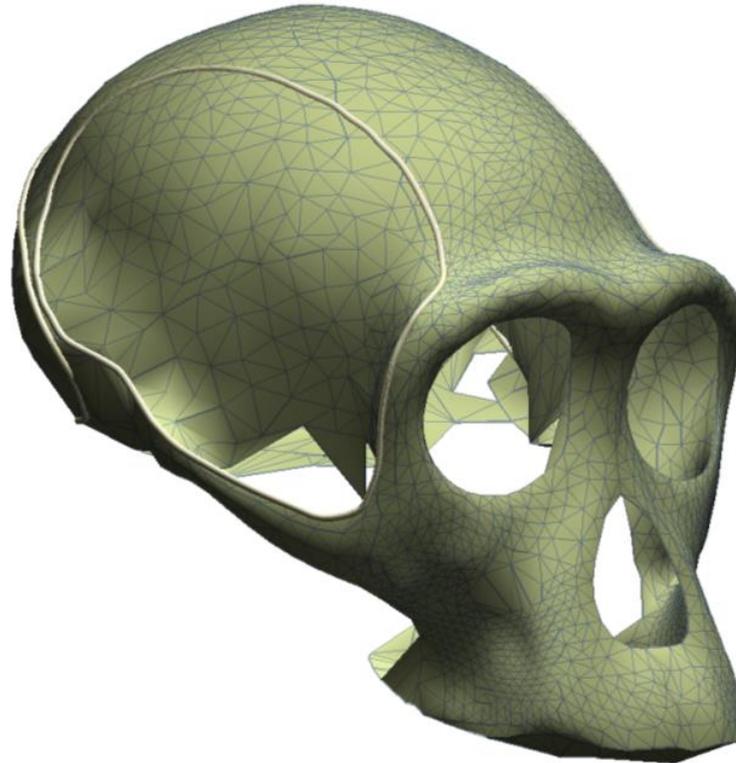
A new comprehensive GM cranial protocol

Problem

3-) In ontogenetic series muscle attachment lines migrates over the surface.

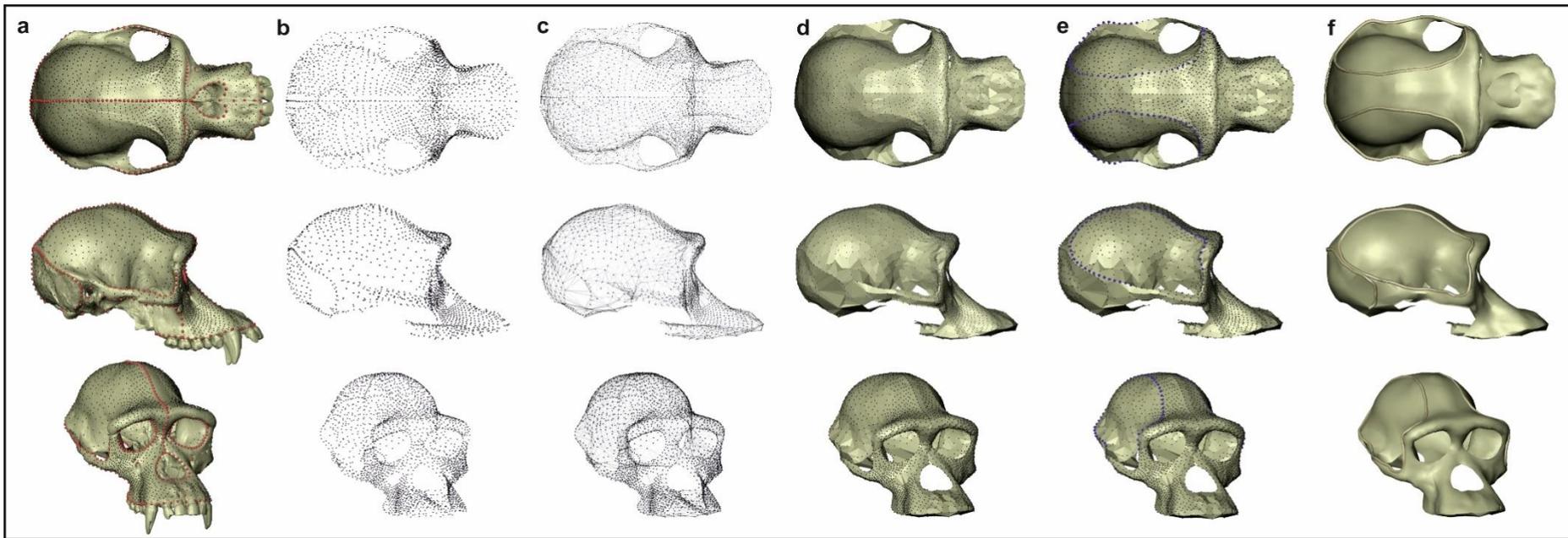
Solution

3-) “non-orthodox” geometric homology. Applied Geometric Morphometrics



A new comprehensive GM cranial protocol

Final protocol: 2944 landmarks



A new comprehensive GM cranial protocol

Show videos:

002_Vid x - Complete Adult Male Gorilla Onto FORM Final

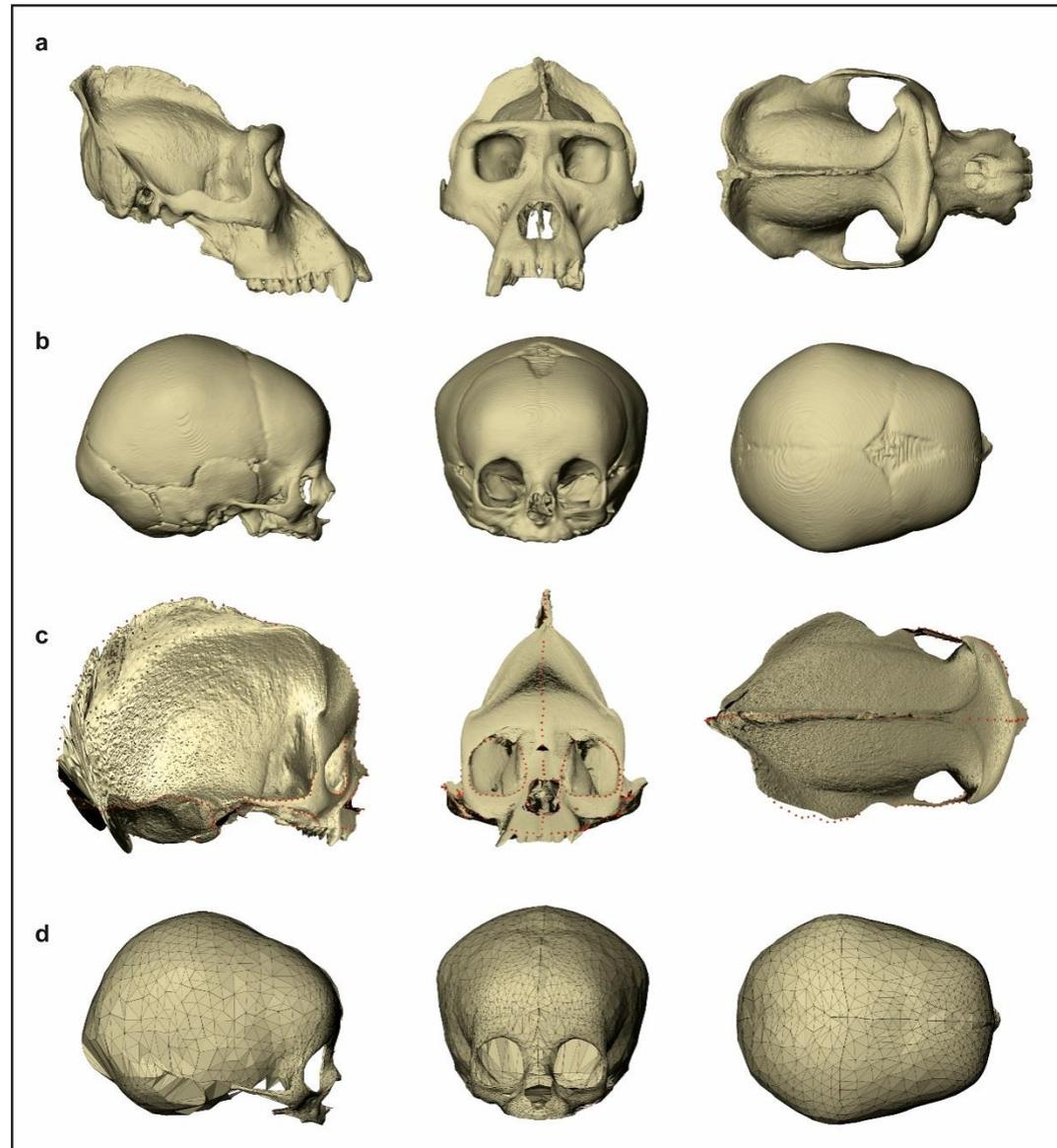
A new comprehensive GM cranial protocol

TEMPLATE

TARGET

**Warping Surface Approach
(574 landmarks)**

**High-density approach
(2344 landmarks)**



A new comprehensive GM cranial protocol

Conclusion

The integration of different strategies allowed for a comprehensive high-density landmark based protocol for the primate crania to be established.

This protocol represents a significant advance in our capability of

capturing,

analyzing,

visualizing shape changes

(no surface warping, no interpolation -> pure data)

Potential for future studies of ontogeny, phylogeny, biomechanics, integration and modularity, fossil reconstruction, among others.

Integration of GM and VA fuses both back with Anatomy.

A new comprehensive GM cranial protocol

Conclusion

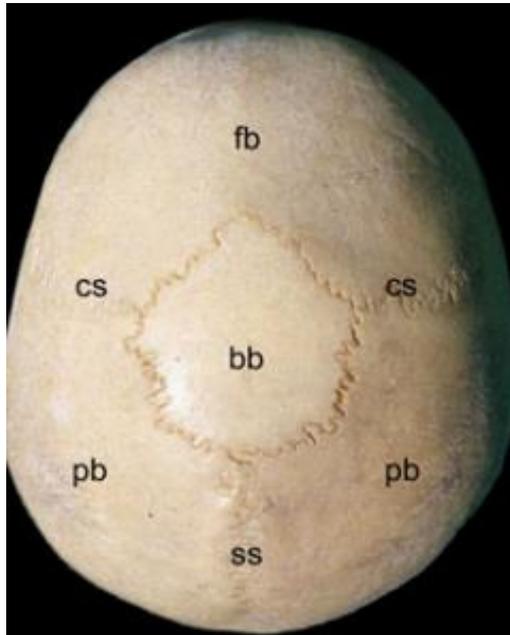
Beyond sisyphus> the coming of age of morphometrics

* There are still disagreement on use of sliding landmarks (no biological homology).

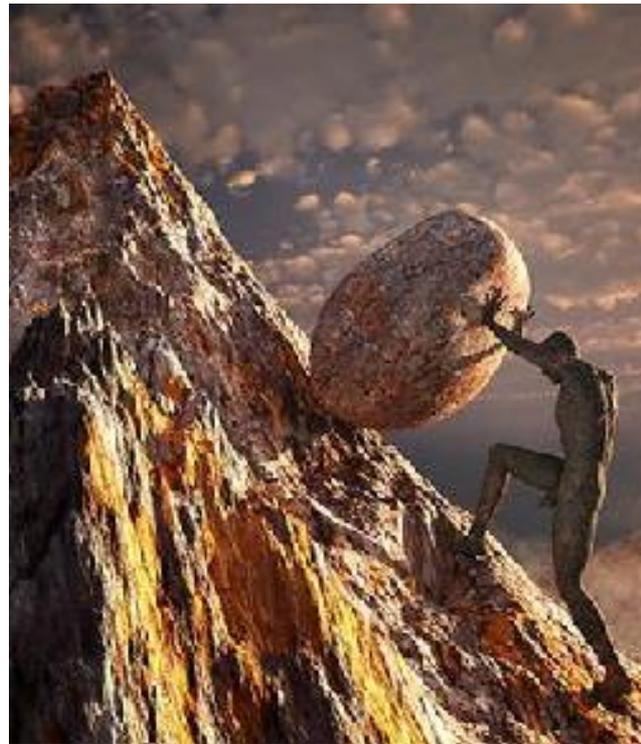
Obsession for “Type I landmarks” is an atavism from 19th century anthropology

* New concerns with statistical properties (e.g. modularity)

The presented protocol is a ‘**geometric mapping**’ approach (flexible manipulation, automation, reproducible)



Superior view of human cranium



Sisyphus rolling stone up the mountain



From David Parkins, 2015. Nature

Emerging *Homo* and *Au. sediba*

Material and Methods

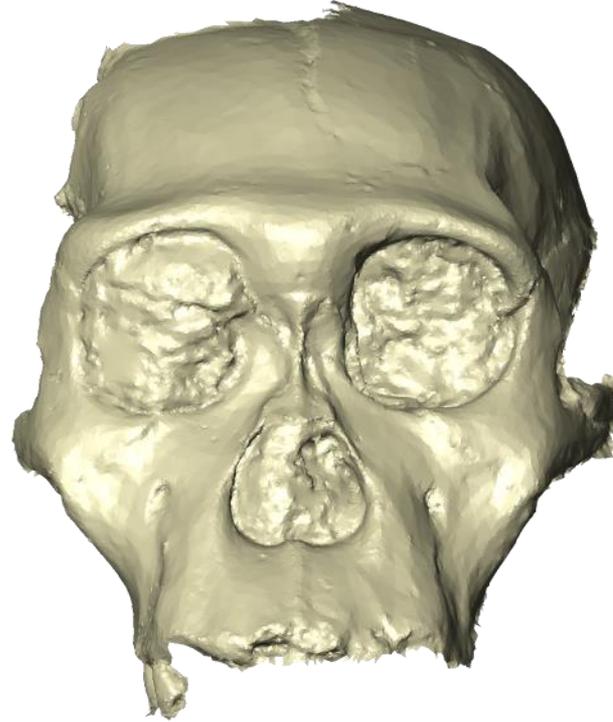
- Fossils demand intense reconstruction and preparation



Emerging *Homo* and *Au. sediba*

Material and Methods

- Fossils demand intense reconstruction and preparation



Emerging *Homo* and *Au. sediba*

Material and Methods

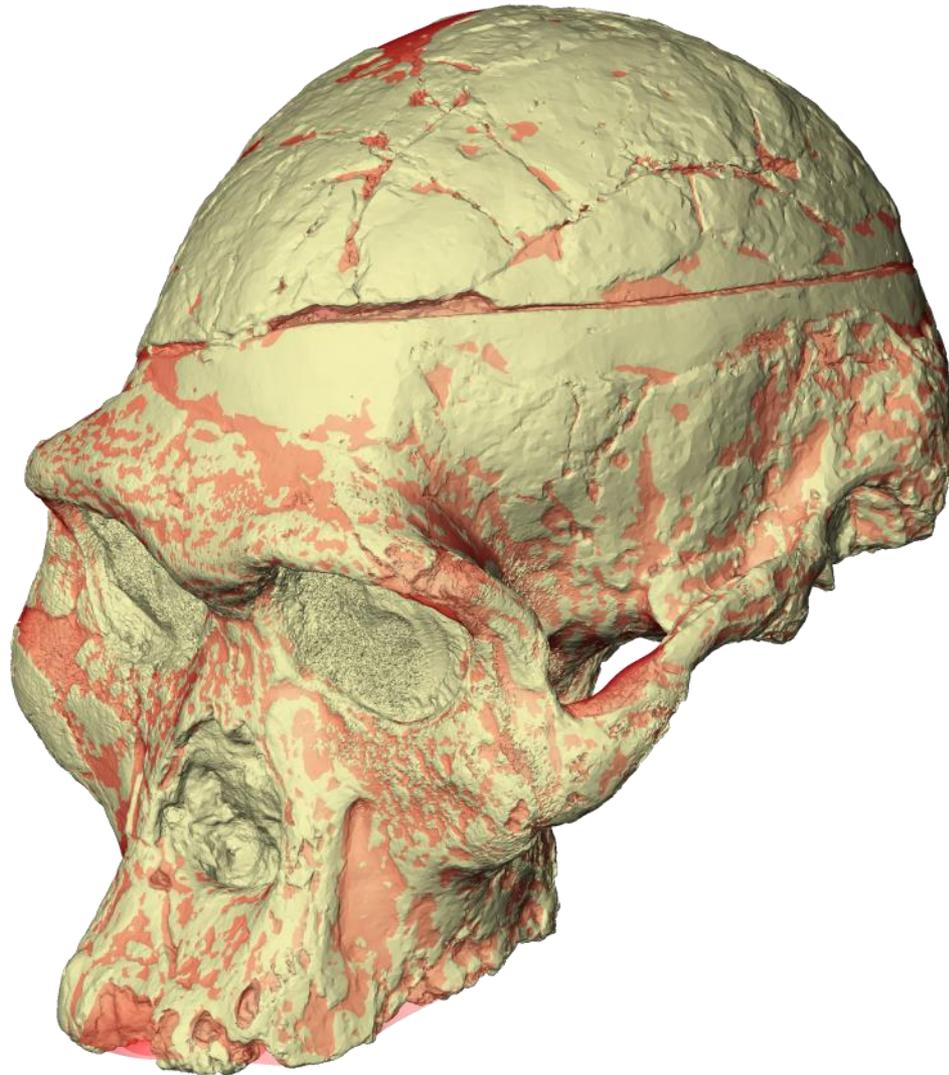
- Fossils demand intense reconstruction and preparation



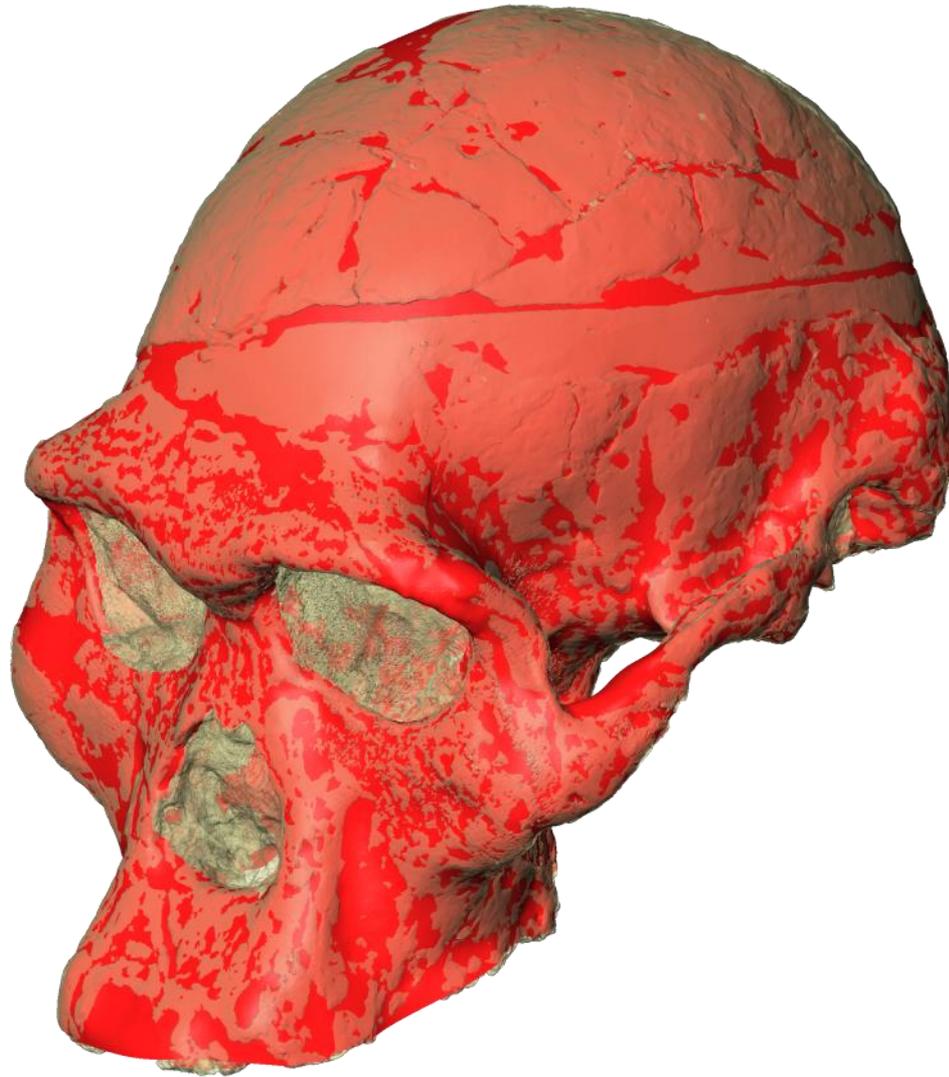
Emerging *Homo* and *Au. sediba*



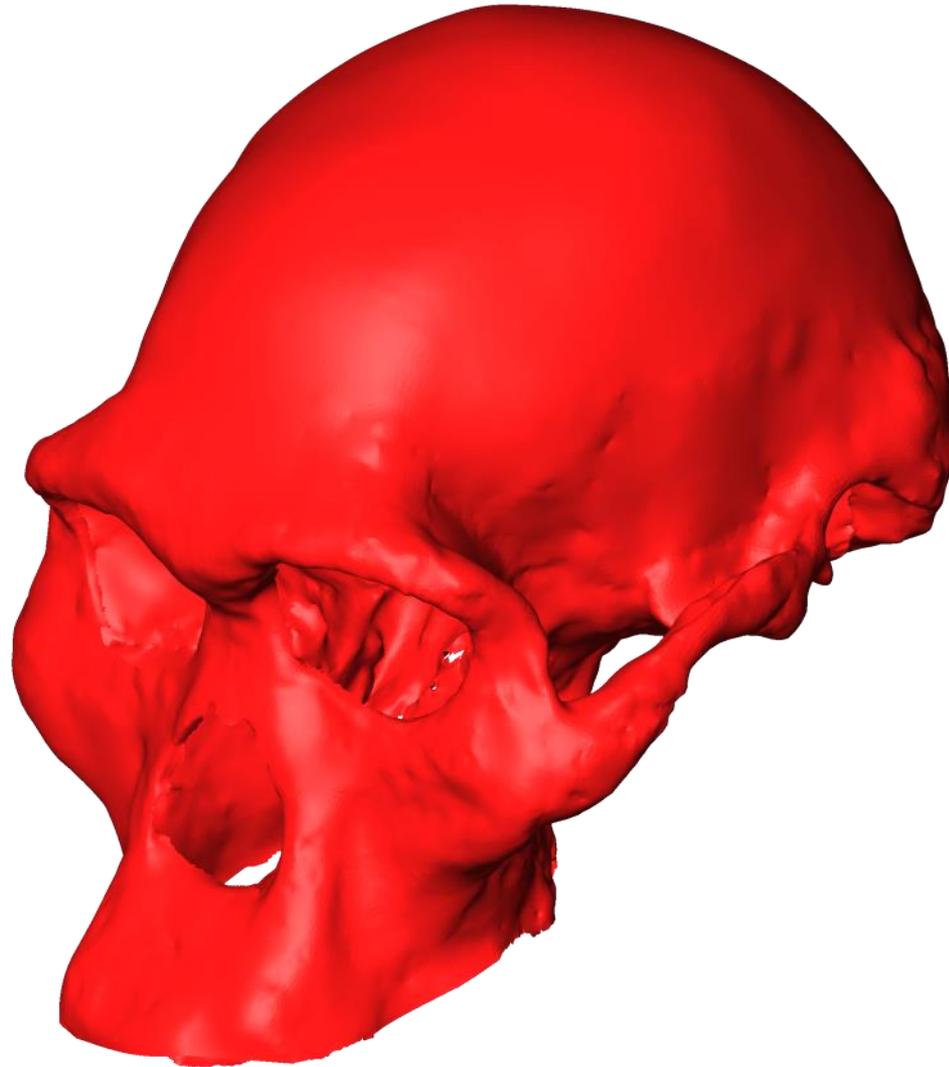
Emerging *Homo* and *Au. sediba*



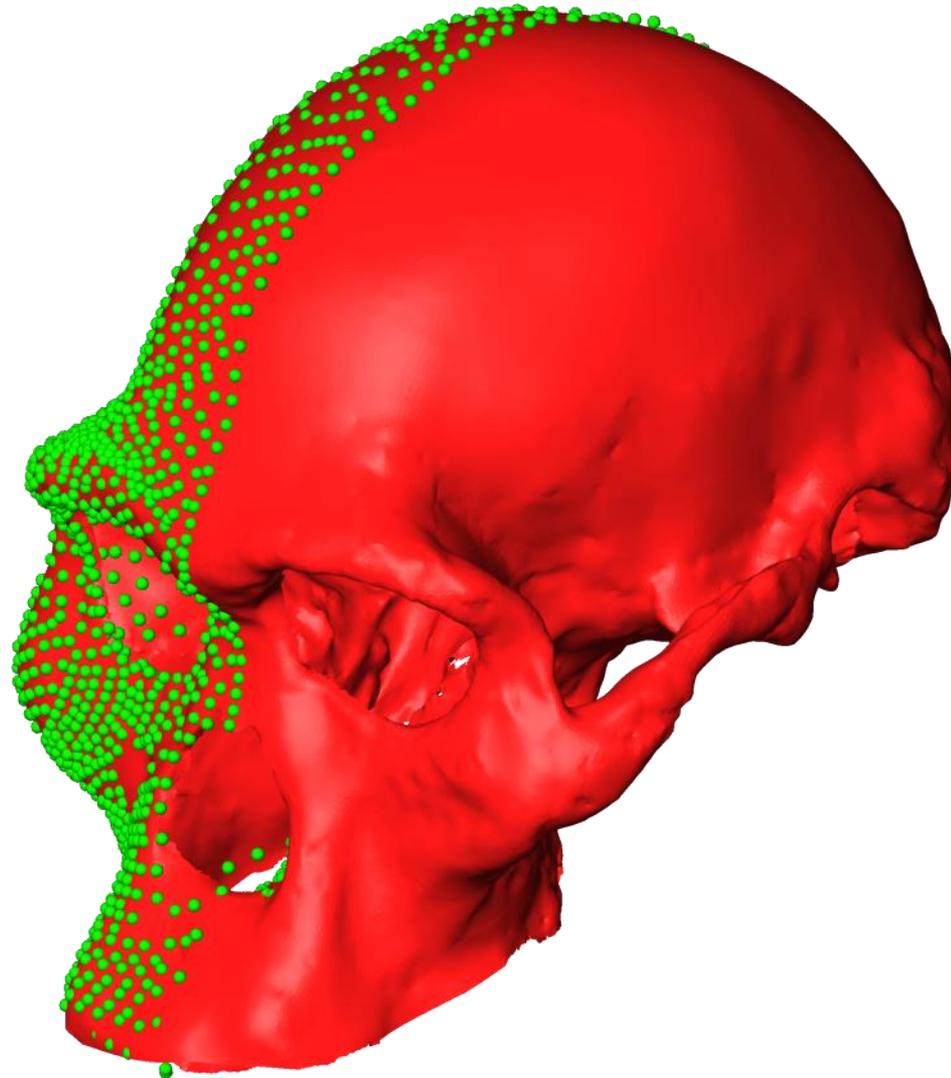
Emerging *Homo* and *Au. sediba*



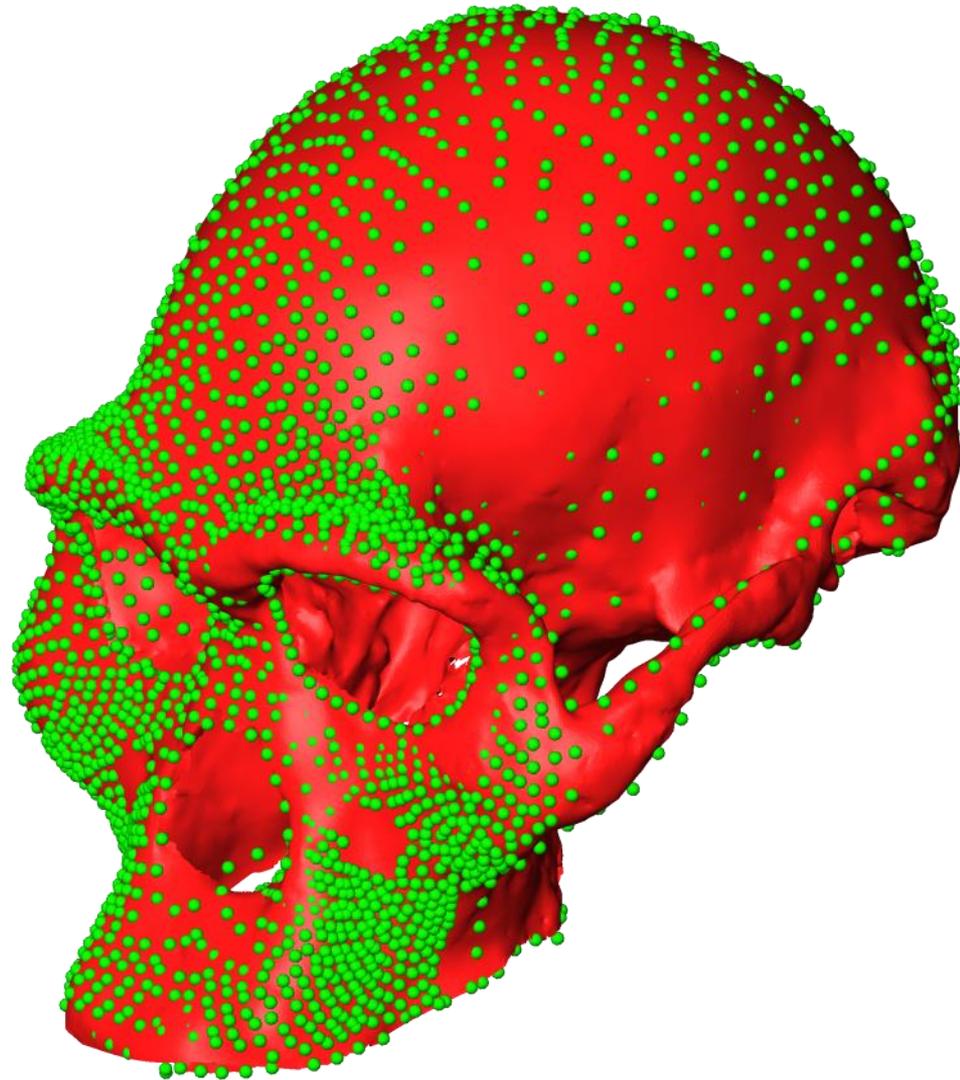
Emerging *Homo* and *Au. sediba*



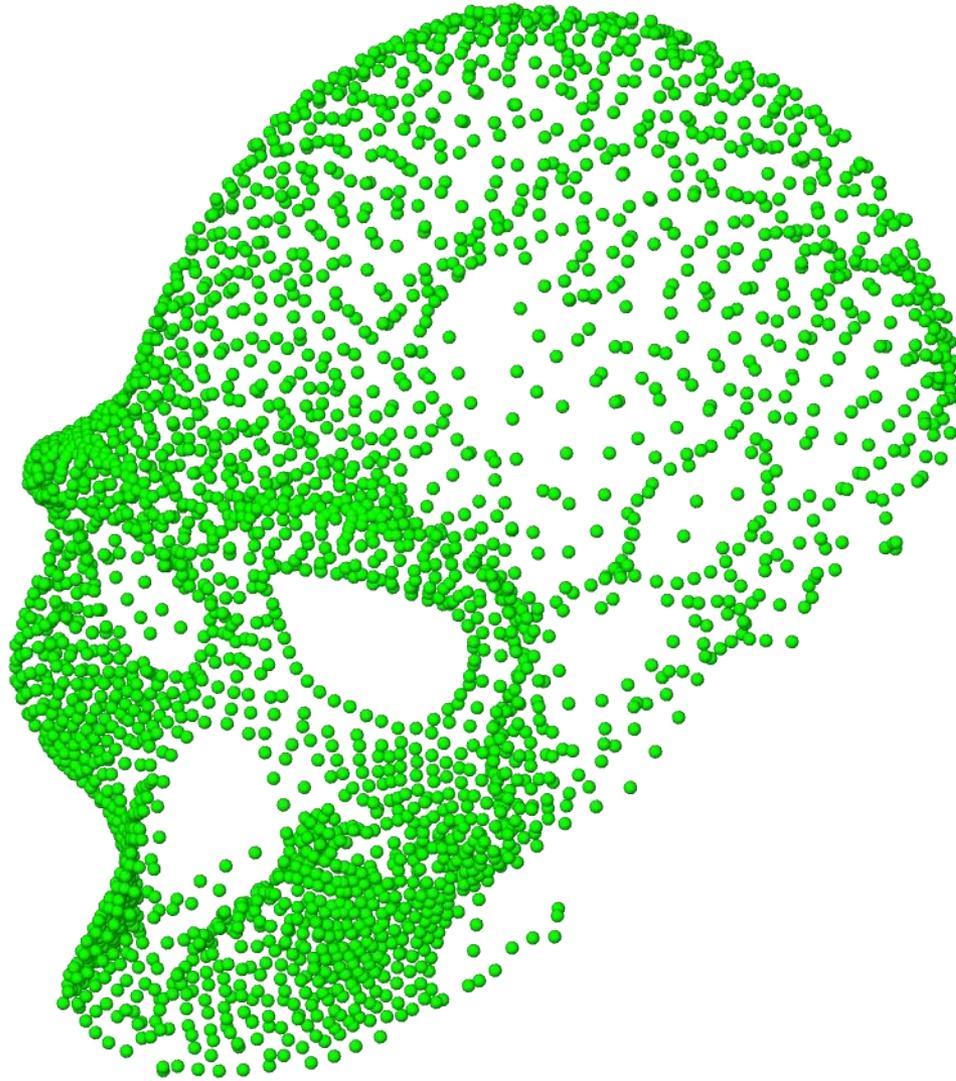
Emerging *Homo* and *Au. sediba*



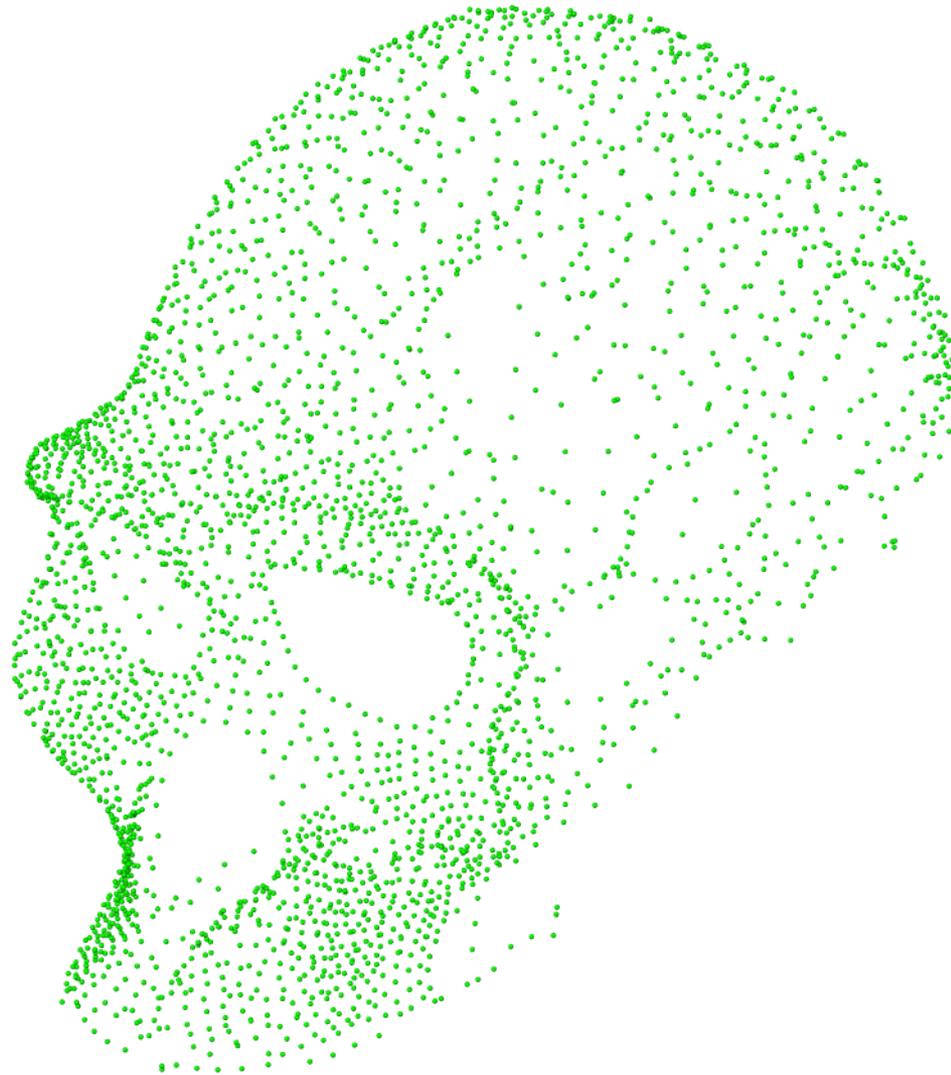
Emerging *Homo* and *Au. sediba*



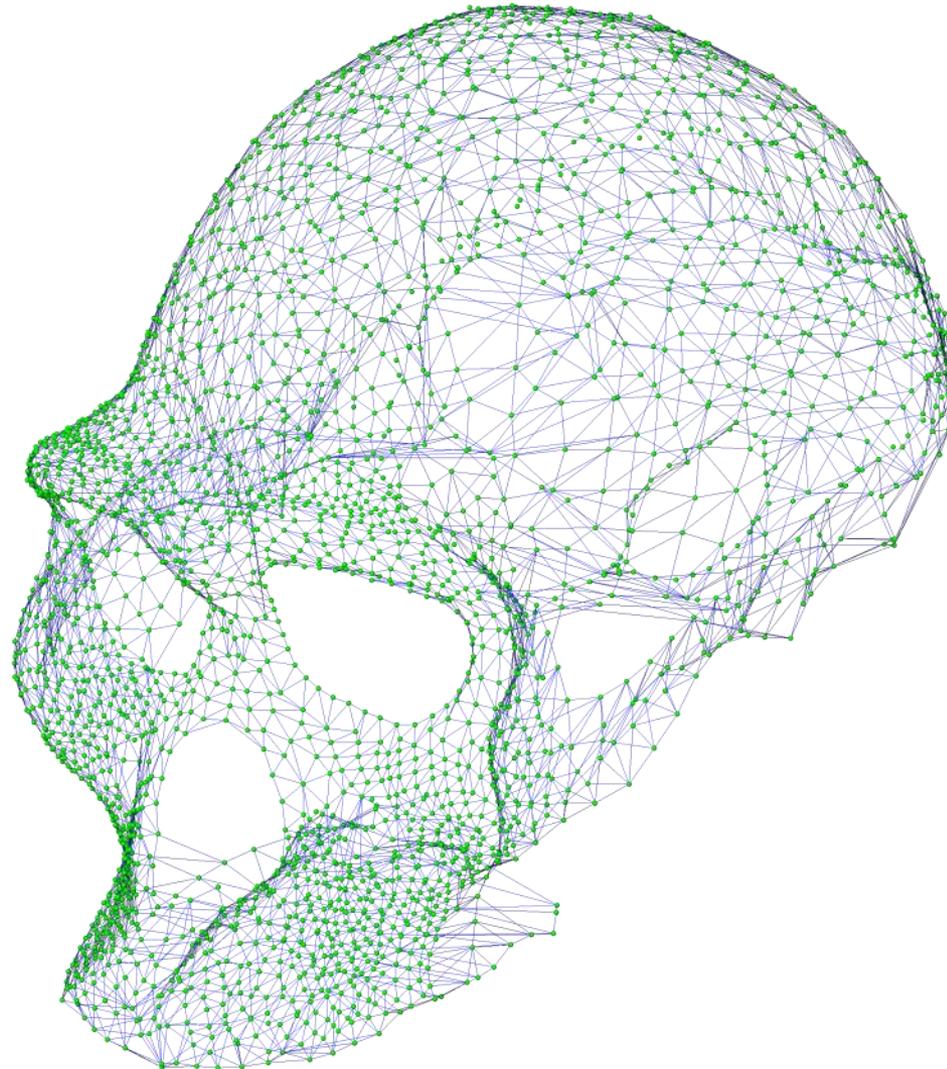
Emerging *Homo* and *Au. sediba*



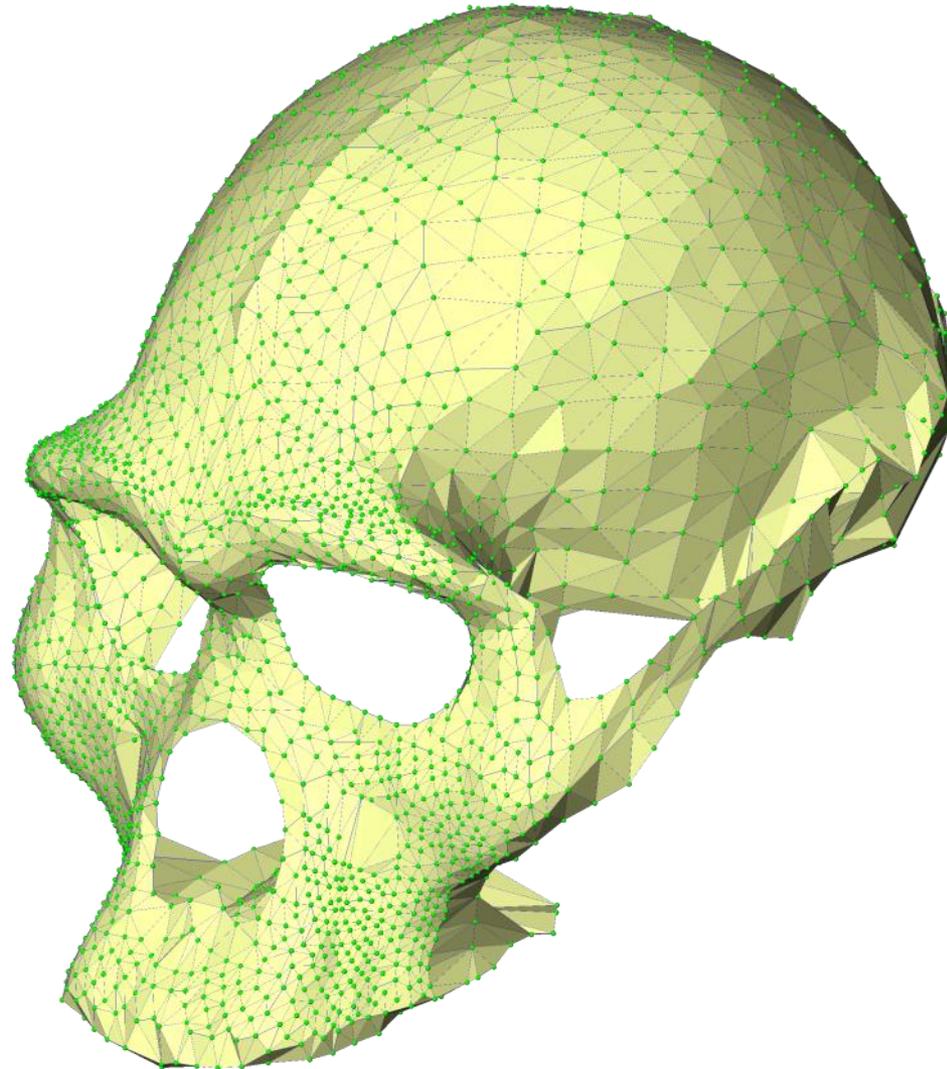
Emerging *Homo* and *Au. sediba*



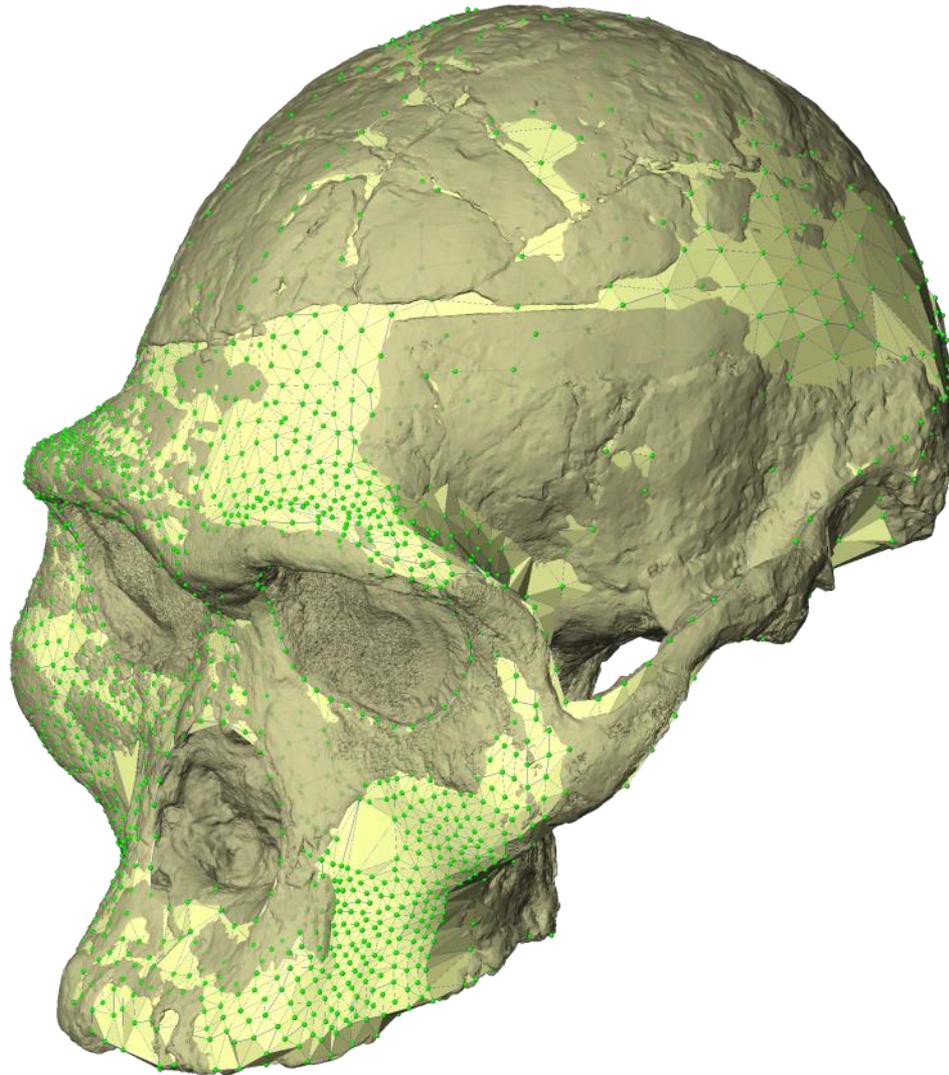
Emerging *Homo* and *Au. sediba*



Emerging *Homo* and *Au. sediba*



Emerging *Homo* and *Au. sediba*



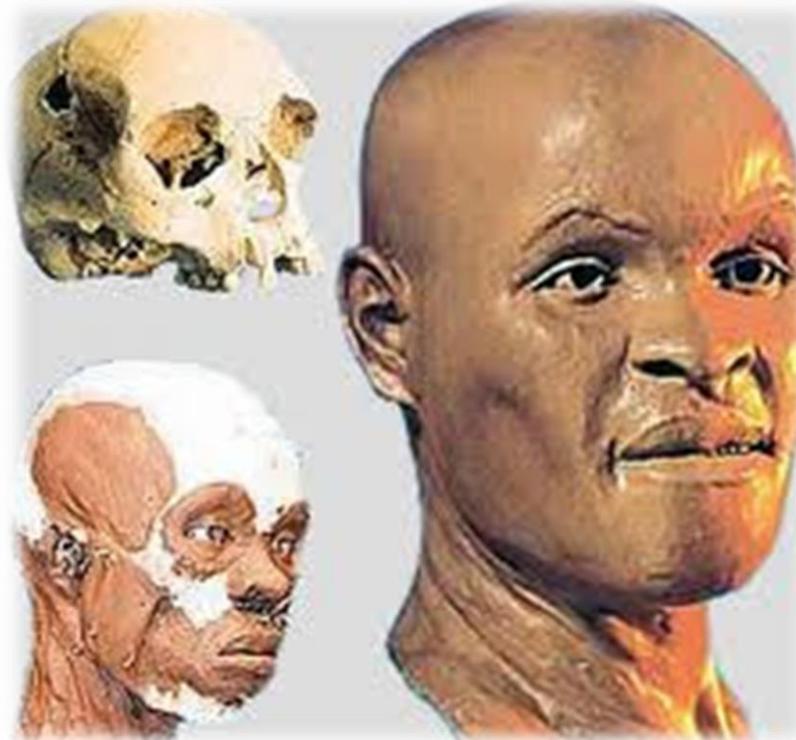
FIM

The PaleoAmerican hypothesis

The “cranial argument” for the settlement of the New World

1. The “Two Main Biological Component Model” (Paleoamericans vs Amerindians)

- Early Americans crania had a different cranial morphology.
- High morphological variation in the last continent to be settled.
- The recent **Pericues**, **Fuegians**, **Botocudos** are late survival of the first population.



Facial reconstruction by Richard Neave of Luzia

The PaleoAmerican hypothesis

2. Early Holocene crania were NOT morphologically different

- Denies there is a “PaleoAmerican morphology” (e.g. *Raghavan et al., 2015*)

3. The “Subsistence and nutritional hypothesis”

- South America has drastically distinct landscapes and environments.
- During the Holocene drastically distinct subsistence strategies/diets were adopted.
- When quantitative genetics test Lande models the pattern of variation is not compatible with drift.

(e.g. *Perez et al., 2009, 2011; Menendez et al., 2013*)

4. The “Recurrent gene flow hypothesis”

- Paleoamerican morphology is an extreme of a continuous variation.
- Highly diverse founding population.
- Continuous gene flow between Asia and America.

(e.g. *González-José et al., 2008; Pascheta et al., 2013*)

Big picture, small data?

How to explain this unique pattern of differential explanations?

1. Same phenomena ≠ data

- Coverage of available samples/populations?
- Morphometric acquisition?
- Evolutionary nature of human crania?
- Analytical methods?



Excavation → Curation → Collections → Data → Analyses → Scenarios



Big picture, small data?

Since seminal work of Greenberg et al., and Neves & Pucciarelli **incredible advances** were achieved on methodological basis but the similar **advances in the available data were not observed.**

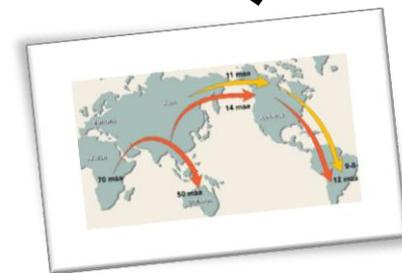


ID	KCB	NOI
Santo1	12.322	11.22
Burit 2	11.003	11.34
Wal	12.634	11.54
Shang	11.856	11.65
MH1	11.084	11.34
NNC	12.345	11.22
Boleriras	11.345	11.54



Same phenomena ≠ data

- Coverage of available samples/populations?
- Morphometric acquisition?
- Evolutionary nature of human crania?
- Analytical methods (e.g. statistical issue)?



Excavation → Curation → Collections → Data → Analyses → Scenarios

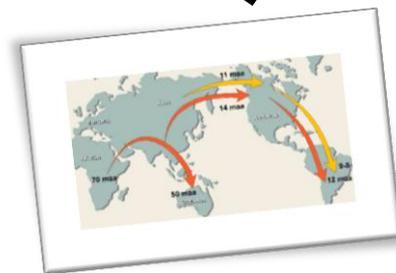
Big picture, small data?

Since seminal work of Greenberg et al., and Neves & Pucciarelli **incredible advances** were achieved on methodological basis but the similar **advances in the available data were not observed.**



Same phenomena ≠ data

- Coverage of available samples/populations?
- Morphometric acquisition?
- Evolutionary nature of human crania?
- Analytical methods (e.g. statistical issue)?



Excavation →

Curation →

Collections →

Data →

Analyses →

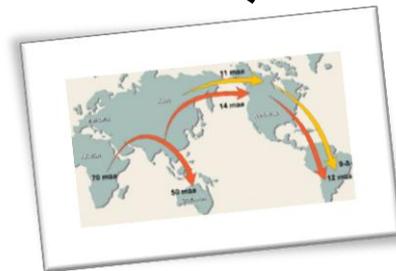
Scenarios

Big picture, small data?

Since seminal work of Greenberg et al., and Neves & Pucciarelli **incredible advances** were achieved on methodological basis but the similar **advances in the available data were not observed.**



ID	KCB	NOI
Santo1	12.322	11.22
Burit 2	11.003	11.34
Wal	12.634	11.54
Shang	11.856	11.65
MH1	11.084	11.34
NNC	12.345	11.22
Boleriras	11.345	11.54



Same phenomena ≠ data

- Coverage of available samples/populations?
- Morphometric acquisition?
- Evolutionary nature of human crania?
- Analytical methods (e.g. statistical issue)?

Excavation →

Curation →

Collections →

Data →

Analyses →

Scenarios

Big picture, small data?

DOES THE AVAILABLE DATA ALLOWS US TO ADDRESS THE QUESTIONS WE ARE INTERESTED AT?

≠ phenomena ≠ data

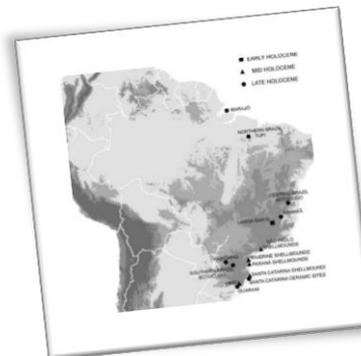
- These databases cover different scales/populations
- There is reduced number of samples in South America in general and in Brazil in particular



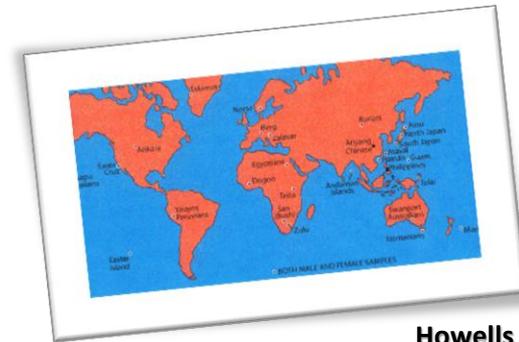
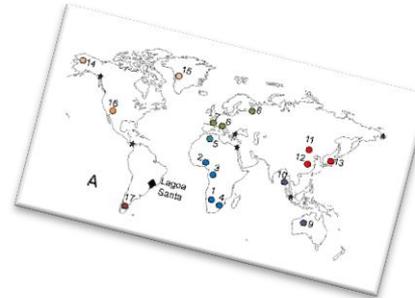
Perez



Pucciarelli



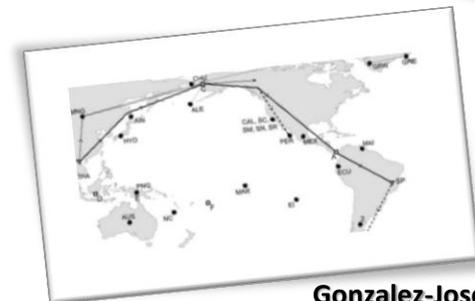
Okumura



Howells



Hanihara



Gonzalez-Jose

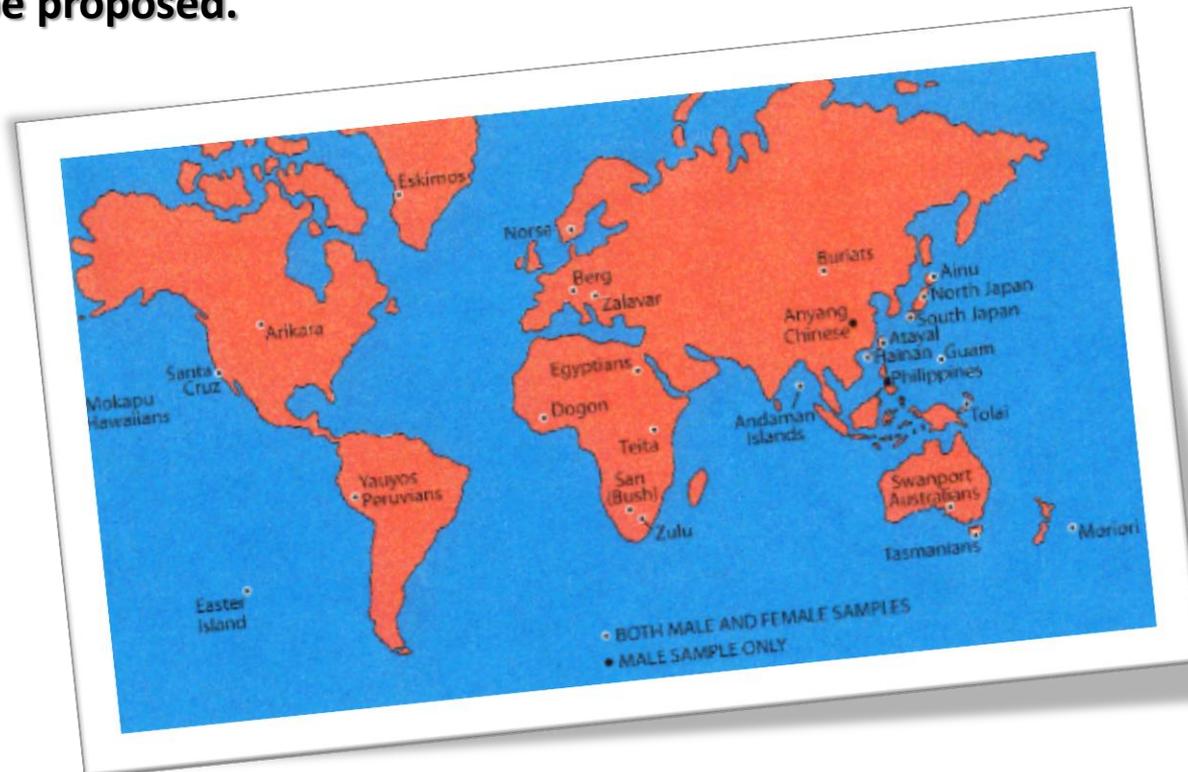
Big picture, small data?

DOES THE AVAILABLE DATA ALLOWS US TO ADDRESS THE QUESTIONS WE ARE INTERESTED AT?

≠ phenomena ≠ data

Exemple of how dependet our conclusions are of the dataset we use:

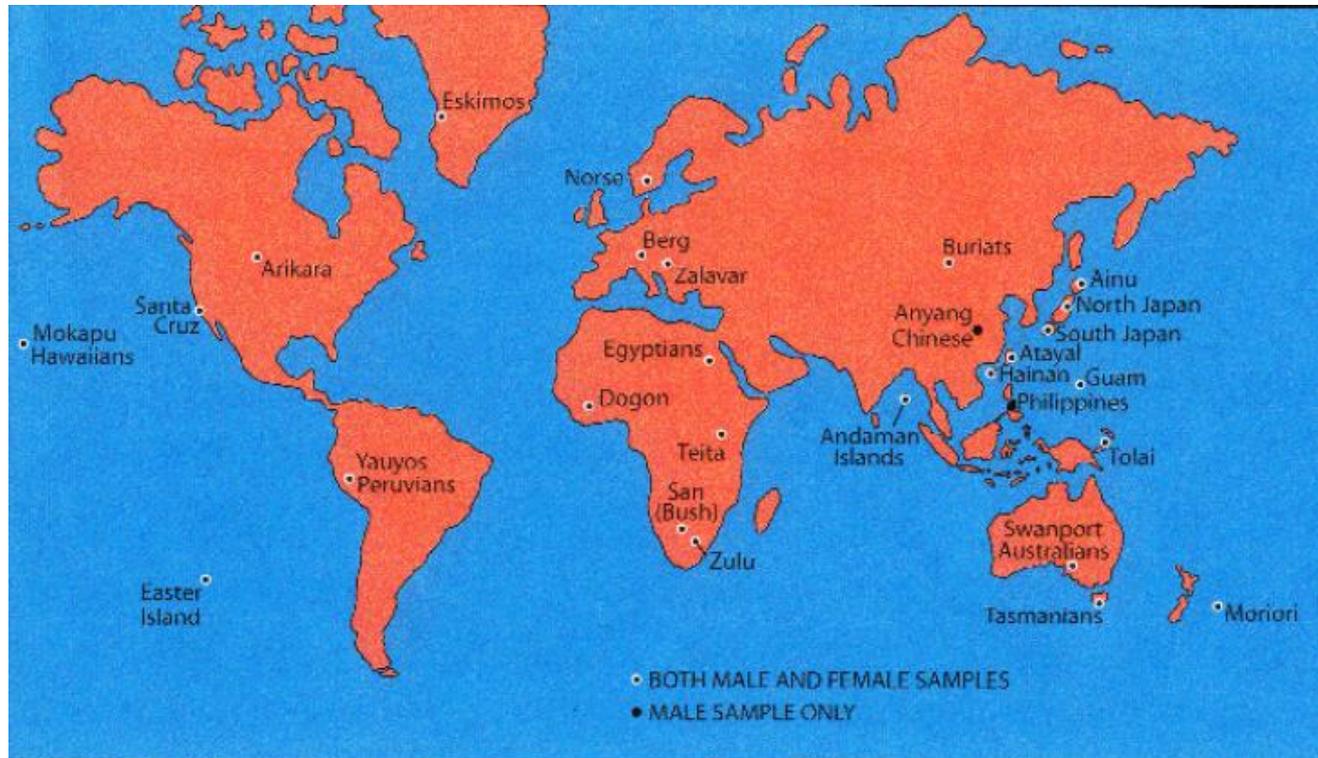
- If, by chance, Howells had measured the Botocudos instead of the Peruvians, the opposite model would be proposed.



Big picture, small data

Howells database

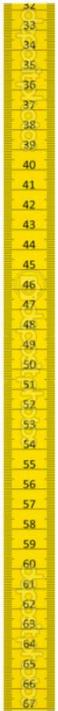
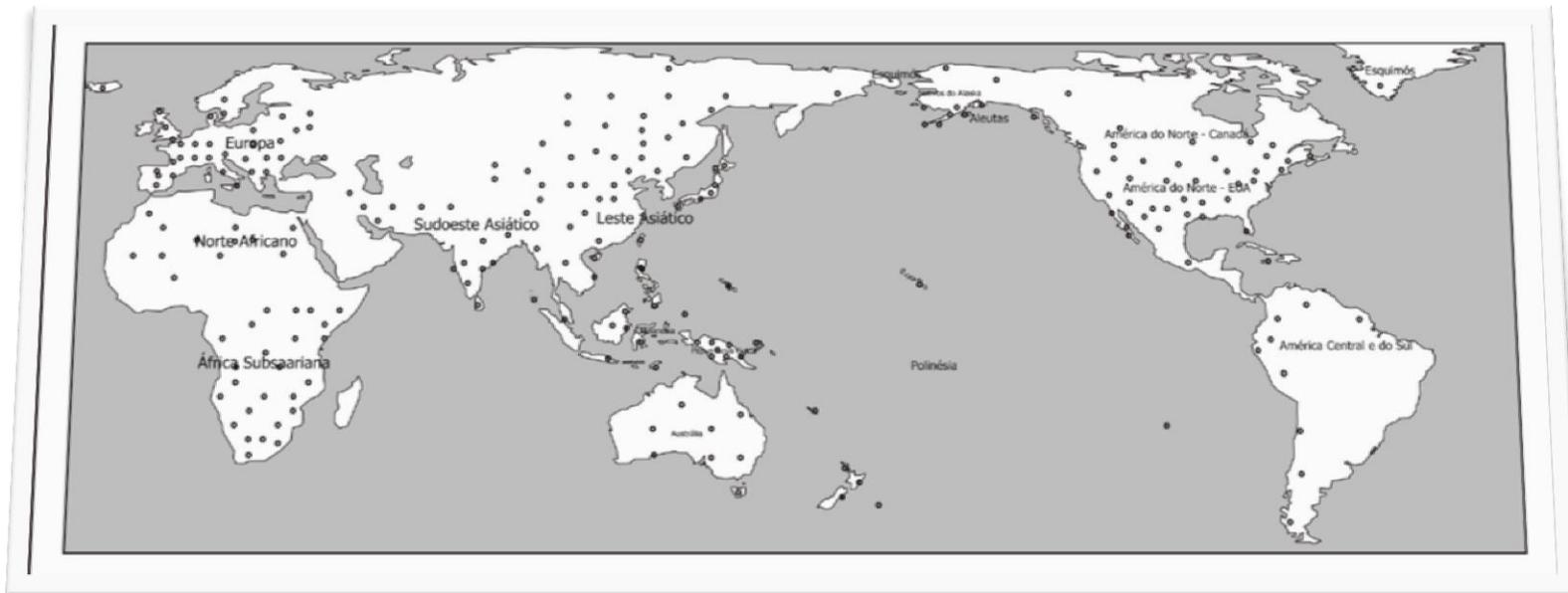
- Linear measurements



Big picture, small data

Hanihara database

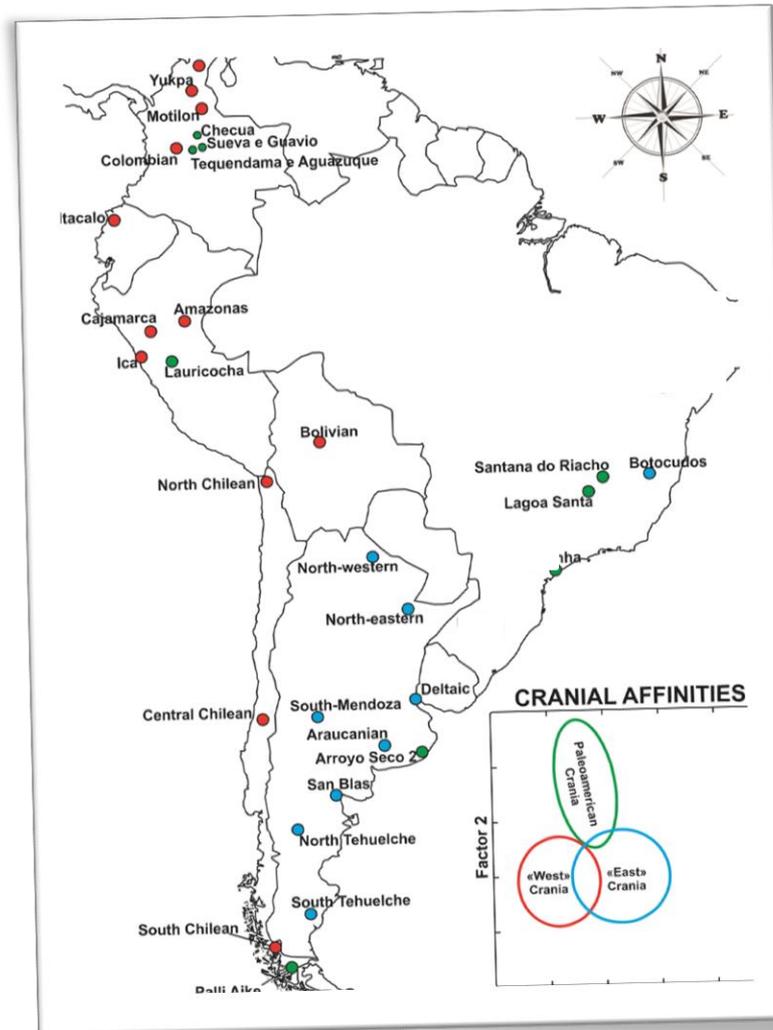
- Linear measurements



Big picture, small data

Pucciarelli database

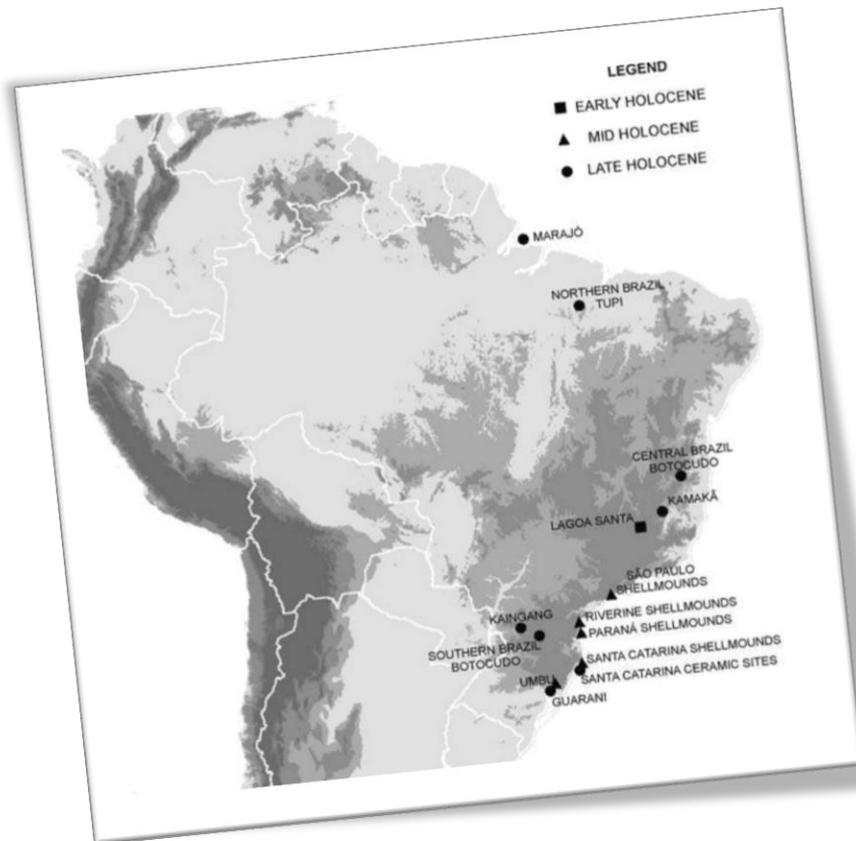
- Linear measurements



Big picture, small data

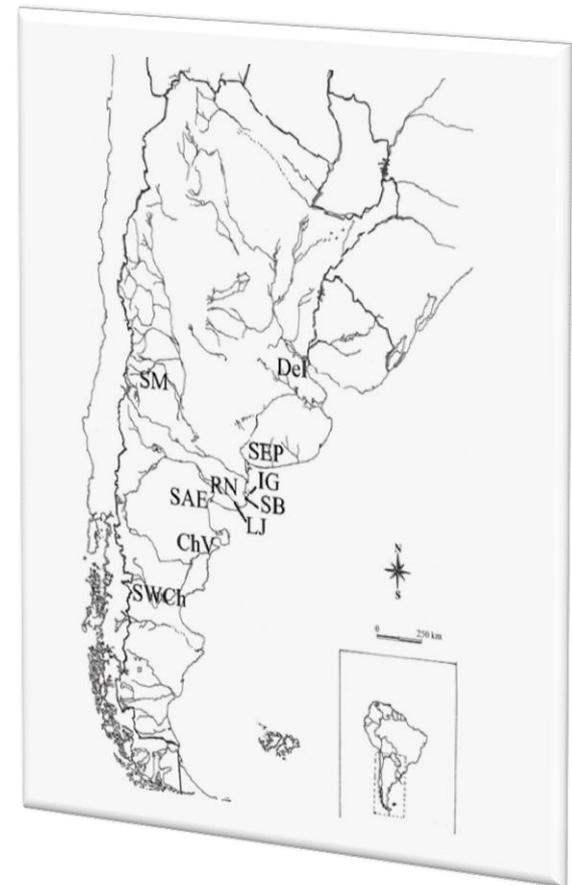
Okomura database

- Linear measurements (Howells)



Perez database

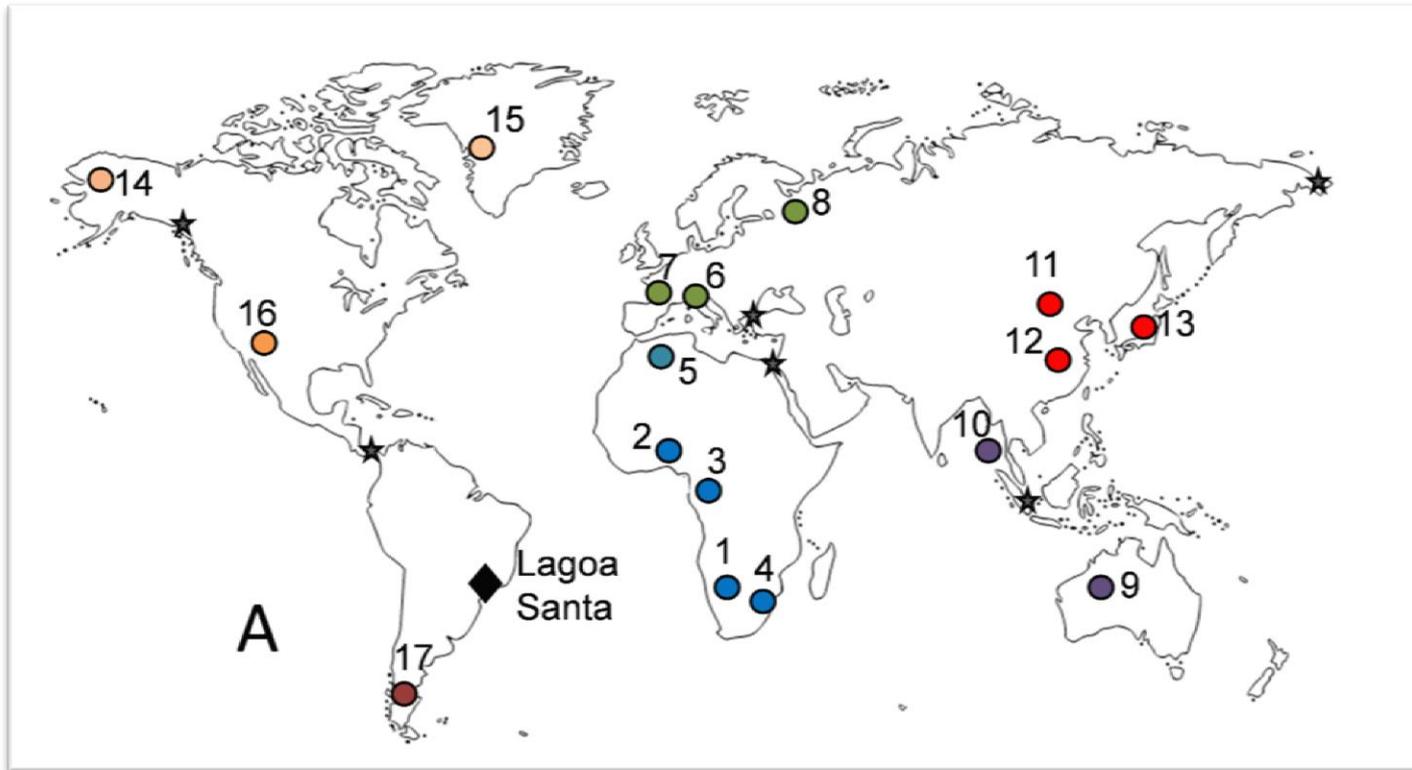
- 2D landmarks from pictures



Big picture, small data

Von Cramon-Taubadel database

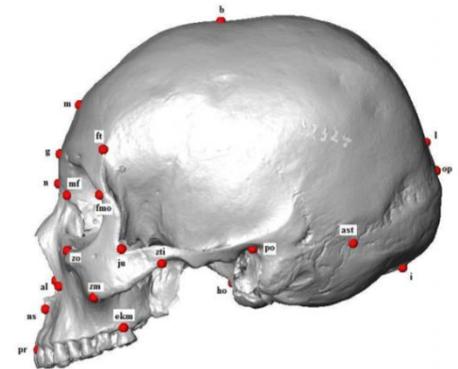
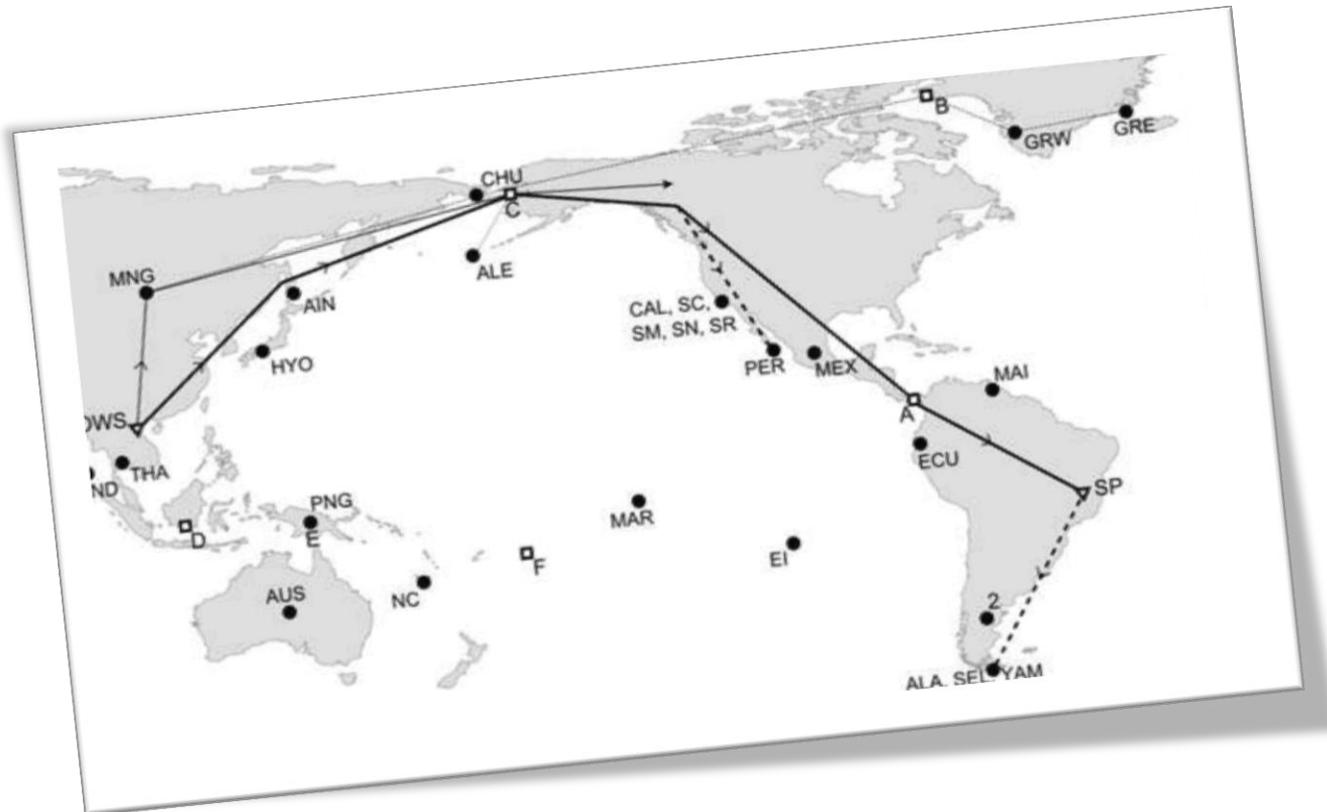
- 3D landmarks (points and curves) with microscribe



Big picture, small data

Galland database

- 3D landmarks over surface scans



Getting bigger

Why we do not have big data available for Brazil?

**LACK OF MATERIAL FROM
RELEVANT LOCATIONS.**

**MORPHOMETRICS STILL
OPERATES IN A NON-
CUMULATIVE PARADIGM.**

Getting bigger: skeletons in the tropics

The available data in Brazil

**EXHAUSTIVE SURVEY OF
EARLY HOLOCENE
SKELETONS IN BRAZIL**

Getting bigger: skeletons in the tropics

The available data in Brazil

- **Two localities with skeletons directly dated to early Holocene.**
 - Lagoa Santa has hundreds of skeletons.
 - Capelinha is a single skeleton.



Getting bigger: skeletons in the tropics

The available data in Brazil

- **Two localities with skeletons directly dated to early Holocene.**

- Lagoa Santa has hundreds of skeletons.
- Capelinha is a single skeleton.

Area of Brazil:

8.516 million km²

Density: 1 site/4,258km²

Brazil encompass 48% of SA
Brazil encompass 20% of NW
Ample **ecological variation**



Getting bigger: skeletons in the tropics

DOES THE AVAILABLE DATA ALLOWS US TO ADDRESS THE QUESTIONS WE ARE INTERESTED AT?



Getting bigger: skeletons in the tropics

DOES THE AVAILABLE DATA ALLOWS US TO ADDRESS THE QUESTIONS WE ARE INTERESTED AT?



Getting bigger: skeletons in the tropics

DOES THE AVAILABLE DATA ALLOWS US TO ADDRESS THE QUESTIONS WE ARE INTERESTED AT?

Fatalistic perspective:

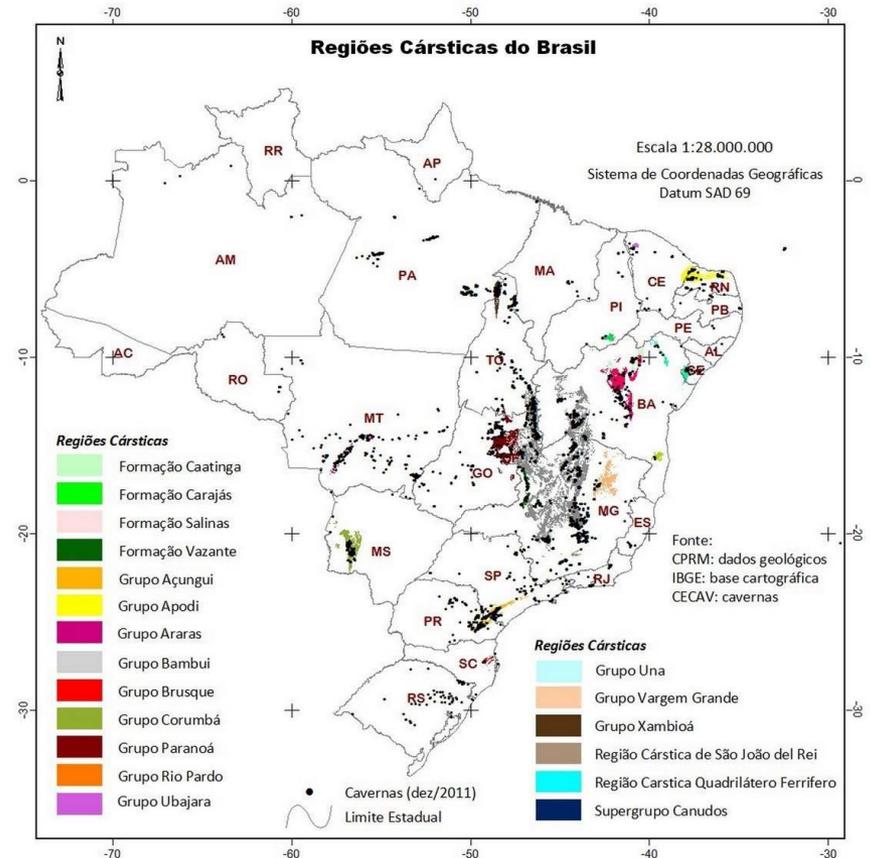
- 'Tropical' settings decompose bones.
- As archaeologist we have to work with this intrinsic limitations.



Getting bigger: skeletons in the tropics

The great potential of ancient skeletons in Brazil

- Vast areas with limestone outcrops (4% of the Brazilian territory, ca. 350,000 km²).
 - Thousands of caves and rockshelters.
- Vast areas with semi-desertic/savannah like climate.
 - E.g. Buritizeiros and Justino
- Fluvial shell-middens allows preservation
 - Early Holocene; not underwater, not limited to the coast
 - (e.g. Guapore in Acre -> Eduardo Neves)



Getting bigger: skeletons in the tropics

The potential data in Brazil: ongoing projects

- Xingo (Excavation ongoing: dating collections)
- PAINS (Excavation ongoing: 9.5 cal kyBP)
- Serranópolis (Survey)
- Fluvial shell-middens in São Paulo (Museum)
- Coastal shell-middens in Espírito Santo (Excavation X. Villagran)
- Serra Capivara (Excavation ongoing, no collagen so far).
- Lapa do Santo in Lagoa Santa (Excavation: 9.5 cal kyBP)
- Fluvial terrace Buritizeiros presented 40 skeletons (A.Prous, 6.0 cal kyBP)
- Fluvial shell-midden in Amazonia! (Eduardo Neves)



Xingo



Buritizeiros

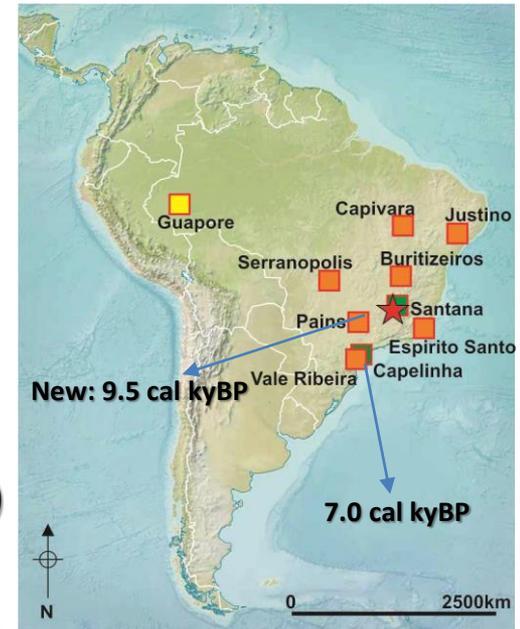


Vale do Ribeira
(Capelinha)

Getting bigger: skeletons in the tropics

The potential data in Brazil: ongoing projects

- Xingo (Excavation ongoing: dating collections)
- PAINS (Excavation ongoing: 9.5 cal kyBP)
- Serranópolis (Survey)
- Fluvial shell-middens in São Paulo (Museum)
- Coastal shell-middens in Espírito Santo (Excavation X. Villagran)
- Serra Capivara (Excavation ongoing, no collagen so far).
- Lapa do Santo in Lagoa Santa (Excavation: 9.5 cal kyBP)
- Fluvial terrace Buritizeiros presented 40 skeletons (A.Prous, 6.0 cal kyBP)
- Fluvial shell-midden in Amazonia! (Eduardo Neves)



Xingo



Buritizeiros

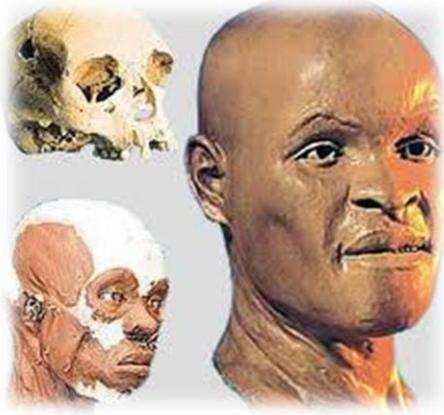
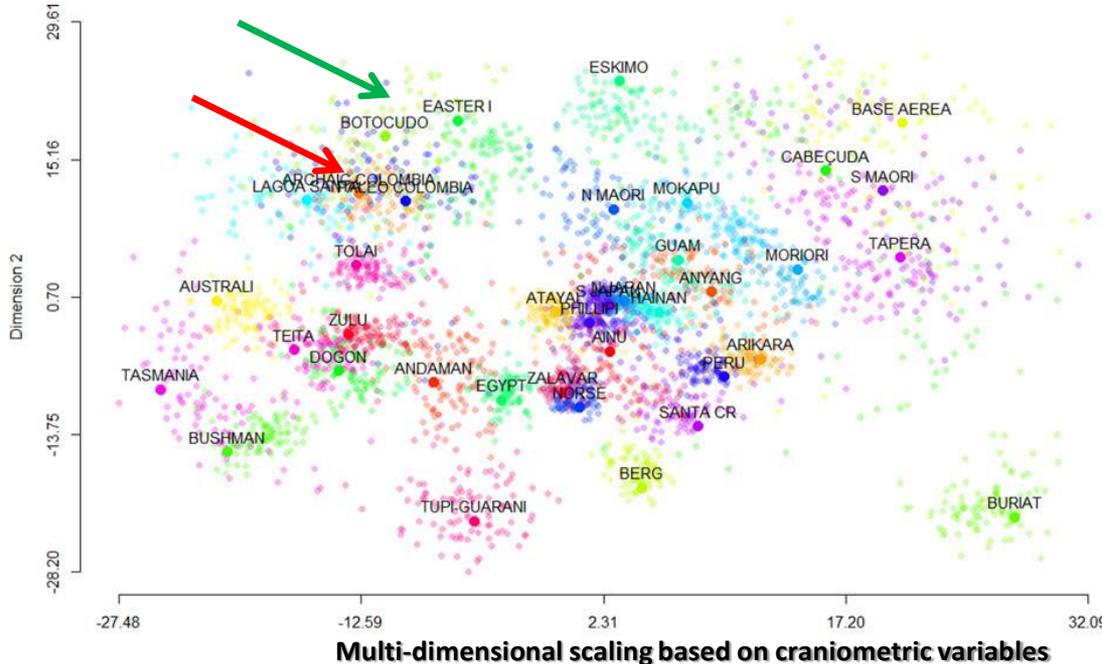


Vale do Ribeira
(Capelinha)

The “cranial argument” for the settlement of the New World

1. The “Two Main Biological Component Model” (Paleoamericans vs Amerindians)

- Early Americans crania had a different cranial morphology.
- High morphological variation in the last continent to be settled.
- The recent **Pericues, Fueguians, Botocudos** are late survival of the first population.

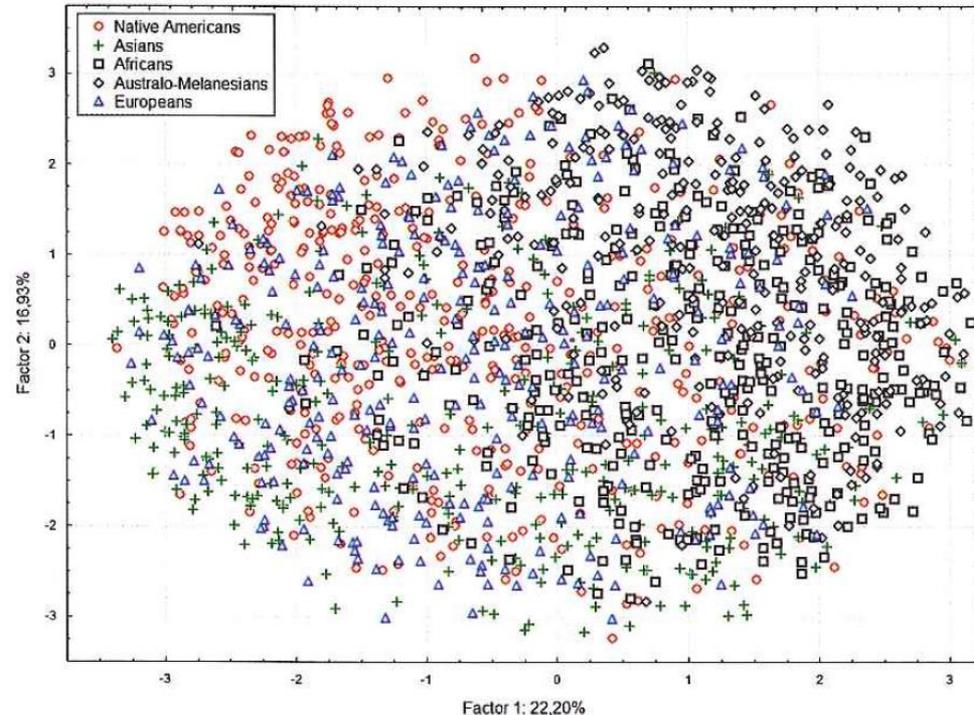


Facial reconstruction by Richard Neave of Luzia

Cranial morphology as proxy for ancestry?

The nature of the data at hand: small differences, great variation.

- Only ca. 15% of total variance is between groups.
- Great overlap between individuals of very distant populations.
- Analysis must rely on average obtained from populations.



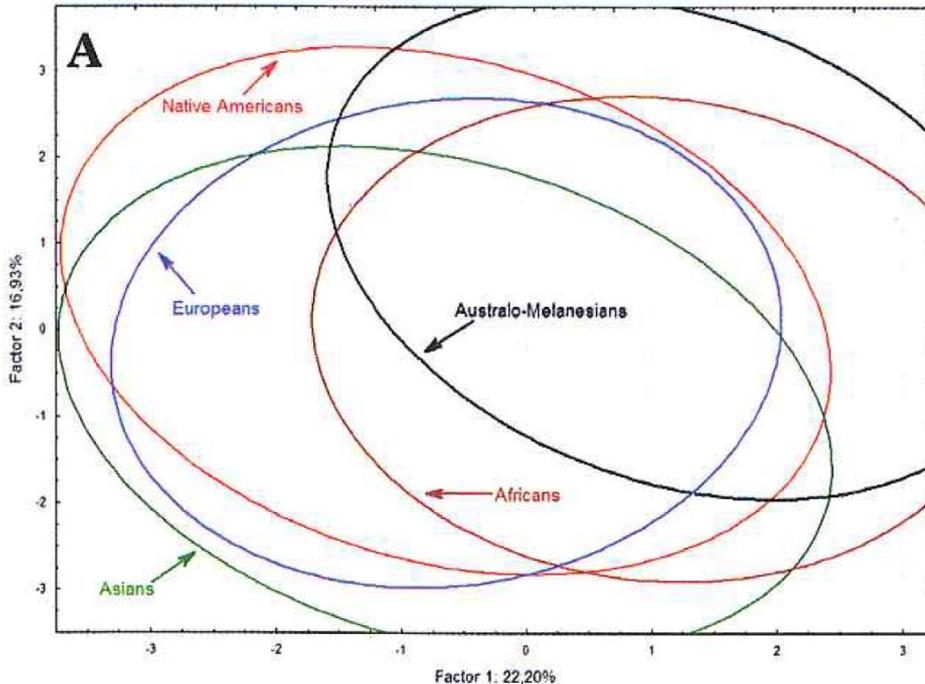
Principal component based on worldwide series from Howells database

	DNA	Morphology
Fst	~0.15	~0.15
Dissimilarity Fraction	0.00	0.3

Cranial morphology as proxy for ancestry?

The nature of the data at hand: small differences, great variation.

- Only ca. 15% of total variance is between groups.
- Great overlap between individuals of very distant populations
- Analysis must rely on average obtained from populations.



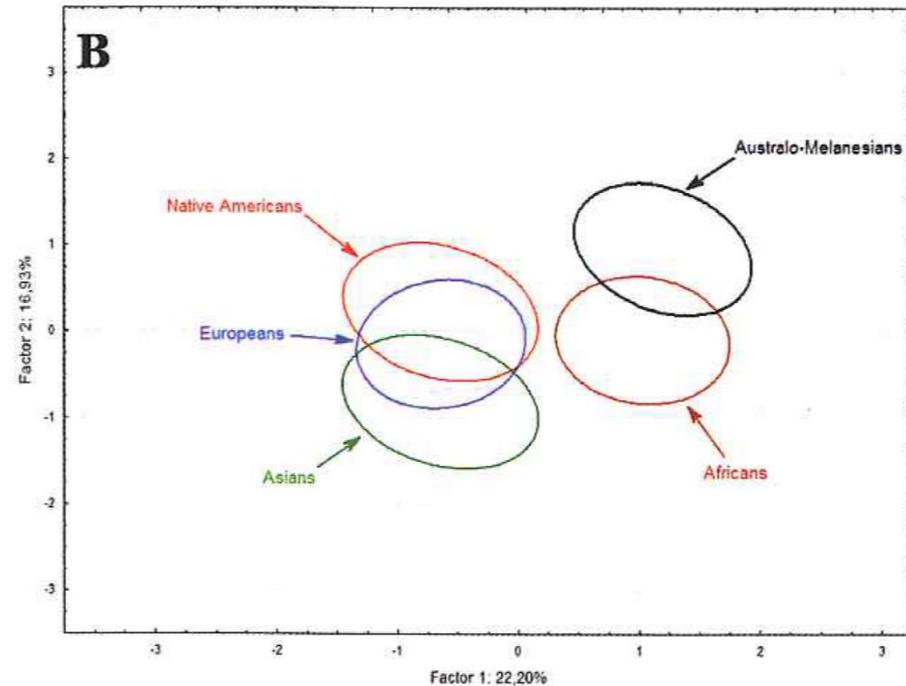
	DNA	Morphology
Fst	~0.15	~0.15
Dissimilarity Fraction	0.00	0.3

Principal component based on worldwide series from Howells database
(95% confidence intervals)

Cranial morphology as proxy for ancestry?

The nature of the data at hand: small differences, great variation.

- Only ca. 15% of total variance is between groups.
- Great overlap between individuals of very distant populations
- Analysis must rely on average obtained from populations.

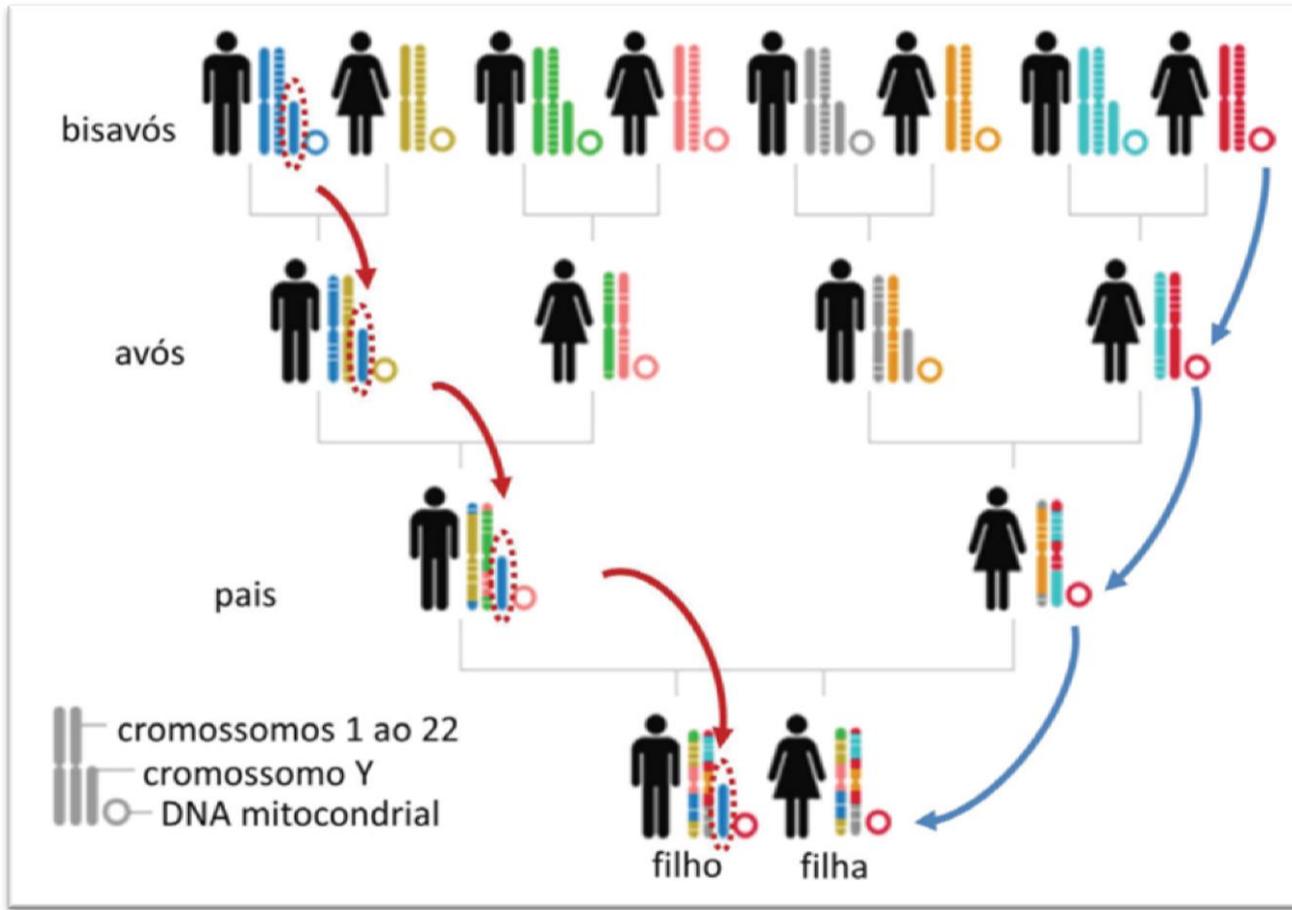


	DNA	Morphology
Fst	~0.15	~0.15
Dissimilarity Fraction	0.00	0.3

Principal component based on worldwide series from Howells database
(25% confidence intervals)

Genética

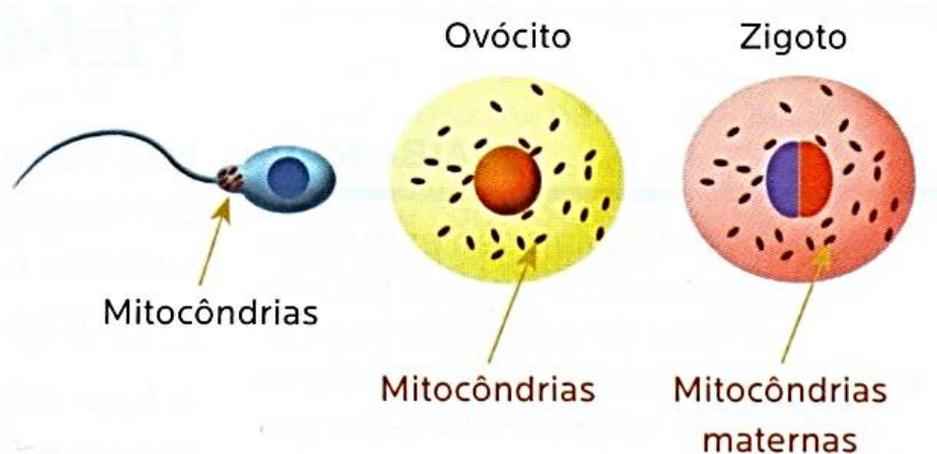
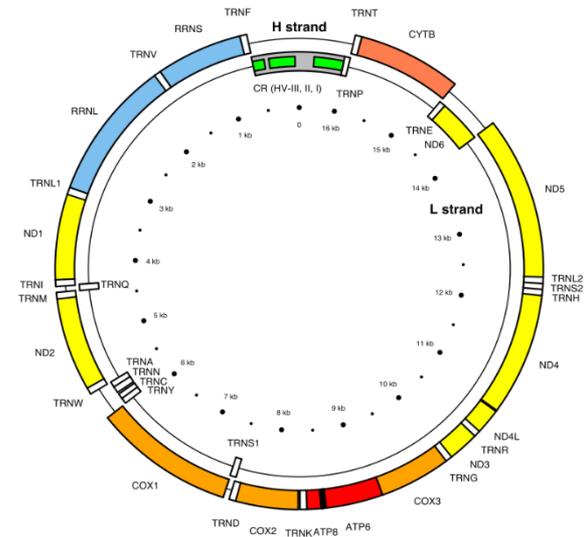
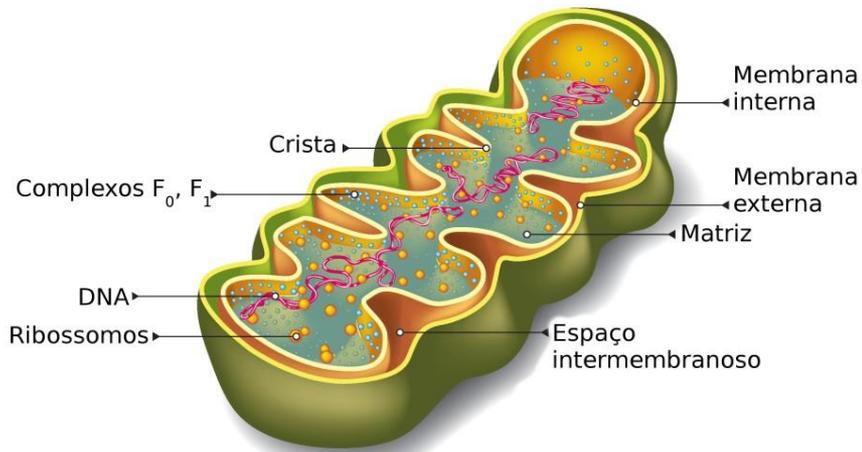
Marcadores Genéticos



Genética

mtDNA

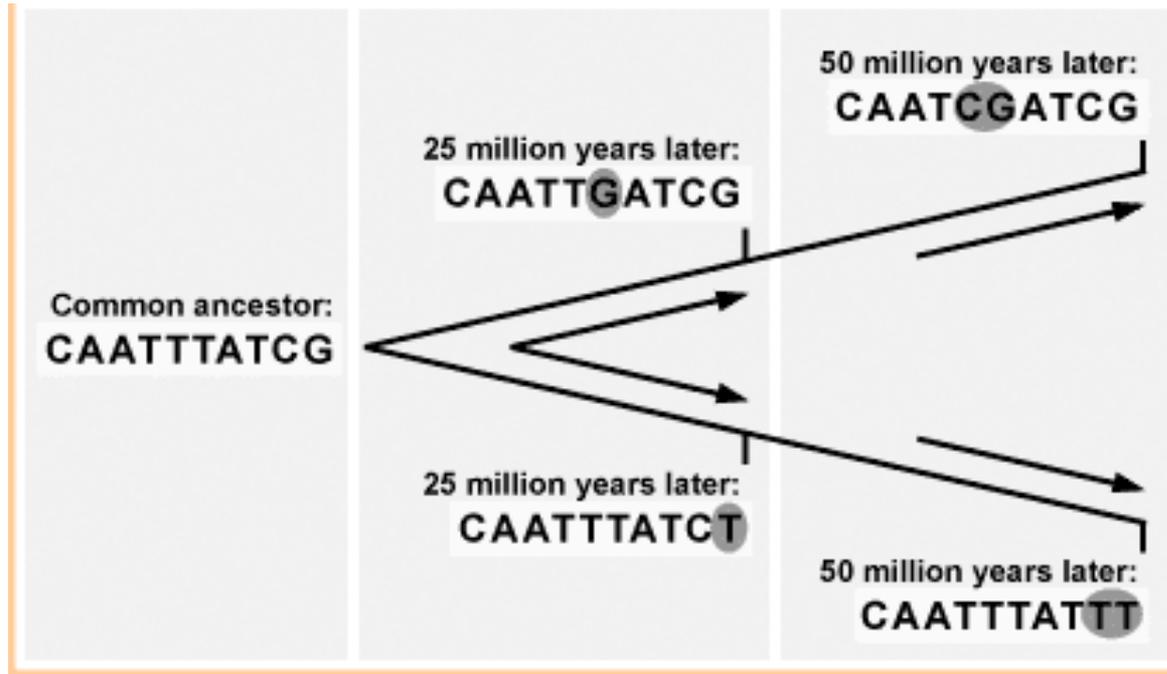
- DNA mitocondrial: herança materna, alta taxa de mutação, alto número por célula, não-recombinante.
- Natureza haploide e uni-parental torna mais susceptível a deriva e extinção por efeito fundador.
- Inicialmente classificados a partir de 'restriction fragment length polymorphism' (RFLP)
- Atualmente é relativamente barato e simples obter o mitogenoma completo



Genética

O relógio molecular

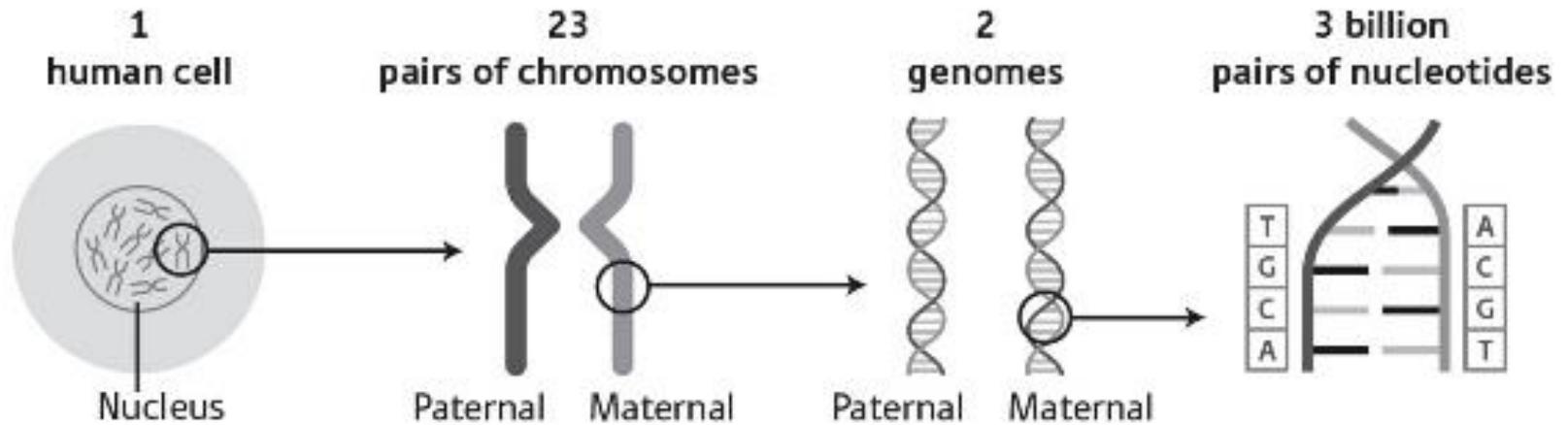
- Taxa de mutação, duração geracional, mistura



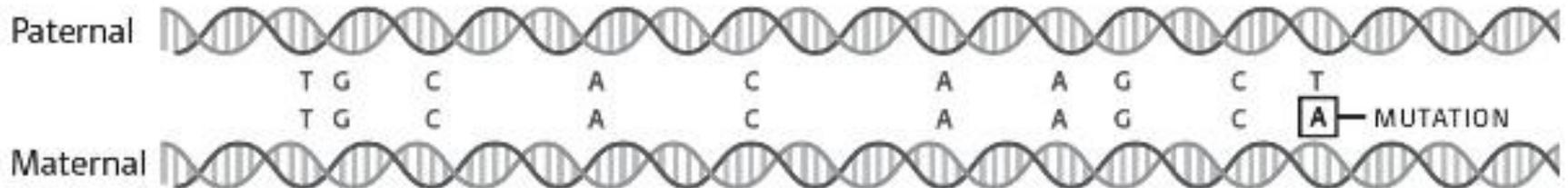
Local de Origem = maior variabilidade

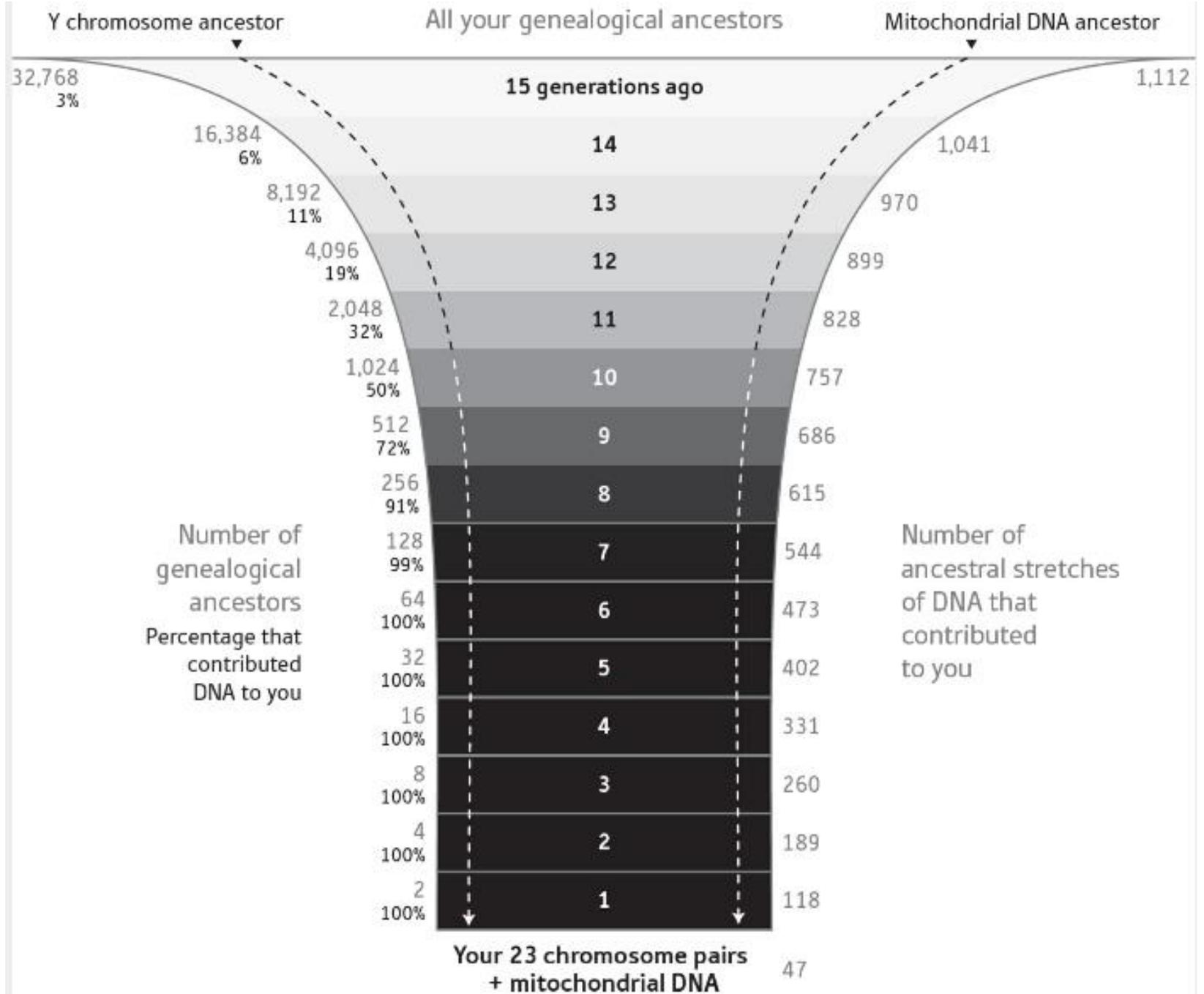
Genética

The genome can be understood as a sequence of letters.



Differences in those sequences are caused by mutations.



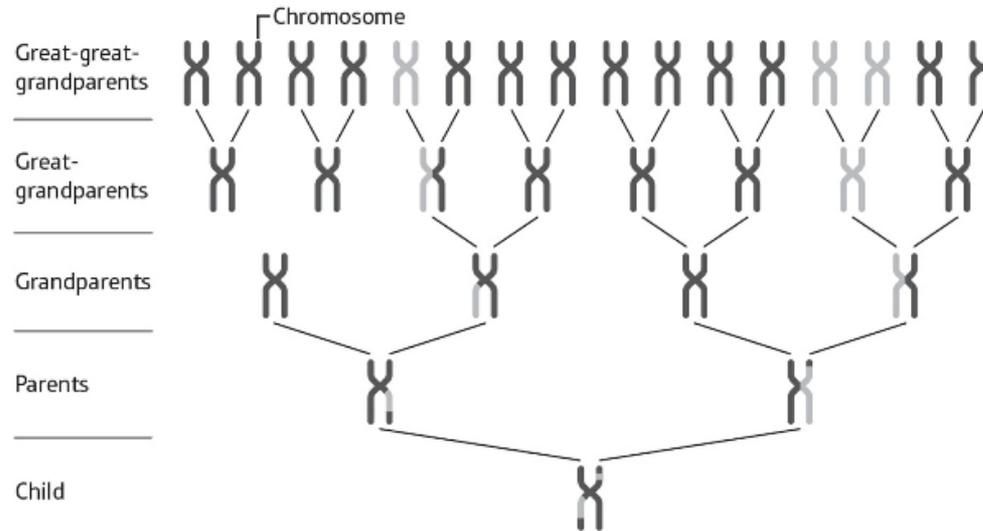


Genética

Diferentes tipos de herança

- Autossomos, Y e mt

The chopping up of chromosomes every generation ...



... provides a clock for dating mixture events.

Neanderthal DNA for chromosome 12



DNA from a Romanian individual 200–100 years after mixture



DNA from a Siberian individual 8,000–5,000 years after mixture



DNA from a present-day Chinese person 54,000–49,000 years after mixture



Arqueogenética

Arqueogenética

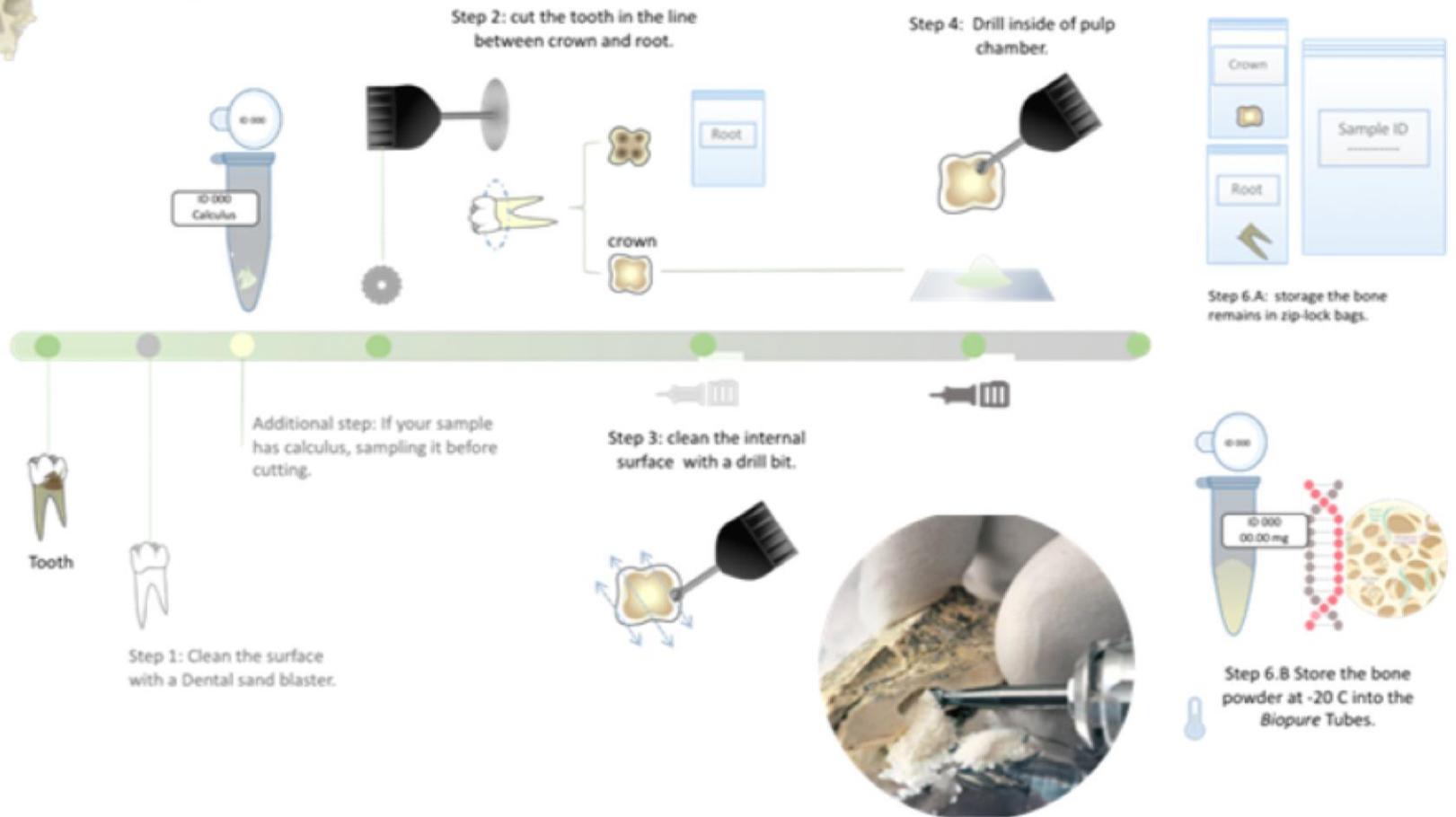


Arqueogenética

Arqueogenética



Sample preparation



DNA antigo

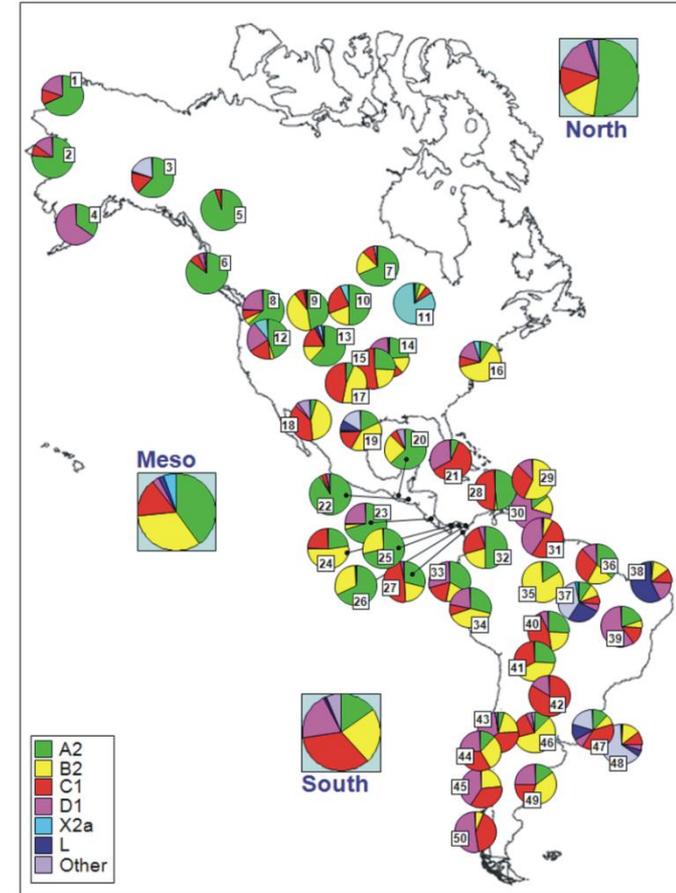
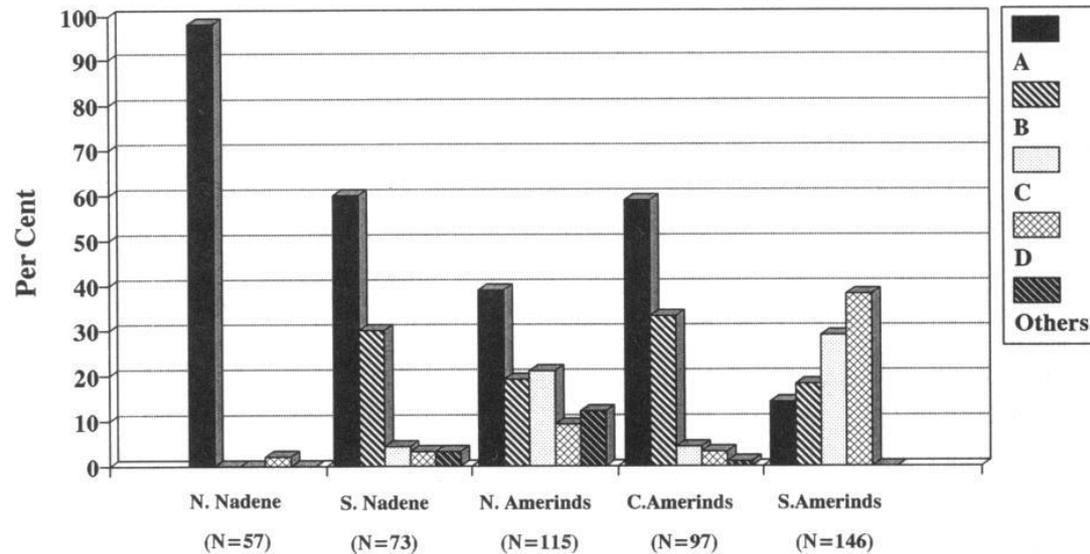
DNA antigo revolucionou o estudo do Antropoceno

- **Gênero e identidade:** Guerreiros Viking eram mulheres
- **Mistura ancestral:** Presença de DNA Neanderthal em humanos
- **Origem geográfica:** Luzia não veio da Oceânia, origem da agricultura
- **Hábitos alimentares:** DNA do cálculo dentário
- **Plantas medicinais:** Neandertais usavam!
- **Fenótipo:** Pela clara é uma novidade adaptativa recente na Europa
- **Função:** Capacidade de digerir leite, gene da linguagem (FOXP2)
- **Organização social:** Patri versus matrilocidade
- **Seleção natural:** Quando tem início?
- **Cronologia:** Povoamento da América entre 25 e 18 mil anos atrás
- **Patologias:** Causa de morte, agente da peste Azteca, origem tuberculose
- **Gênomas botânicos:** Amazônia antrópica, manejo milenar de araucárias

America

American mtDNA

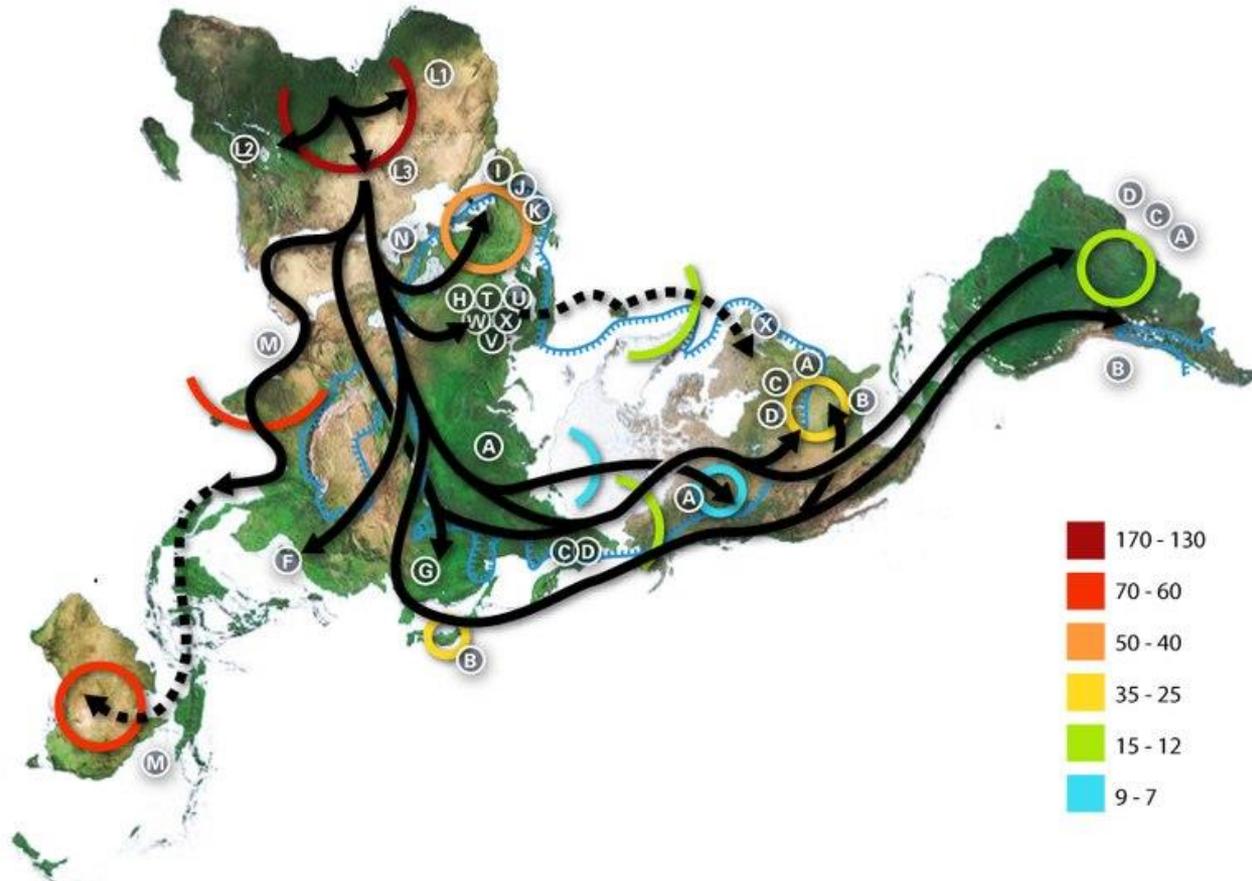
- Haplogrupos: A2, B2, C1b, C1c, C1d, D1 (95%), X2a, D2, D3, C4 e D4h3 (5%)
 - Desde Wallace 1985
- Marcadores uni-parentais apontam para baixa diversidade e ancestralidade comum.
- Semelhança com grupos do leste asiático – origem geográfica?
- Baixa diversidade indica população inicial pequena.



America

American mtDNA

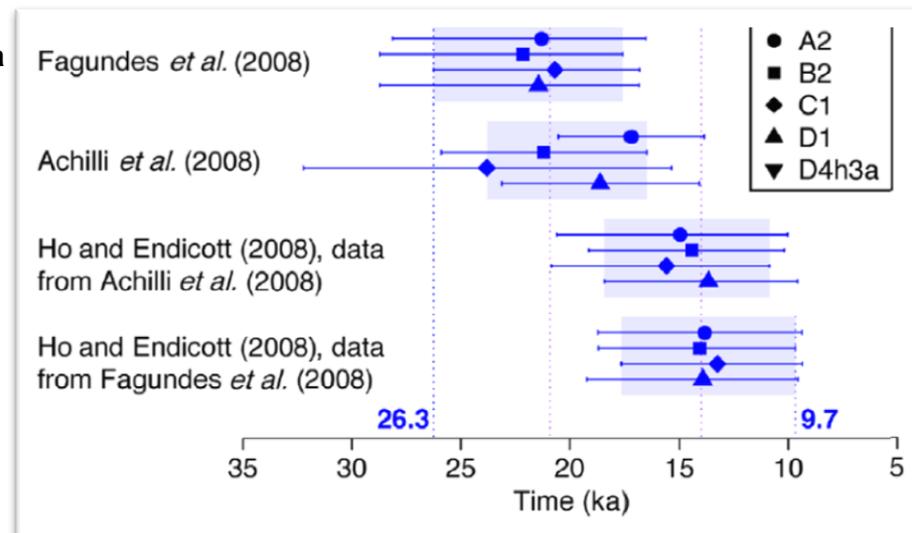
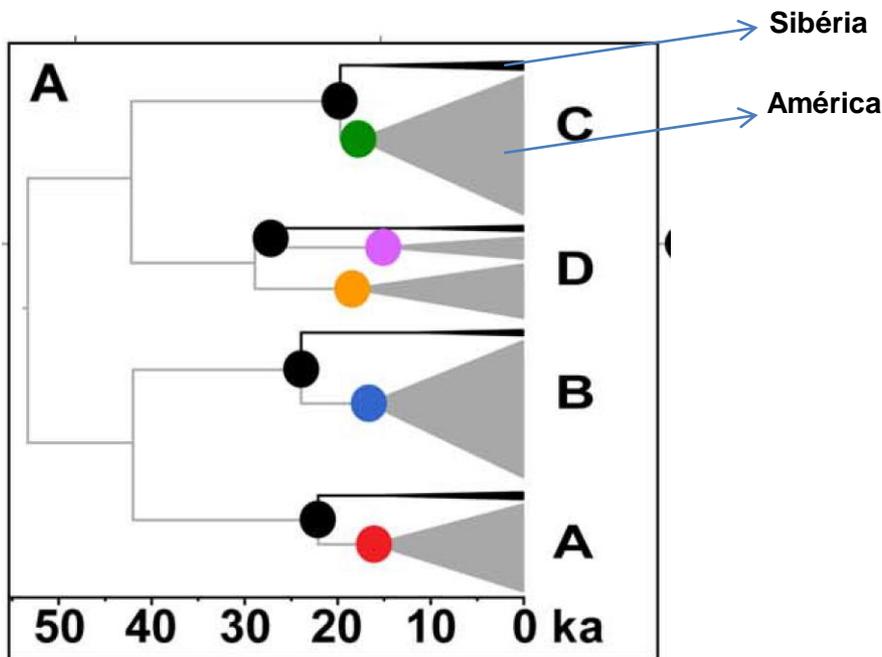
- Filogeografia do Haplogrupo A2
- Frequencia mais elevada na América do Norte, tipico em grupos Inuit e Na-Dene
- Frequencia elevada na região de Kamchatka (Nordeste Asiatico) entre Chukchis (Sibéria)
- Comum em baixa frequencia por diversas regiões da Ásia



America

American mtDNA

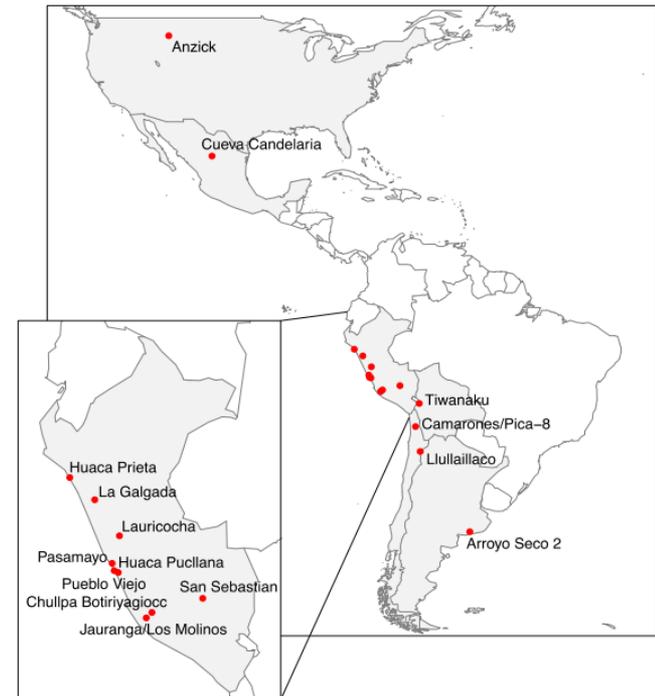
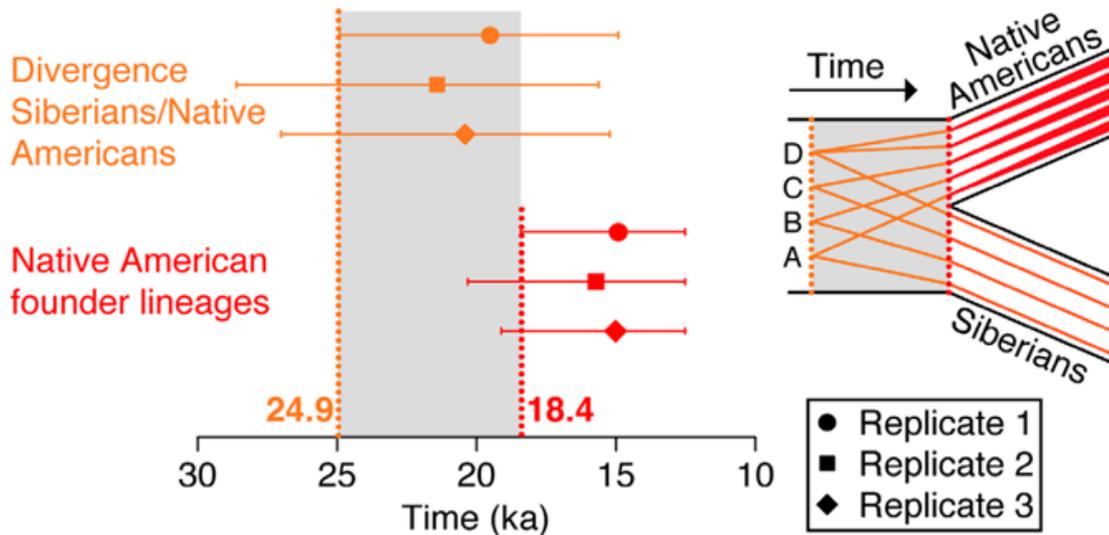
- Haplogrupos: A2, B2, C1b, C1c, C1d, D1
- Marcadores uni-parentais apontam para baixa diversidade e ancestralidade comum.
- Evento único de migração teria dado origem a maior parte das populações atuais.
- Variáveis raras: **D4h3a** ao longo da costa pacífica (Norte e Sul) e **X2a** no noroeste da América do Norte.
 - Migrações específicas em menos de 2000 anos (Perego et al., 2009).
- Rápida expansão da população fundadora com pouco fluxo gênico após assentamento inicial.
- Relógio molecular: 26,300 até 9,700 cal. AP (baixa diversidade e ausência de pontos de calibração)
- E o impacto do genocídio pós invasão europeia?



America

American mtDNA

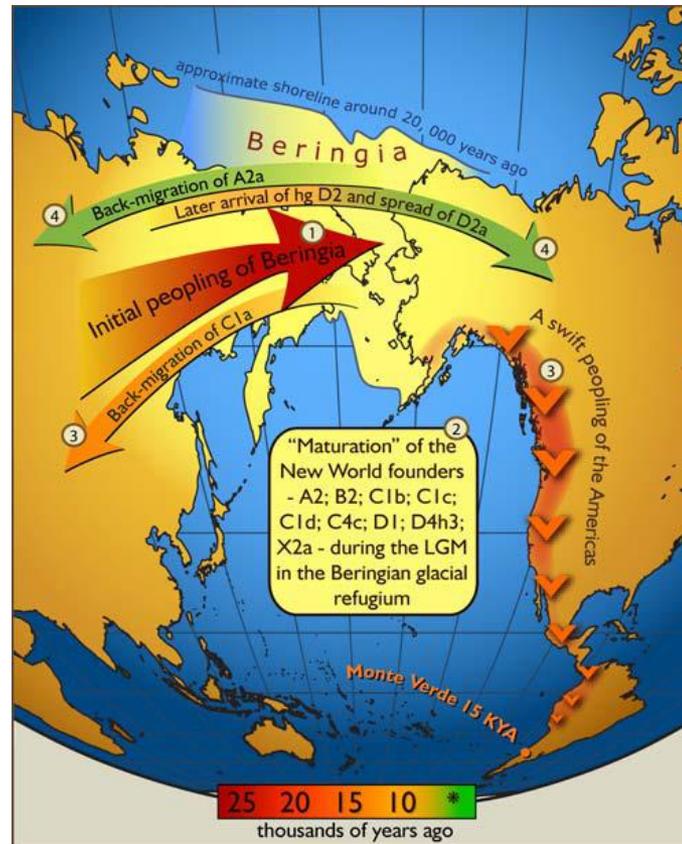
- 92 mitogenomas pré-coloniais. Cobertura média: 112x
- Classificados em 84 haplotipos distintos, nenhum dos quais existe hoje.
- Idade sincrônica para o ancestral comum mais recente de todos haplogrupos (A2, B2, C1, D1 e D4h3a)
 - Compatível com que todos fizessem parte de uma mesma população fundadora.
- Separação da população siberiana durante o LGM: 24.9-18.4 mil AP.
- Início da diversificação das linhagens nativas da América: 18



America

American mtDNA

- Haplogrupos: A2, B2, C1b, C1c, C1d, D1 (95%), X2a, D2a, D3, C4c e D4h3 (5%)
 - Marcadores uni-parentais apontam para baixa diversidade e ancestralidade comum.
 - Semelhança com grupos do leste asiático – origem geográfica?.
 - Baixa diversidade indica população inicial pequena.
-
- D3 e D2a ocorrem apenas no norte da América do Norte, apenas em Inuit, Aleuta e Na-Dené
 - E também na Sibéria - > Esses grupos teriam origem (pelo menos em parte) diversa dos ‘Primeiros Americanos’



America

American mtDNA

- Aplicado a sub-haplogrupos específicos da América do Sul: **14,0-14,6 ky BP**.
 - **A2y, B2b6, B2b11, B2ab, A2z e B2b3**

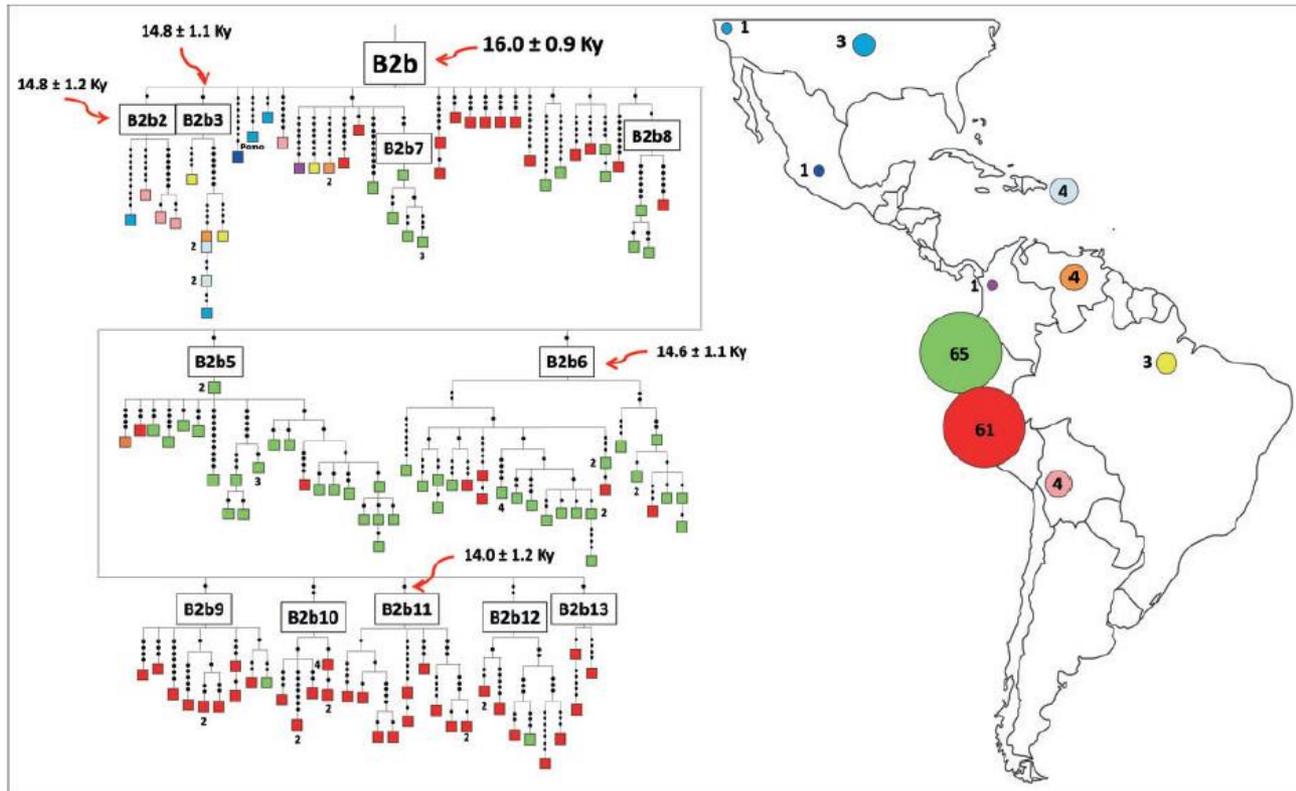
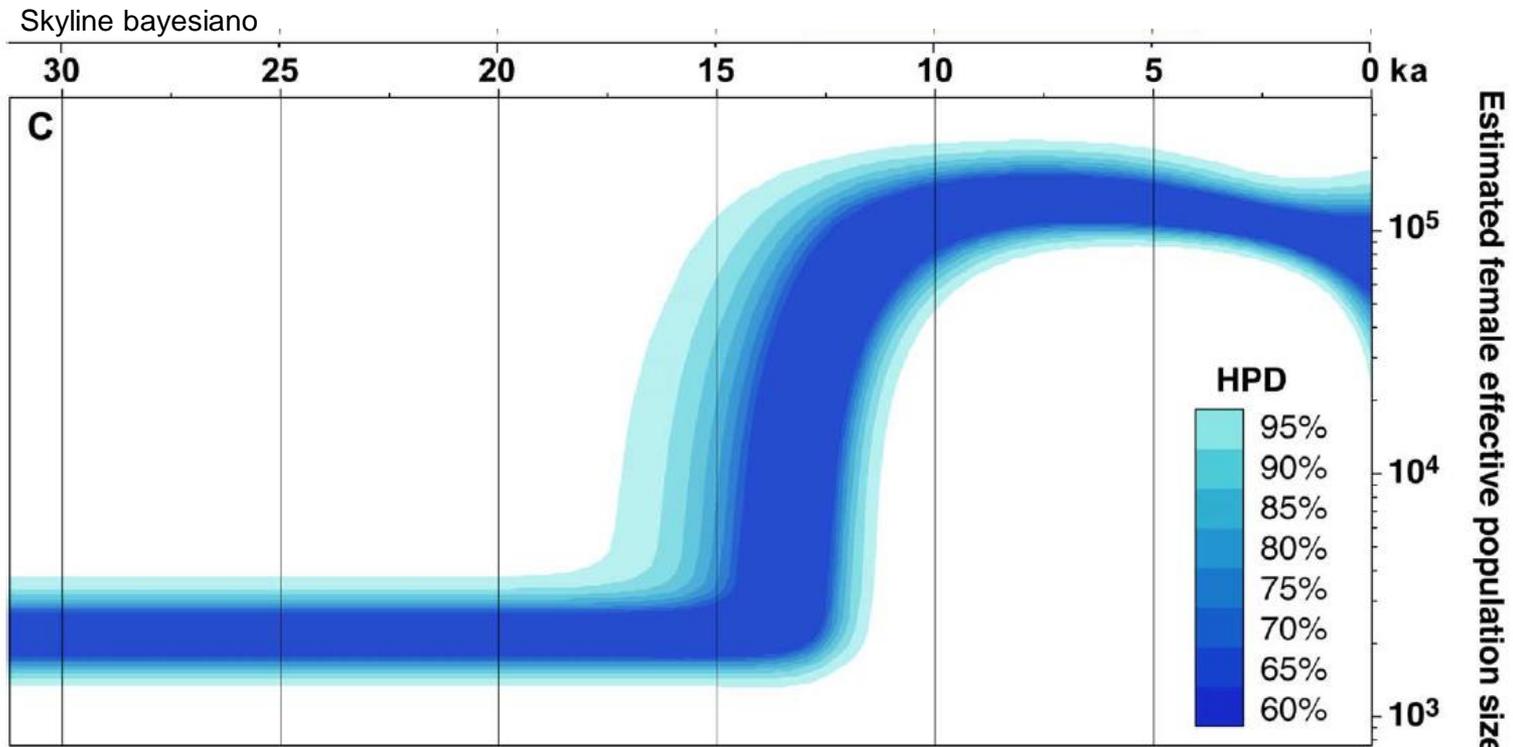


FIG. 3. Phylogenetic relationships and geographical distributions of B2b modern mitochondrial genomes. Each color corresponds to a country, thus colors of mitochondrial genomes (squares) in the schematic tree correspond to their (maternal) geographical origin. In the tree, each square corresponds to one mitochondrial genome unless otherwise indicated by the number close or below the square. Each black dot on a branch indicates a mutation. In the map, the number of mitochondrial genomes is shown per country and the sizes of circles are proportional (except for Ecuador and Peru) to the numbers of mitochondrial genomes.

America

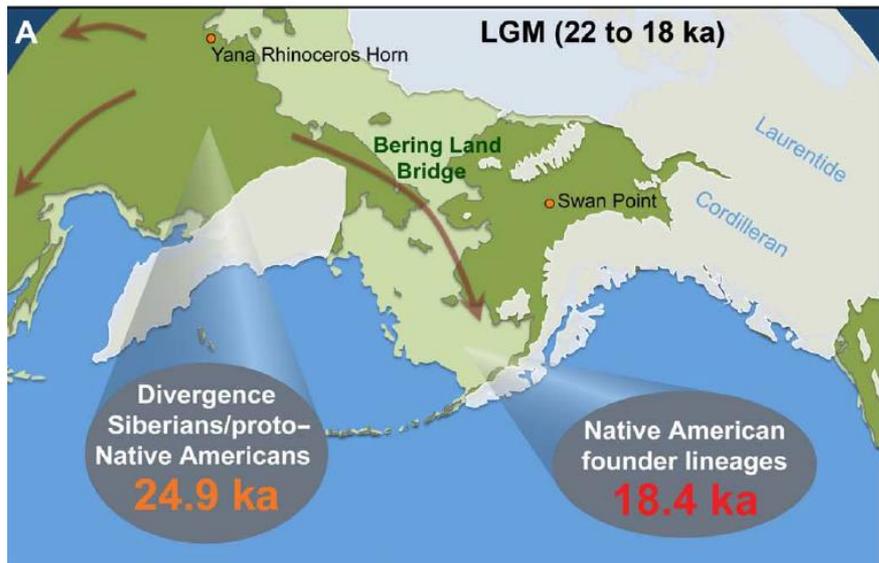
American mtDNA

- Entre 16-13 mil AP observa-se diversificação genética
- Aumento de 60 vezes no tamanho populacional, possivelmente decorrente da chegada à América onde havia terrenos ecologicamente favoráveis para a vida humana.
- A data de 16 mil anos para o início da expansão demográfica antecede a formação dos corredores livre de gelo (11.5-11.0) e portanto favorece uma chegada pela costa, com rápida expansão até Monte Verde (14.6 mil AP)
- A 'paradinha' na Beríngia – entre 2,4 e 9 mil anos



America

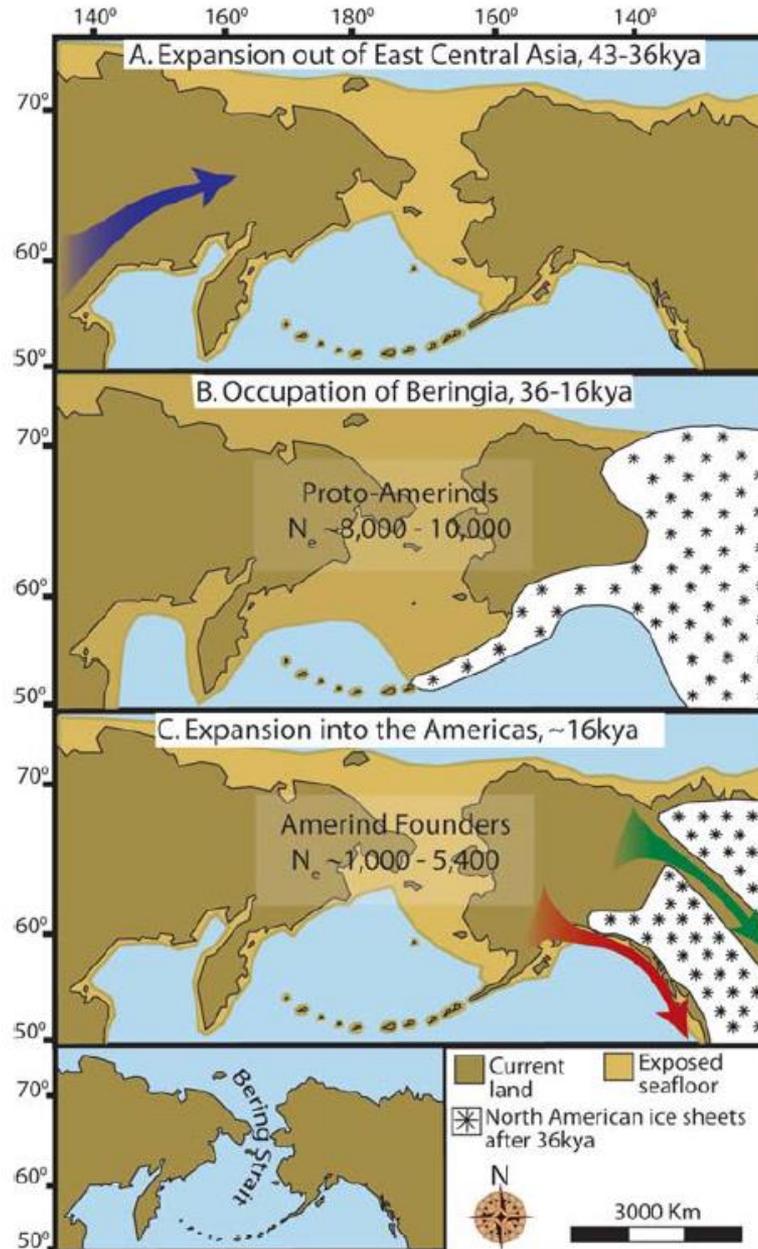
American mtDNA



America

A Parada na Beríngia

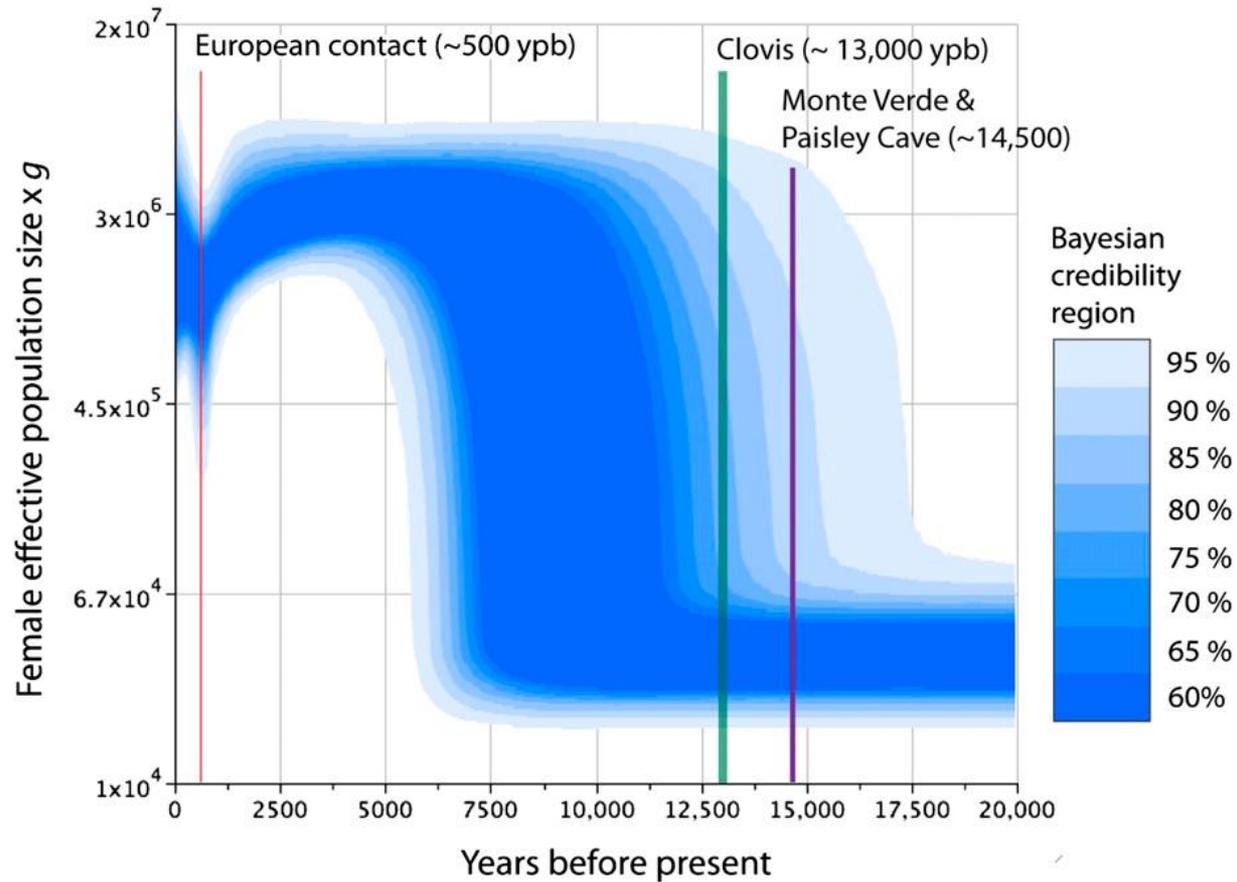
- Skyline Bayesian plot



America

American mtDNA

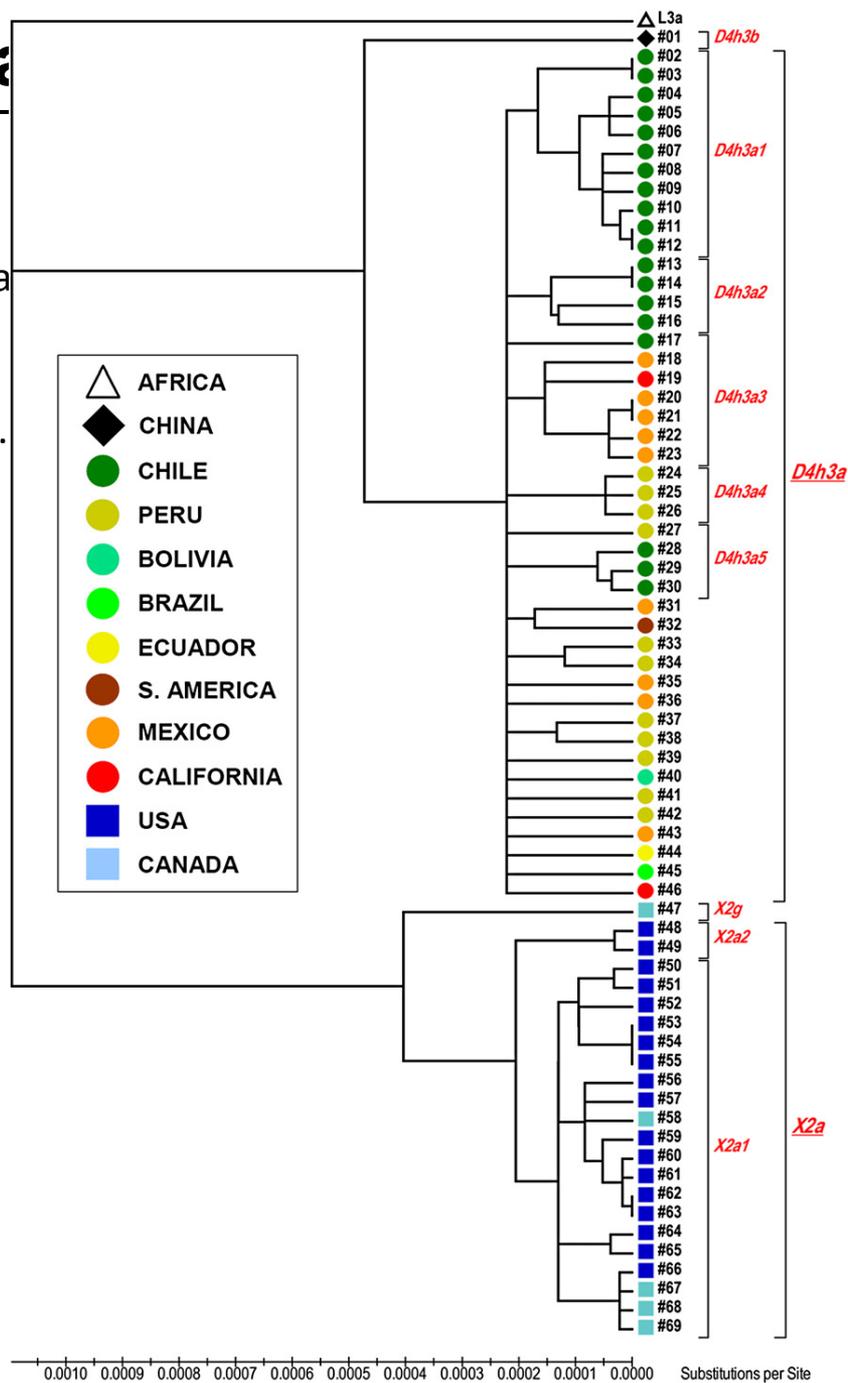
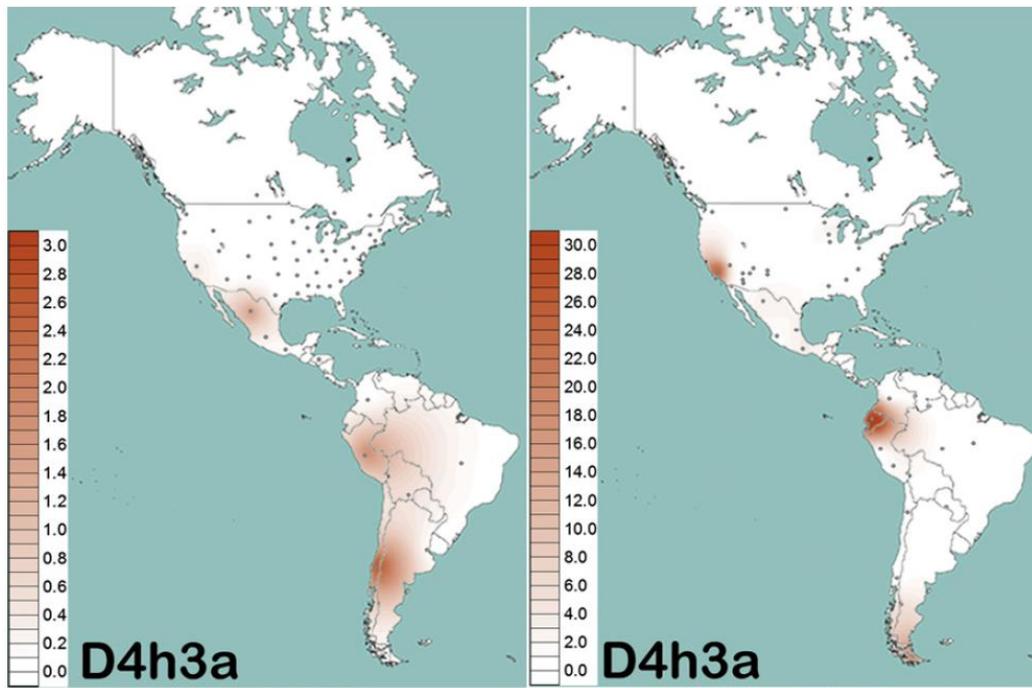
- Dados genéticos confirmam a dimensão genocida da invasão europeia



America

American mtDNA – Haplogrupo D4h3a

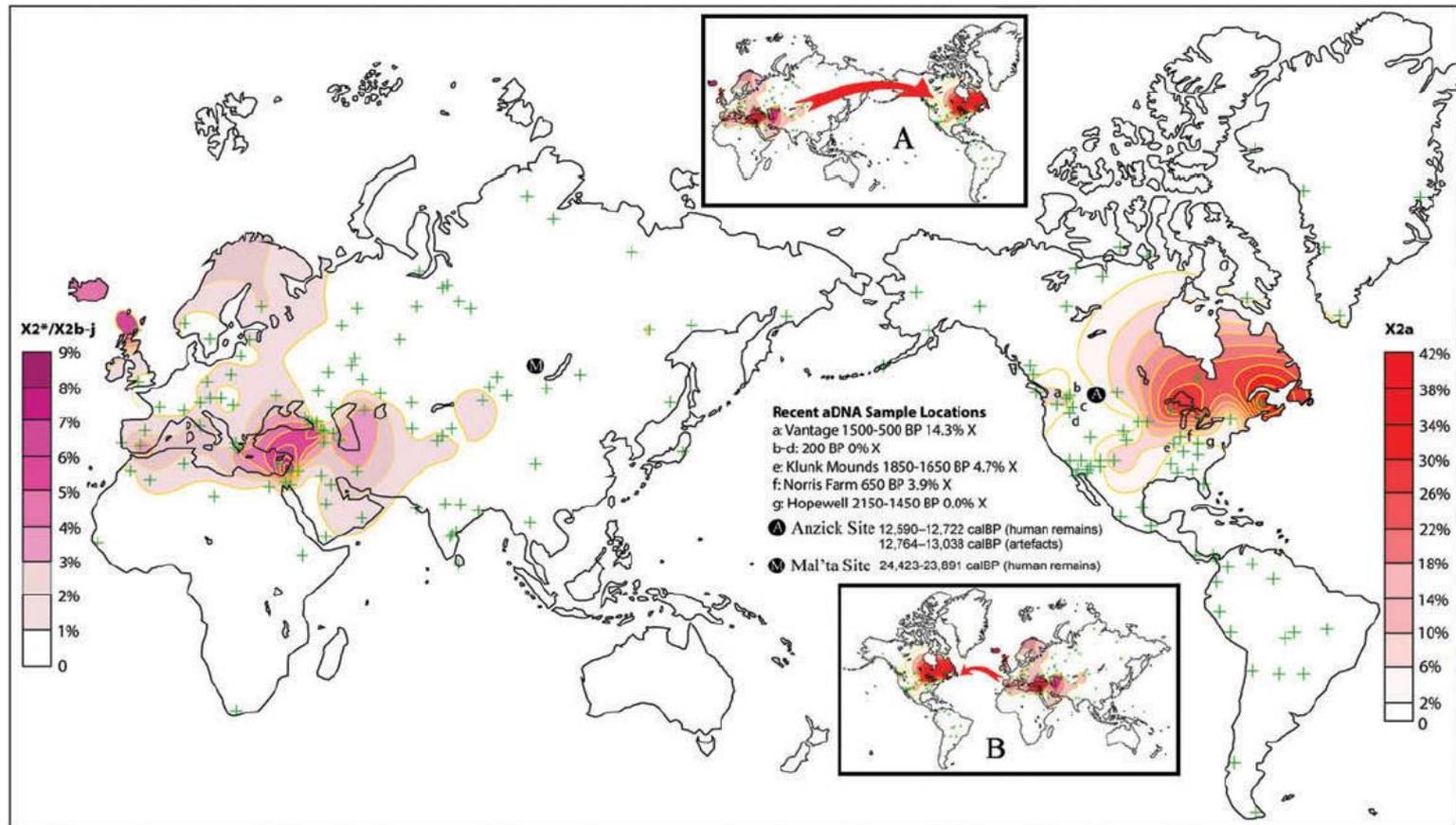
- Existe uma variante muito rara na China (D4h3b).
 - Na América ocorrência mais comum na Am. do Sul, na costa Pacífica do México e Califórnia.
 - Coalescência semelhante aos ‘haplogrupos fundadores’
 - Presença no Chile de versões basais indica expansão rápida.
- Compatível com **rota costeira**



America

American mtDNA – Haplogrupo X2a

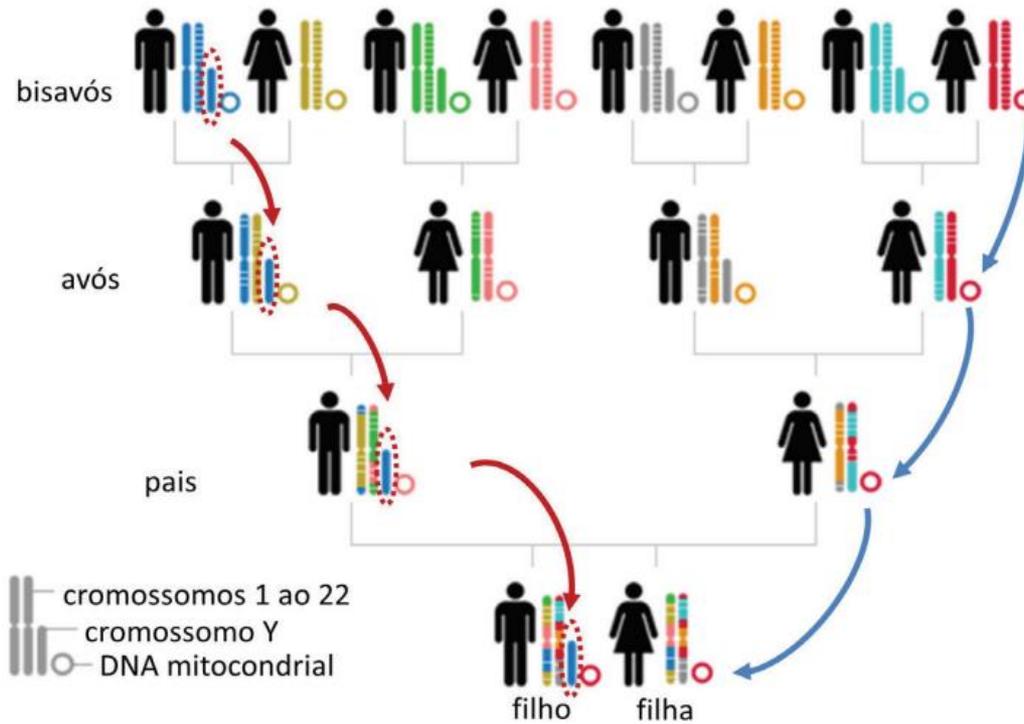
- Ojibwa apresenta 25% do 'Haplogrupo X'2a, Sioux 15%, Nuu-Chah-Nulth 12%, Navarro 8%, Yakima 5% (Torrioni).
- Originalmente descrito como típico, mas de baixa frequência, em populações europeias.
 - Migração recente? Conexões profundas com a Europa?
- Existem especificades Europeias e Ameríndias, não é exatamente igual.
- Tempo de coalescência 23-36 mil anos.



America

American

- Autossomos

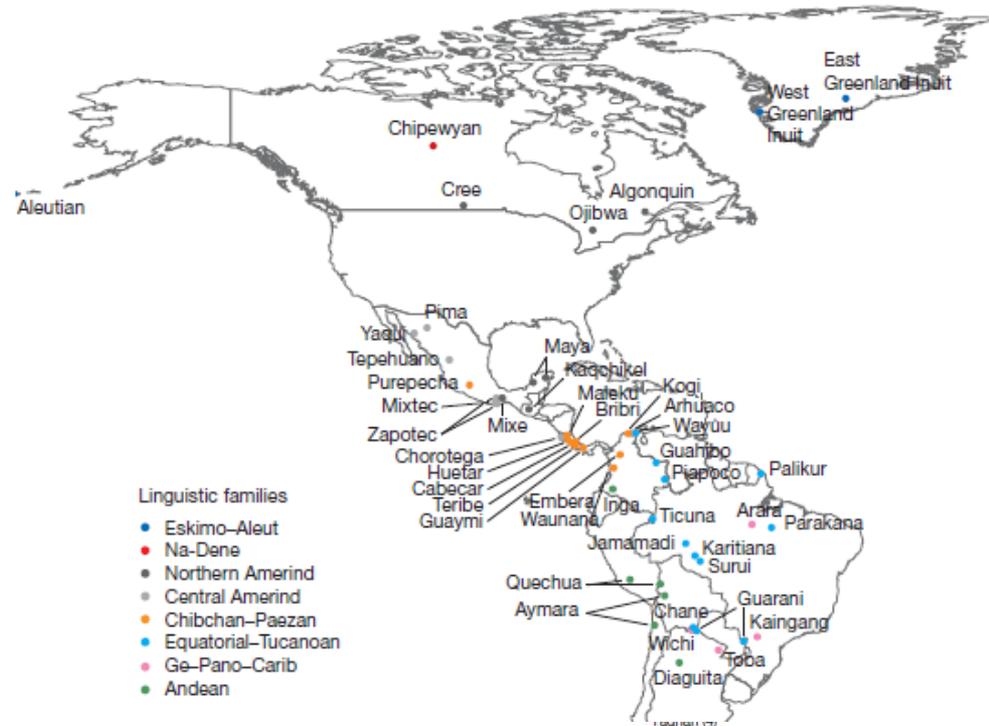


America

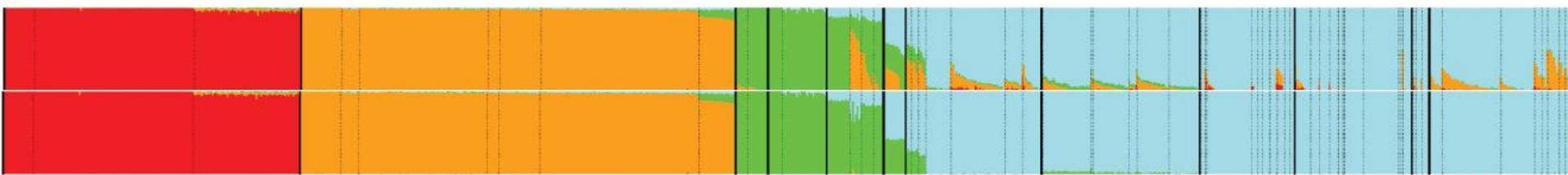
Native American genome

- 364,470 SNP, 52 American population, 493 samples.
- Cluster-based analysis ($k = 4$) using ADMIXTURE shows evidence of some West-Eurasian-related and sub-Saharan-African-related ancestry in many Native Americans before masking (top), but little afterwards (bottom).

E o efeito da miscigenação pós invasão?



Sem filtro para miscigenação



Sub-Saharan African

West Eurasian

Uralic-Yukaghir

Chukchi-Kamchatkan

Eskimo-Aleut

Na-Dene

Northern Amerind

Central Amerind

Chibchan-Paezan

Equatorial-Tucanoan

Ge-Pano-Carib

Andean

Com filtro para miscigenação

CURRENT ANTHROPOLOGY Vol. 27, No. 5, December 1986

© 1986 by The Wenner-Gren Foundation for Anthropological Research, all rights reserved 0011-3204/86/2705-0004\$2.25

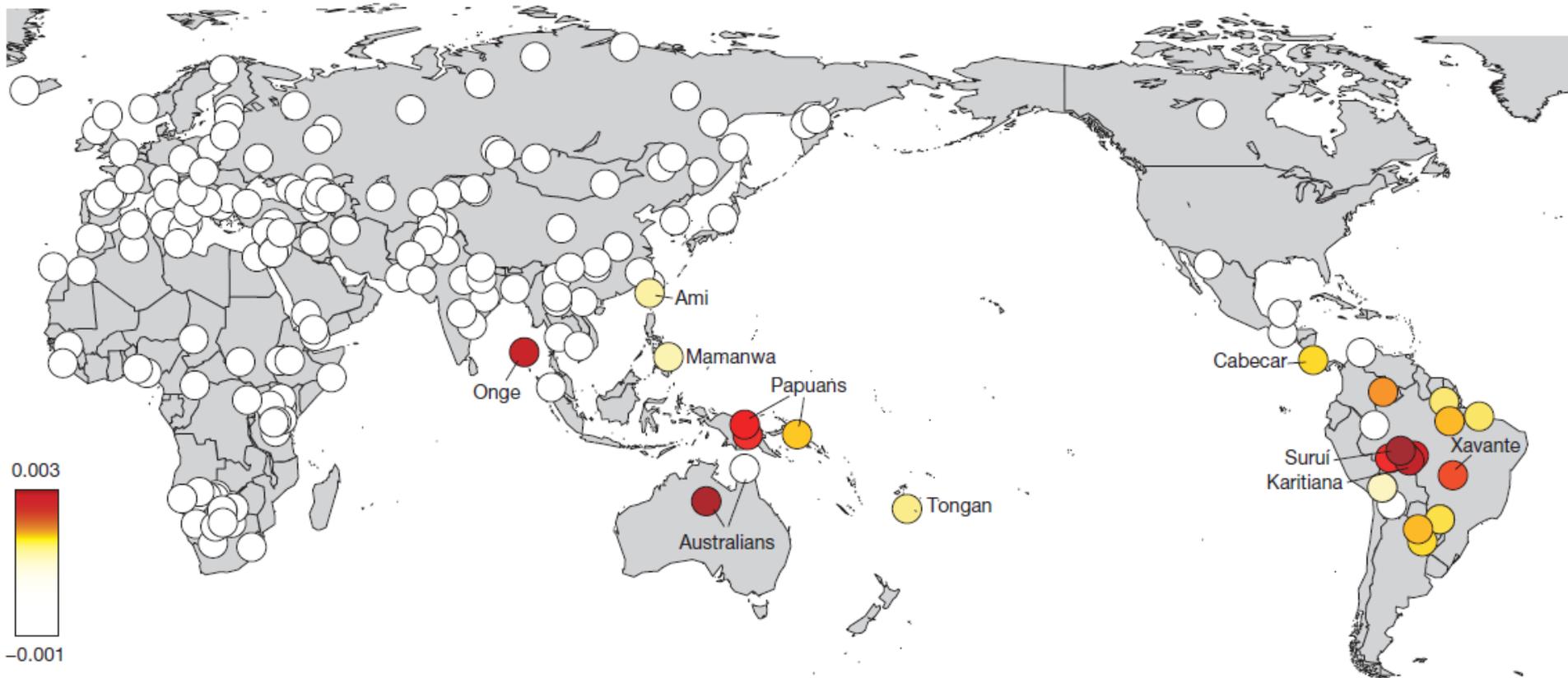
The Settlement of the Americas: A Comparison of the Linguistic, Dental, and Genetic Evidence

by Joseph H. Greenberg, Christy G. Turner II, and Stephen L. Zegura

America

O sinal 'Australo-Asiático' na Amazônia

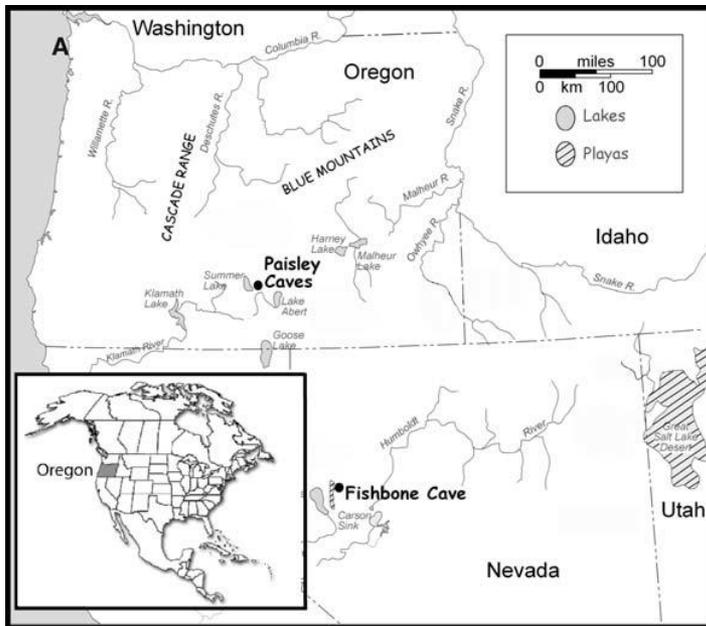
- Karitiana, Suruí e Xavante derivam de uma população fundadora cujo ancestral é mais próximo dos atuais nativos da Austrália, Nova Guiné e Ilhas Andaman do que qualquer população Européia ou Nativa Americana. -> 'Population Y' (Ypykue'ra significa Ancestral em Suruí)



America

O coprólito pré-Clóvis de Oregon, EUA [ca. 14,270-14,000 cal AP]

- Presença humana pré-Clóvis



Sample	Hg	mtDNA		AMS dates (conventional ¹⁴ C years BP)		Cave	Fig. 1B no.#	CIE**	TP††
		16SII	Site of replication	Beta Analytic	Oxford Univ.				
1294-PC-5/7D-4	B2*	<i>C. latrans</i>	Uppsala	Not tested	1,308 ± 28	5	1	—	n/a
1374-PC-1/2A-28	B2†		Uppsala	6,640 ± 40	6,608 ± 35	1		—	n/a
1294-PC-5/6B-40	B2†	<i>C. lupus/familiaris</i> ¶	Uppsala	10,050 ± 50	10,965 ± 50	5	2	Human	n/a
1294-PC-5/6B-50	A2‡	<i>V. vulpes</i>	Uppsala	12,260 ± 60	12,140 ± 70	5	3	Human	Human
1294-PC-5/7C-31	B§,§§		Uppsala/Leipzig	12,290 ± 60	12,345 ± 55	5	4	Human	Human
1374-PC-5/5D-31	B2†		Uppsala	12,400 ± 60	12,275 ± 55	5	5	—	Human

Mitochondrial DNA Hgs were identified with different techniques across laboratories as follows: *Copenhagen SNaPshot, Uppsala Pyrosequenced, Uppsala cloned; †Copenhagen SNaPshot, Copenhagen cloned, Uppsala Pyrosequenced, Uppsala cloned and sequenced; ‡Copenhagen SNaPshot, Uppsala Pyrosequenced; §Copenhagen SNaPshot, Uppsala Pyrosequenced, Leipzig cloned and sequenced. Although Hgs A and B are based on independently replicated results, sub-Hgs A2 and B2 are in general based on single laboratory analyses. For details, see SOM text. ||Canid sequences detected with generic mammalian 16S mtDNA primers. ¶Sequences are indistinguishable over genetic marker. #Sample identification in Fig. 1B. **Result of crossover immunoelectrophoresis analysis. (—) no result recovered because of poor protein preservation in the sample (see SOM text for more discussion). ††Result after reconstitution in trisodium phosphate solution. n/a, sample not assessed. §§Insufficient DNA was available to further resolve the haplogroup. |||Fig. S1.

America

Paleo-Esquimó 'Saqqaq' [ca. 4.000 AP]

- Quatro fios de cabelo humano encontrados em sedimentos congelados (permafrost)
- Cultura 'Arctic Small Tool Tradition', evidencia mais antiga de 5,500 no Lago Kuzitrin no Alasca.
- Datação por MAS: 4.044±31 -> 4170-3600 cal. Yr. BP (considerando efeito reservatório marinho)
- Análise isotópica indica dieta marinha.
- Tipo sanguíneo: A+; Olhos marrom, cabelo grosso, pele não-branca, incisivo em forma de pá
- Cera de ouvido seca – típica de América e Ásia
- Adaptado a climas frios.

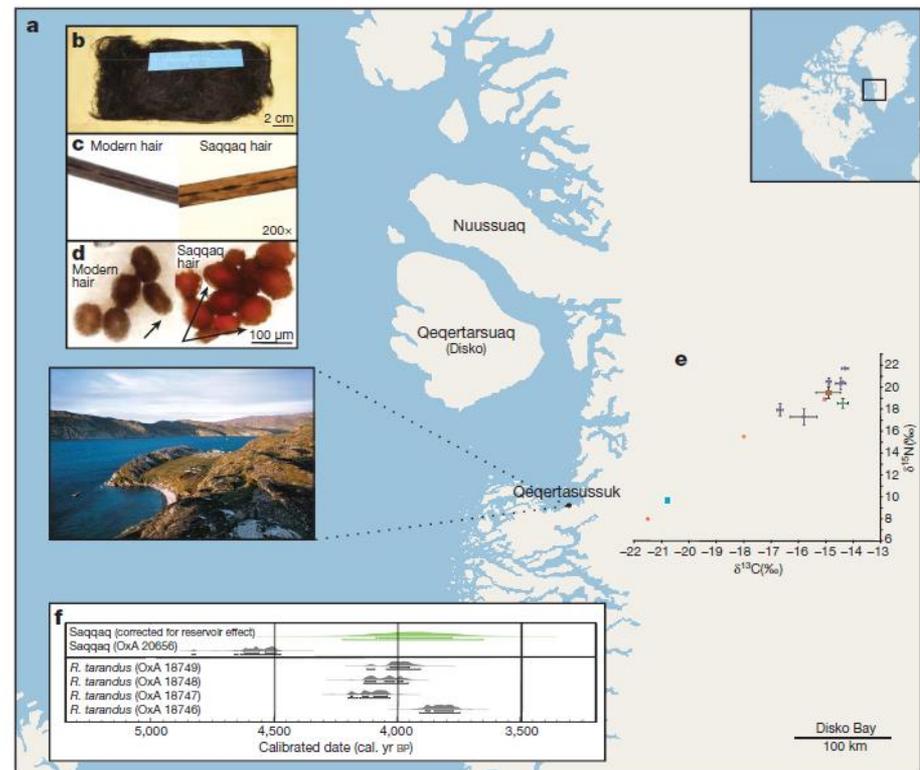


Fig 2 from Reich 2012.

America

Paleo-Esquimó 'Saqqaq' [ca. 4.000 AP]

- Cera de ouvida seca, com cheiro fraco, quebradiça e esbranquiçada: típica na Ásia e América
- Cera de ouvido melequenta, com mal cheiro e amarelada: típica da Europa e África

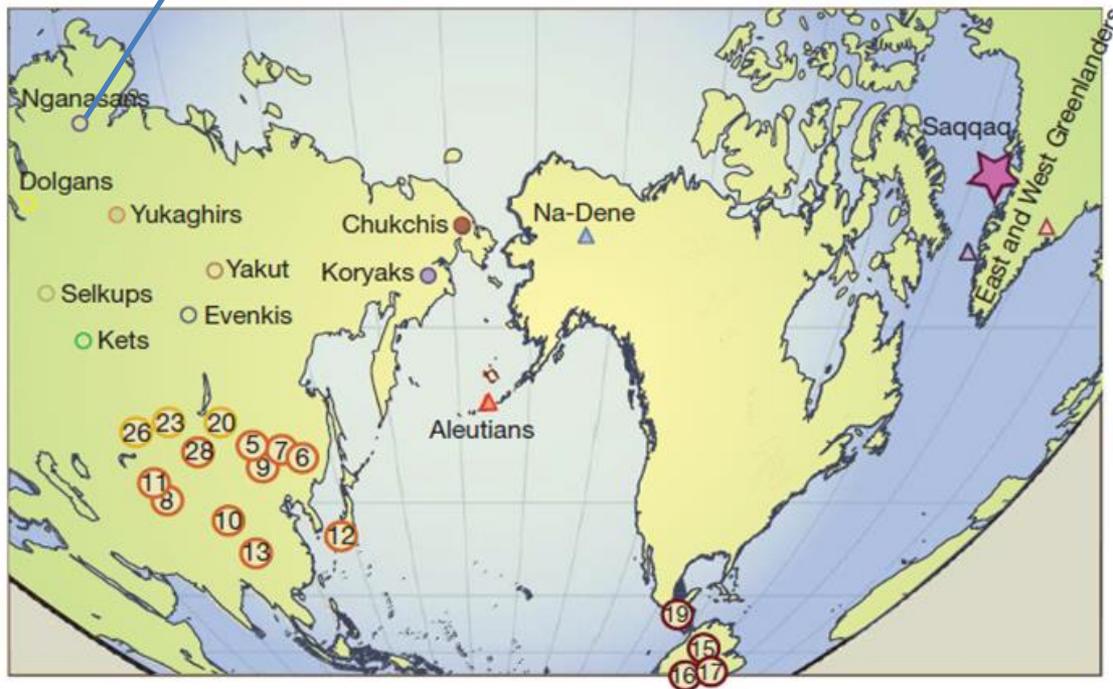


America

Paleo-Esquimó 'Saqqaq' [ca. 4.000 AP]

- Consistente com Na-Dene Chipewyan, indica idade mínima para esse vento tardio de fluxo gênico do nordeste asiático.
- Nenhuma relação com América Central ou do Sul
- Haplogrupo Y: Q1a

População viva mais ao norte no Velho



'Saqqaq' é mais próximo a populações do velho mundo

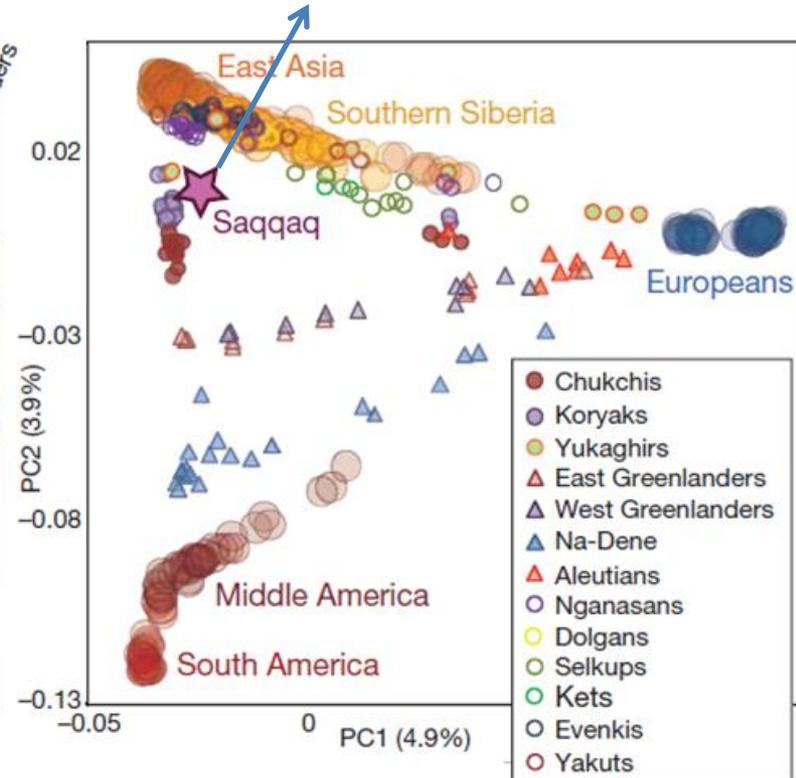


Fig 2 from Reich 2012.

America

O genoma 'Clóvis' [ca. 13,000 -12,600 cal. AP]

- Esqueleto de Anzick-1 (12,707-12,556 cal. BP). Associado (acima) de 'fardo' Clóvis?
- Origem asiática ou europeia?
- Genoma sequenciado em 14,4 X
- Anzick-1 é geneticamente mais semelhante a todos nativos Americanos atuais do que qualquer outra população vivente.
- Anzick-1 faria parte da populações diretamente ancestral a maioria das populações Nativas Americanas (- Artico Na-Dené e Inuit-Aleuta).
- Divergência profunda entre populações nativa Americanas que precede Anzick-1
- Impossibilidade de uma migração Solutreana, incompatível do MDCBP ou ocupação profunda

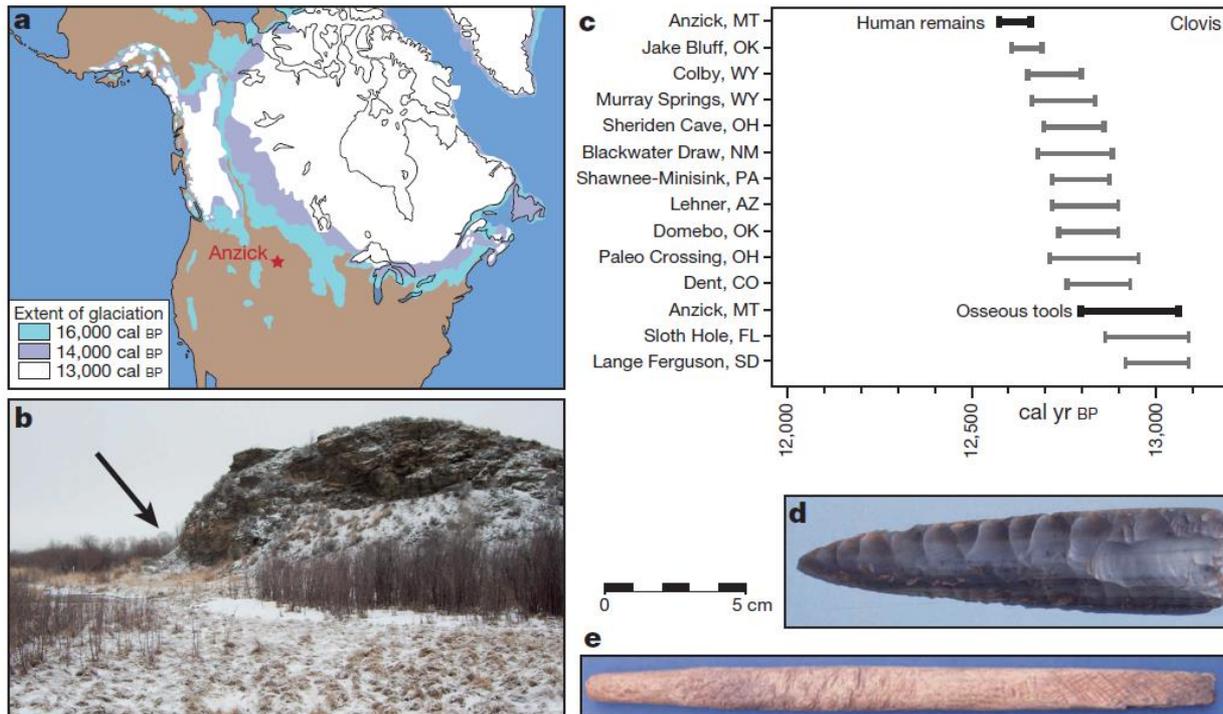
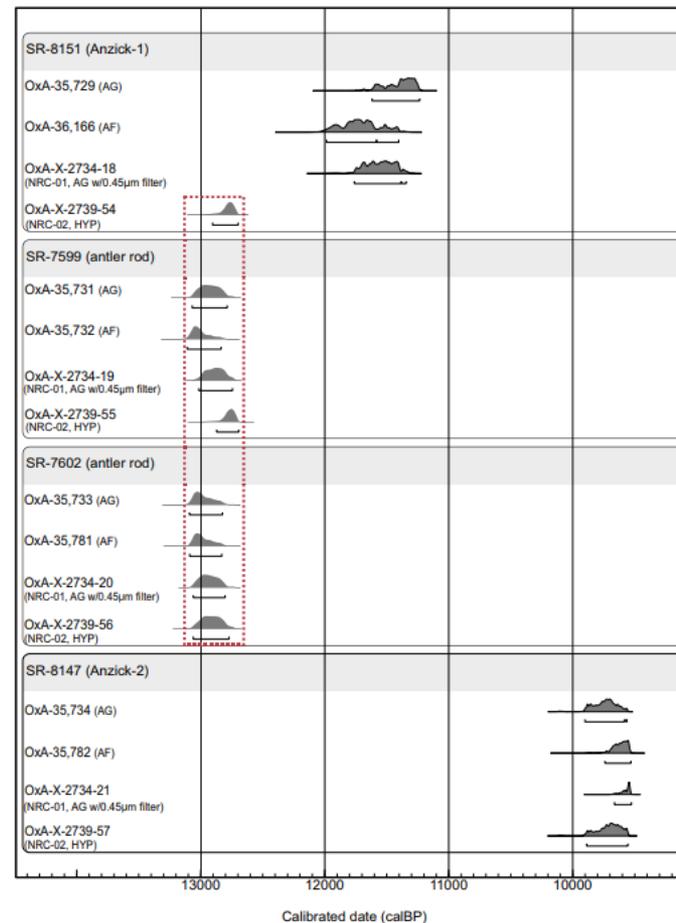
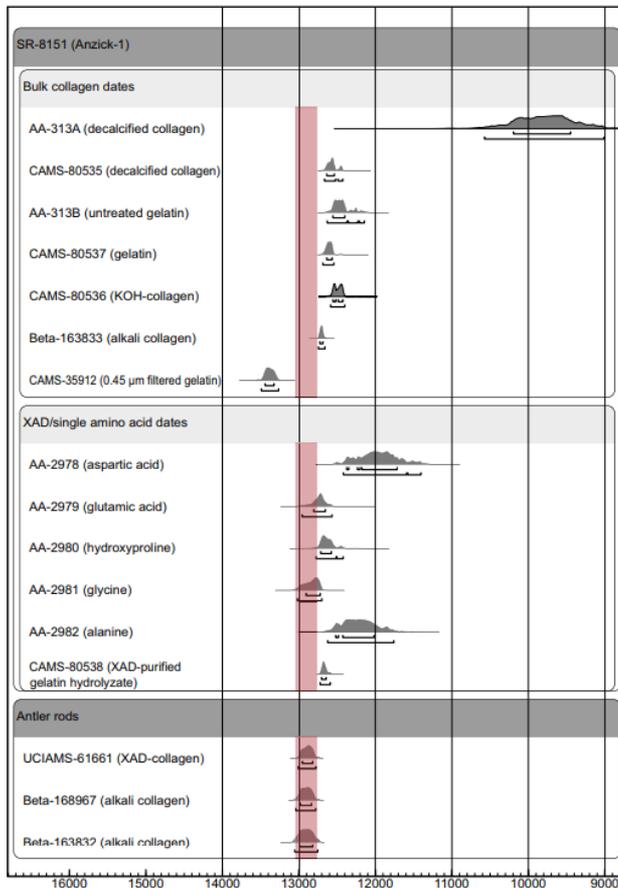


Fig 1 from Rasmussem, 2014

America

O genoma 'Clóvis' [ca. 13,000 -12,600 cal. AP]

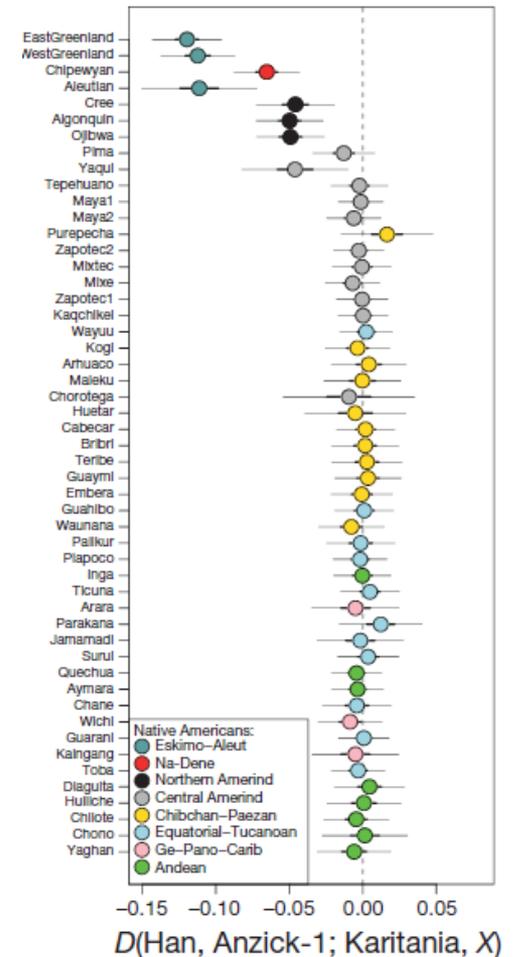
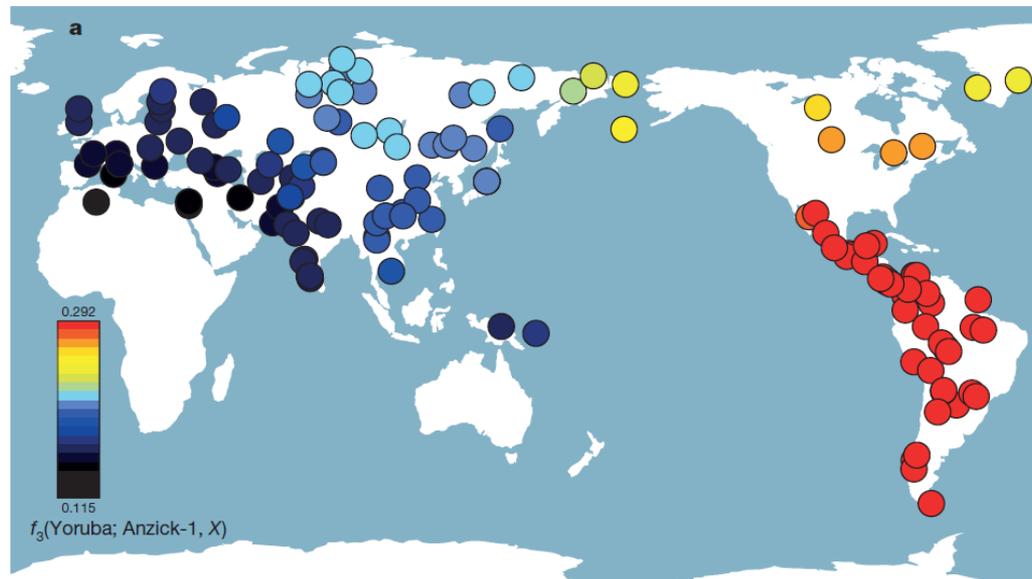
- Esqueleto de Anzick-1 foi encontrado em 1968 próximo a Wilsall, Montana.
- Encontrado por operários e não em uma escavação profissional.
- Criança do sexo masculino encontrada em 'associação' com um conjunto de mais de 100 artefatos líticos e osso associados à cultura Clóvis.
- Datação 'complicada': 10575-9005 cal. AP e 13,490-13,265.



America

O genoma 'Clóvis' [ca. 13,000 -12,600 cal. AP]

- Haplogrupo: D4h3a, linhagem rara específica de Nativos Americanos, distribuido ao longo da costa pacífica da América do Norte e do Sul.



America

O genoma Siberiano do garoto de Mal'ta [ca. 24,600 cal. AP]

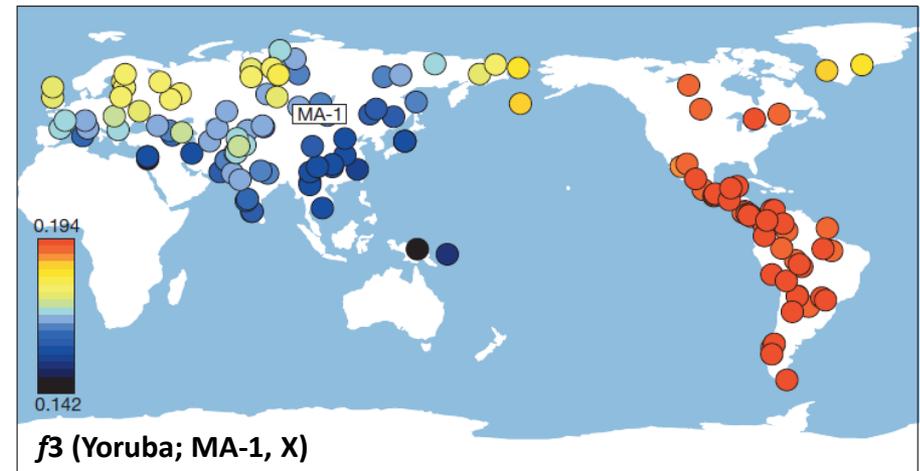
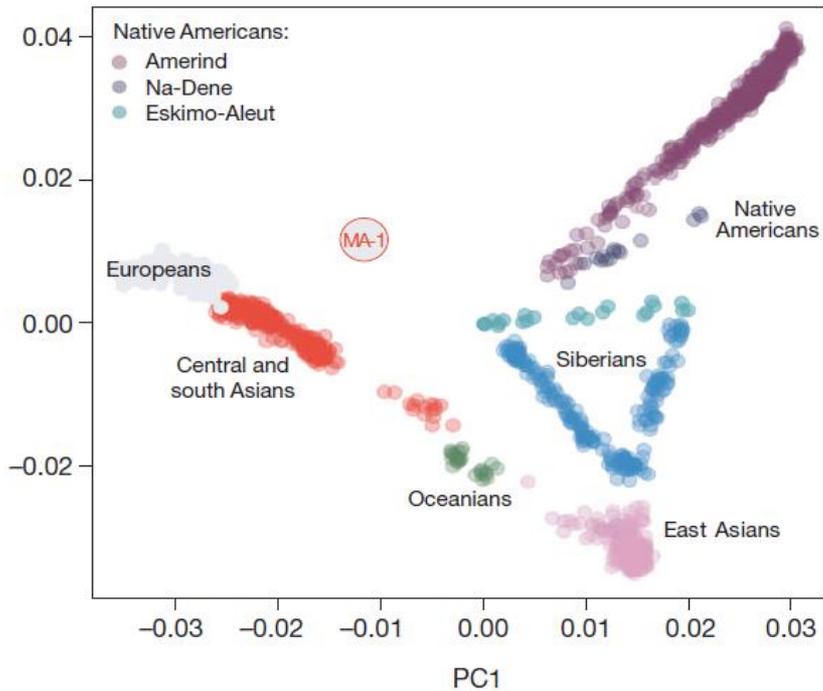
- Mal'ta é próximo aos atuais Euroasiáticos do oeste e Ameríndios, mas distantes dos atuais grupos do nordeste Asiático. Presença de 'Venus figurines' em Mal'ta indica conexão com Paleolítico Superior Europeu.
- Populações 'européias' antes ocupavam um território mais a leste na Ásia
- Entre 11% e 38% da ancestralidade Nativa Americana remonta a essa população.
- Semelhante à Afontova Gora-2, datado em ca. 17,000 anos AP – indicando continuidade populacional.
- Assinatura genética européia em Nativos Americanos pré-contato devido a ancestral comum compartilhado.
- Haplogrupo U sem afiliação específica em clados conhecidos sugere população raro ou extinta.



America

O genoma Siberiano do garoto de Mal'ta [ca. 24,600 cal. AP]

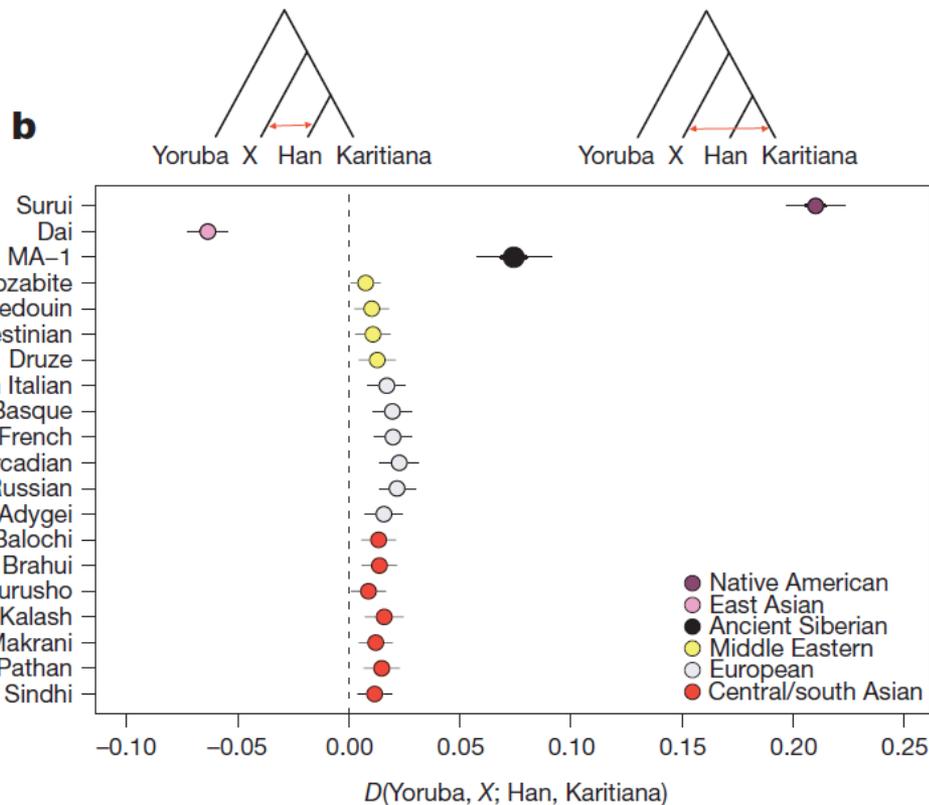
'the lack of genetic affinity between MA-1 and most populations in south-central Siberia today suggests that there was **substantial gene flow** into the region after the Last Glacial Maximum (LGM), mostly probably from east Asian sources'



America

O genoma Siberiano do garoto de Mal'ta [ca. 24,600 cal. AP]

- Análise indica que populações do Oriente Médio, Europa, Asia central e Asia do Sul são mais próximo à populações da América do Sul do que à populações da China.



The most parsimonious explanation for these results is that Native **Americans have mixed origins, resulting from admixture between peoples related to modern-day east Asians and western Eurasians**

America

O genoma de Tianyuan [ca. 40,000 cal. AP]

- Geneticamente mais próximo a populações asiáticas viventes e extintas do que com populações europeias. Proximidade maior com Oceania do que Europa.
- Indica que separação entre Euro e Asia ocorreu antes de 40000 anos.
- Entretanto, apresenta forte afinidade com Europeu de 35,000, indicando que a separação entre early Europeans e early Asians não foi um único evento de divisão.
- Tianyuan não é ancestral direto das populações que hoje vivem no leste e sudeste asiático.
- Tianyuan é mais próximo de algumas populações da América do Sul do que outras.

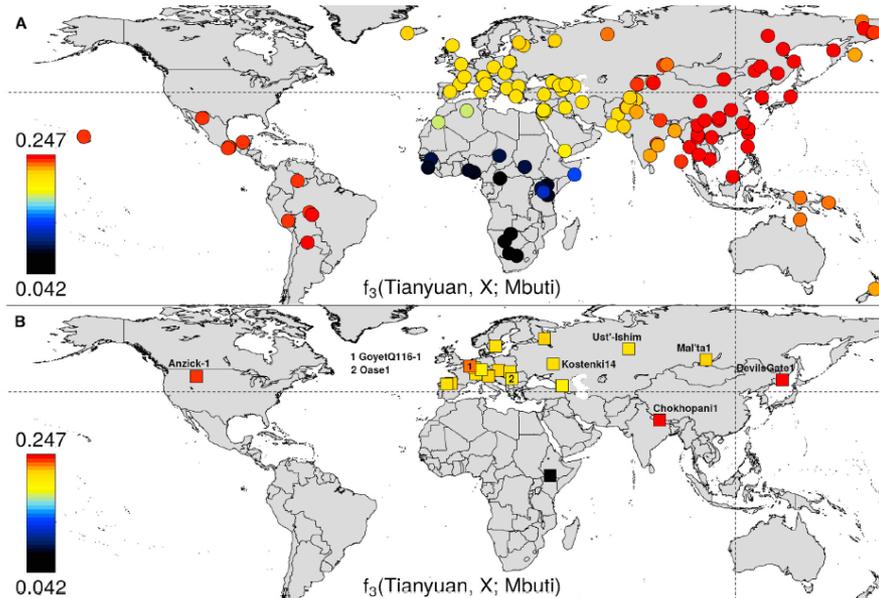
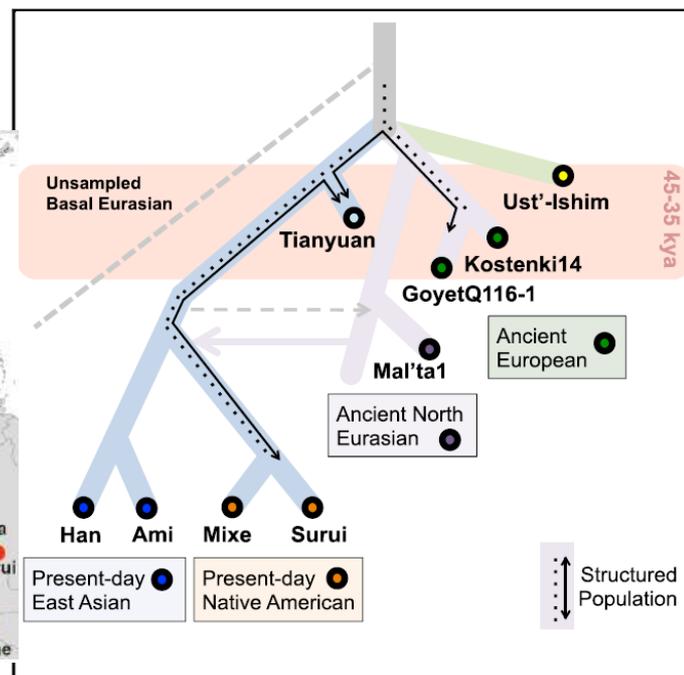
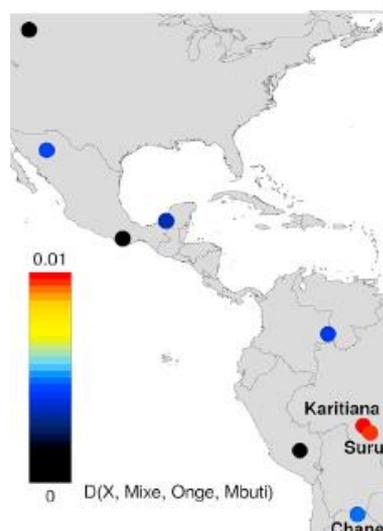
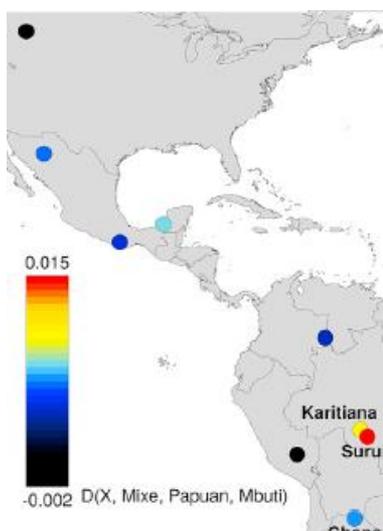
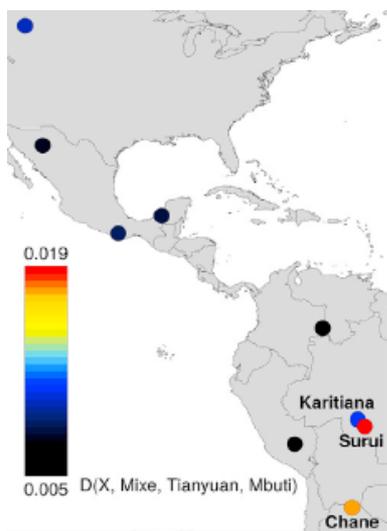


Figure 1. $f_3(\text{Tianyuan}, X; \text{Mbuti})$ for All Sites Where X is a Present-Day Human Population or an Ancient Individual
The f_3 statistic ranges from 0.04 to 0.25. A higher value (red) indicates higher shared genetic drift between the Tianyuan individual and the (A) present-day population or (B) ancient individual. The intersection of the dotted lines indicates where the Tianyuan Cave is located. See also Table S2A.

America

O genoma de Tianyuan [ca. 40,000 cal. AP]

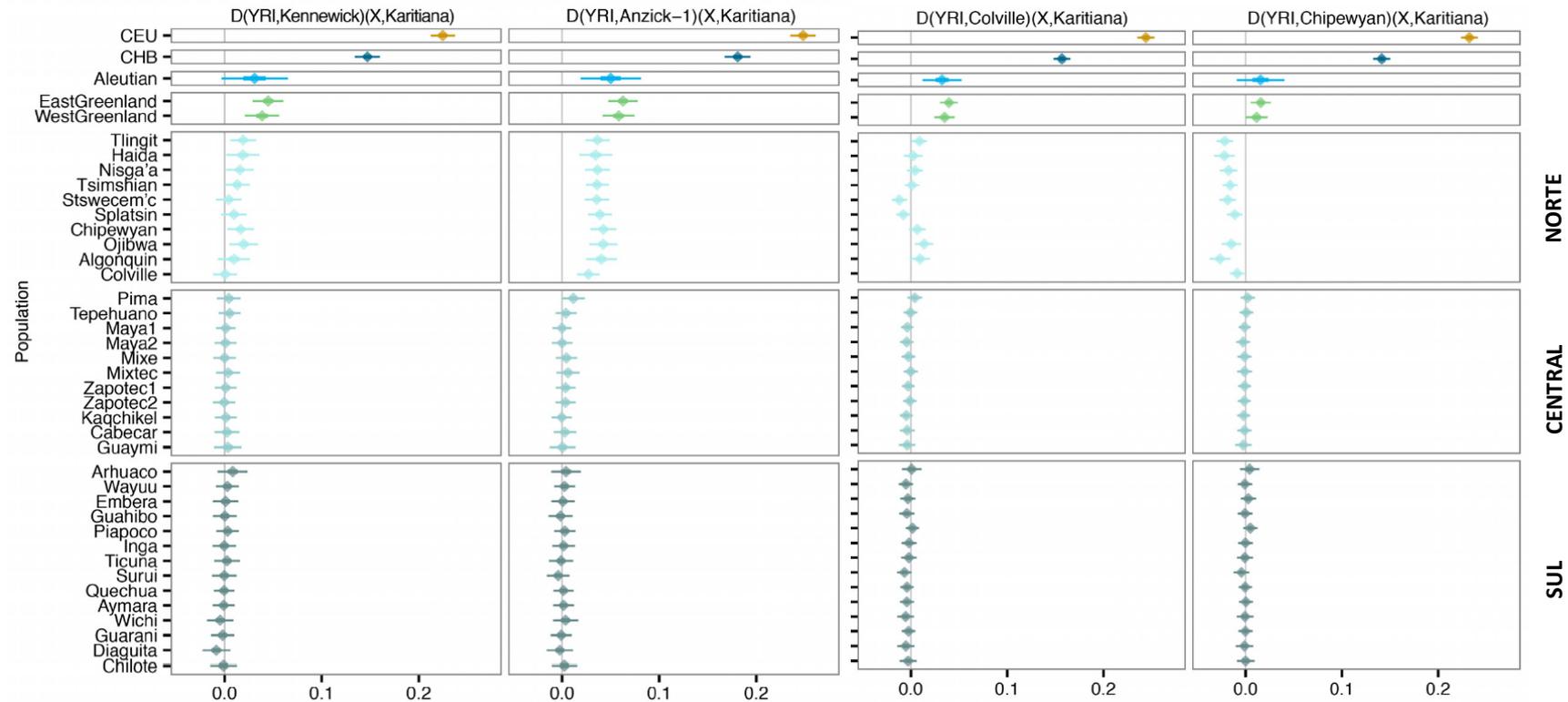
- Tianyuan é mais próximo de algumas populações da América do Sul (Suruí e Chane) do que outras.
- Anzick-1 não apresenta ancestralidade Tianyuan.



America

O genoma de Kennewick [ca. 8400-9690 cal. AP]

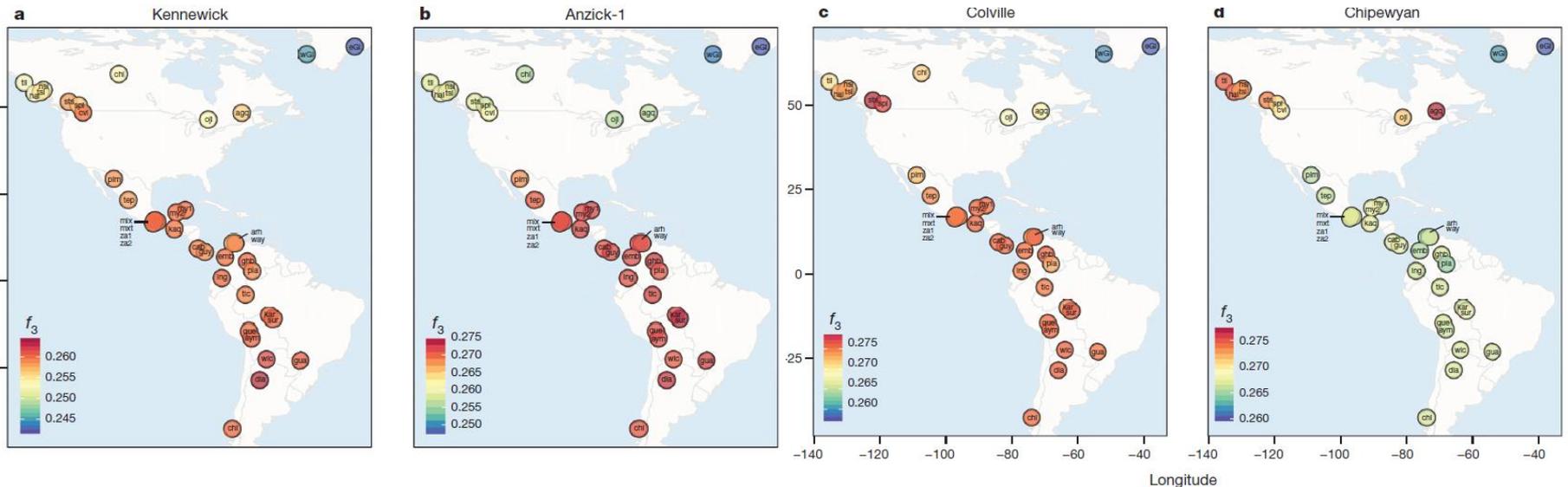
- 200 mg of metacarpal bone
- Haplogrupo mtDNA X2a, Y: Q-M3
- Conville é uma das 5 tribos que pediu a repatriação do esqueleto – foi genotipada – Late survival?



America

O genoma de Kennewick [ca. 8400-9690 cal. AP]

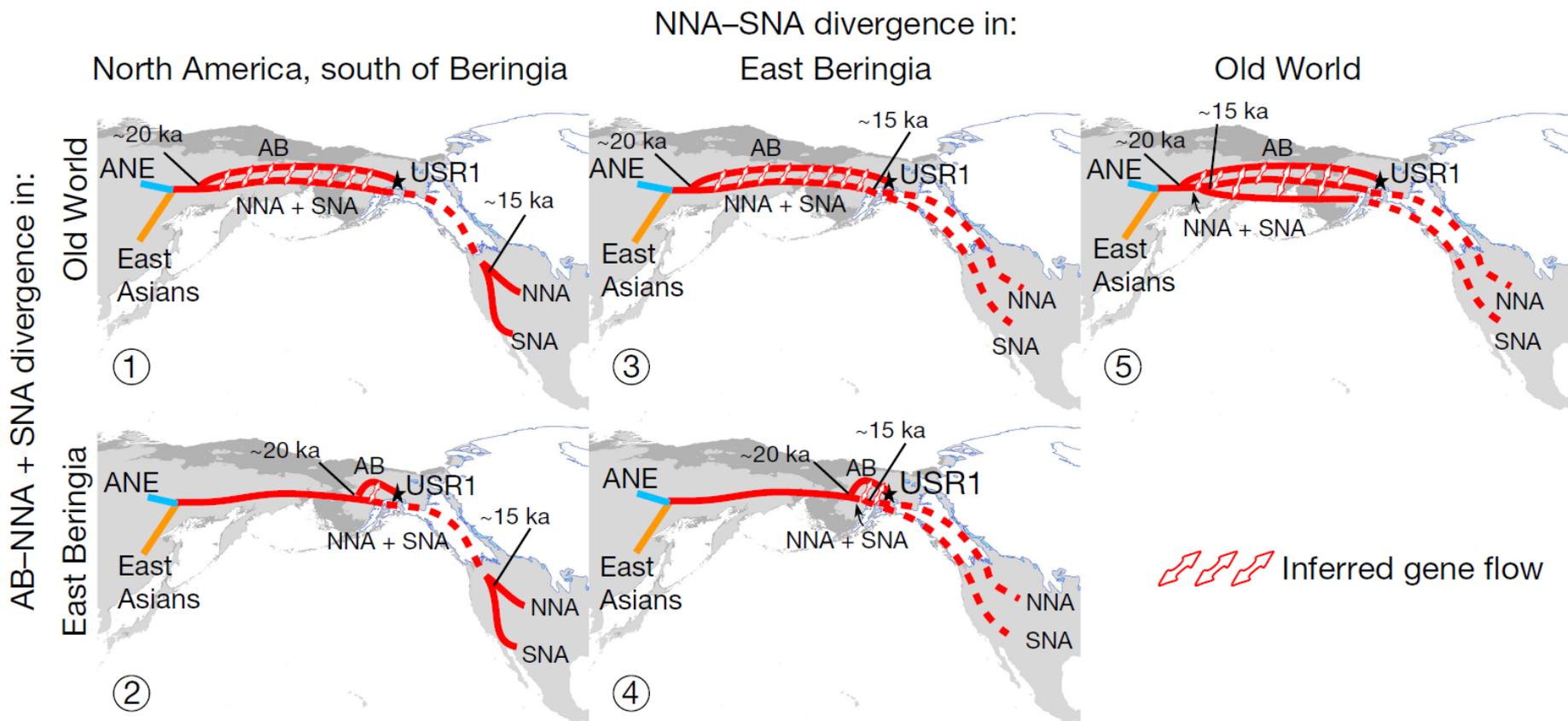
- 200 mg of metacarpal bone
- Haplogrupo mtDNA X2a, Y: Q-M3
- Conville é uma das 5 tribos que pediu a repatriação do esqueleto – foi genotipada



America

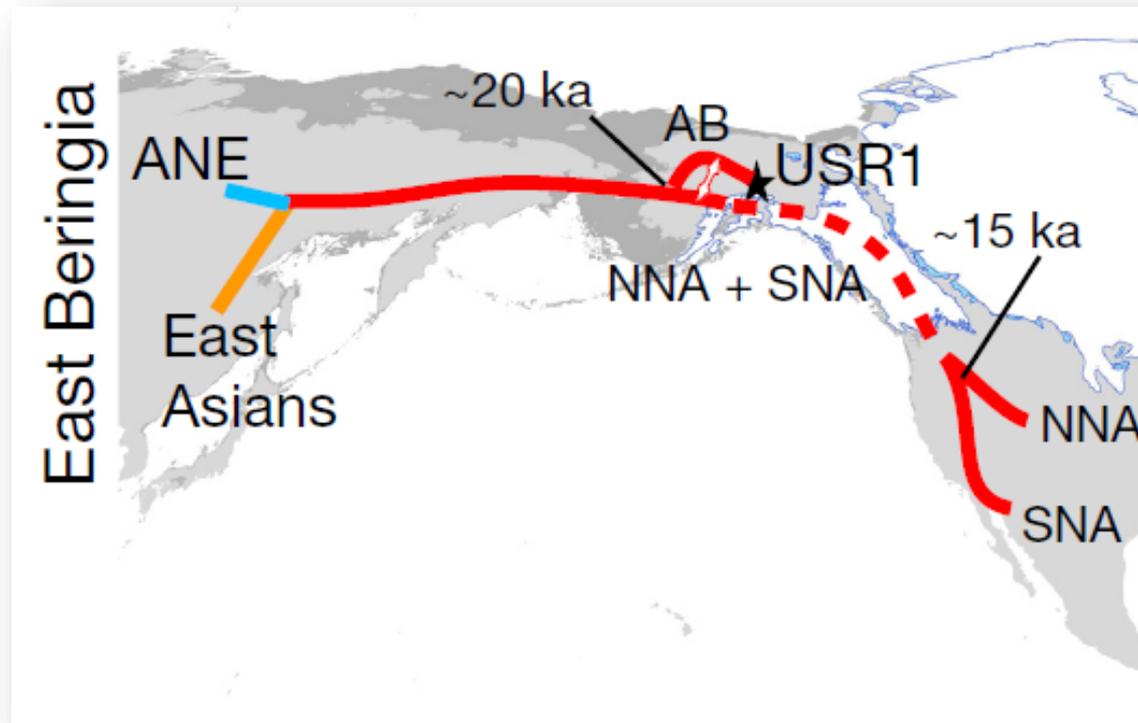
Genoma do Pleistoceno final no Alasca

- Esqueleto de duas crianças de 'Upward Sun River (USR)' foram datados em 11.5 kyBP.

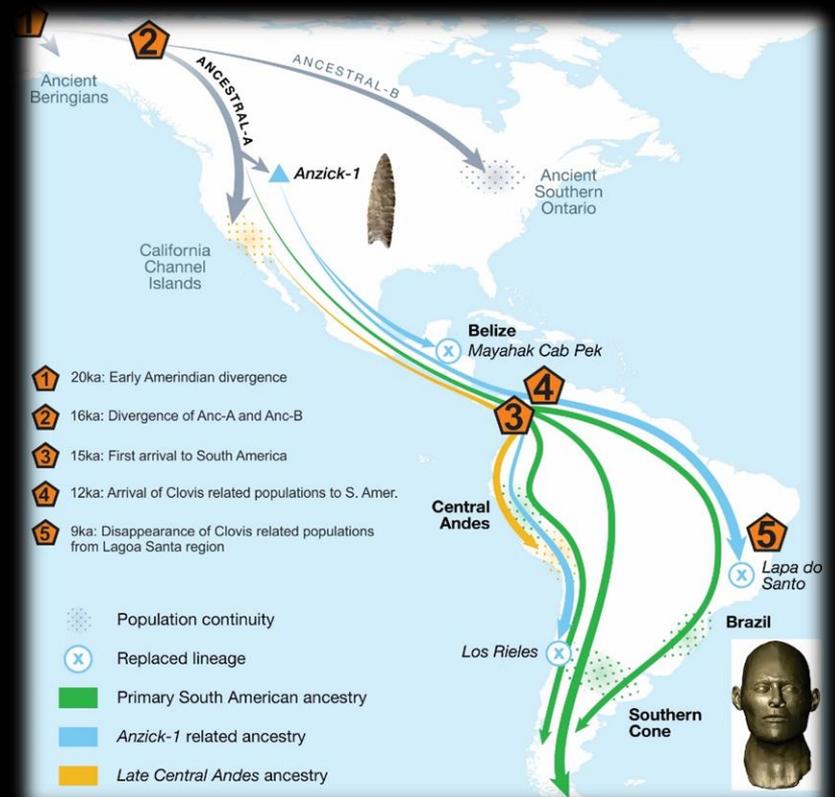


História Populacional da América

Modelo atual do povoamento com base em dados genéticos



Arqueogenética do Povo de Luzia Implicações para o povoamento da América



História Populacional da América

Objetivo -> avaliar a partir de análises arqueogenéticas:

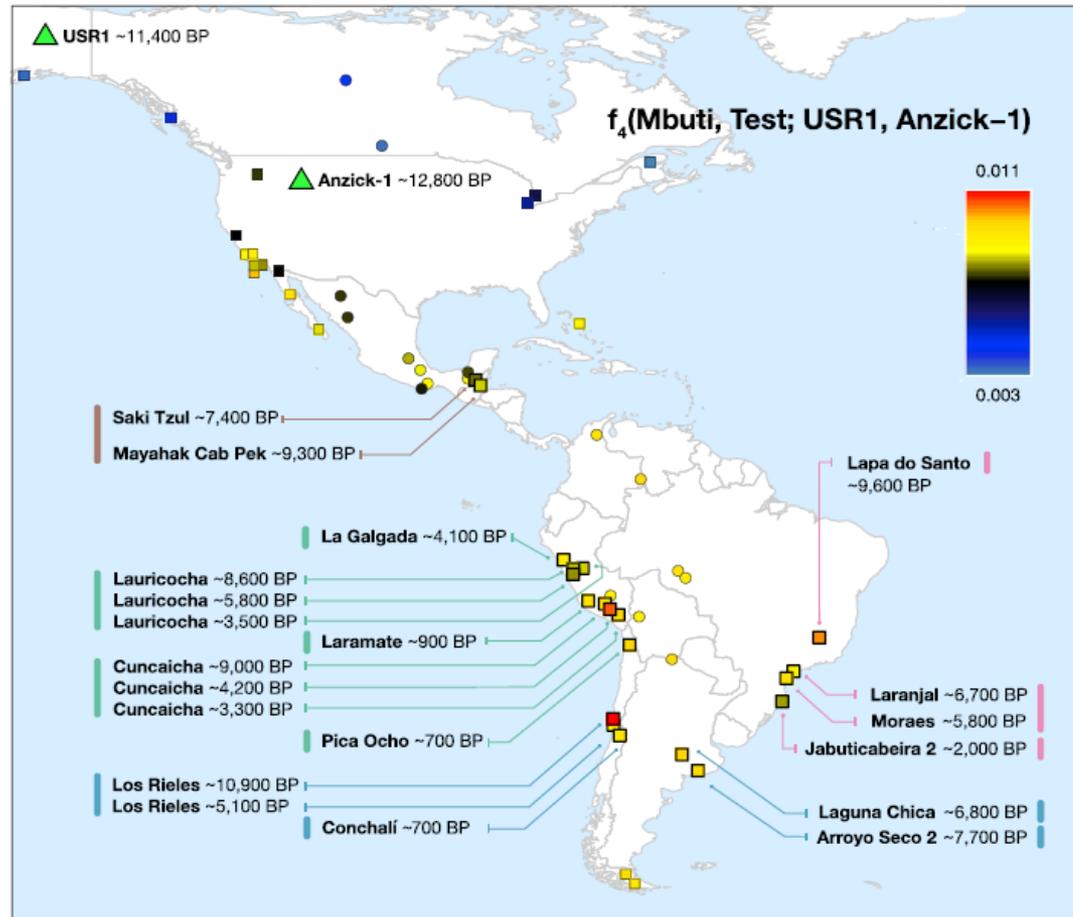
- Afinidades genéticas extra-continentais – a População Y.
- Afinidades genéticas com a América do Norte – três eventos de troca gênica.
- Continuidade e substituição populacional na América do Sul.
- Relação entre populações do ‘Sambaqui Clássico’ e da ‘Terra Preta’*.
- Marcadores Uniparentais*.
- EDAR – fixação convergente em ambos os lados do Pacífico.
- Próximos Passos...



História Populacional da América

As populações pré-coloniais incluídas no estudo

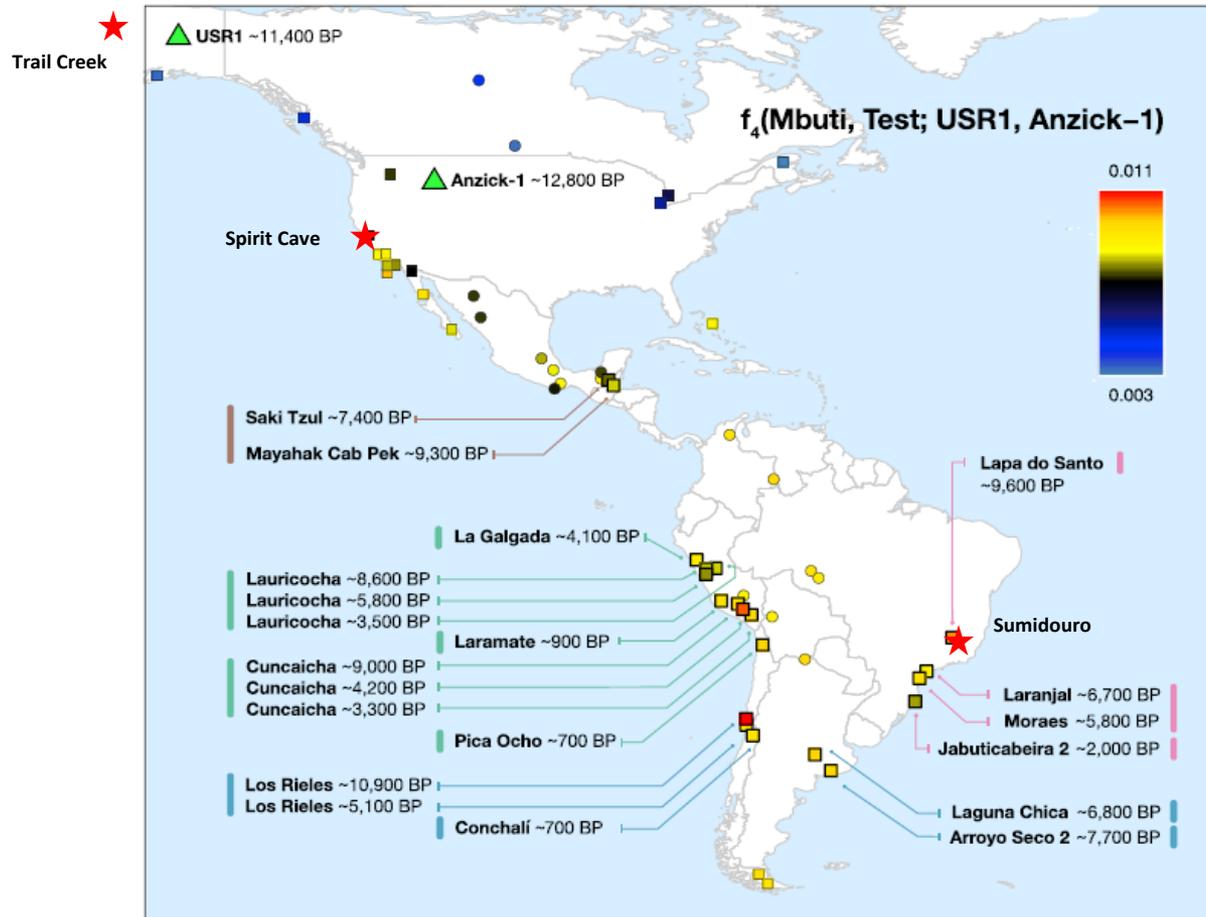
- **Cell:** 49 novos genomas.
- **Science:** 15 novos genomas.



História Populacional da América

As populações pré-coloniais incluídas no estudo

- **Cell:** 49 novos genomas.
- **Science:** 15 novos genomas.



História Populacional da América

As amostras

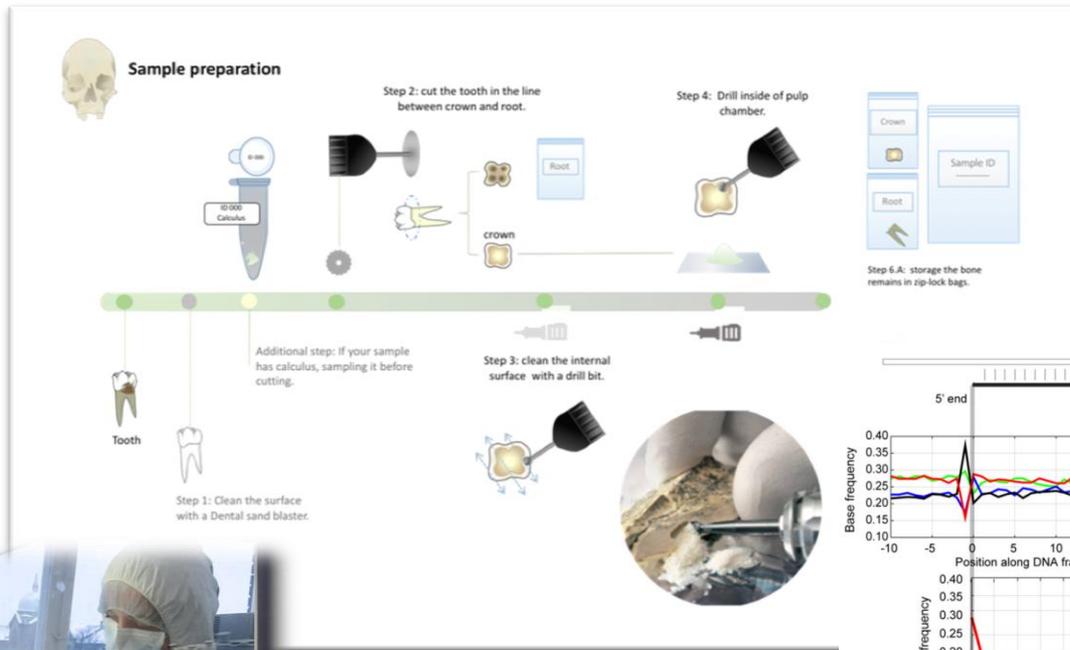
- Quase a totalidade do DNA foi extraído do 'osso petroso'



História Populacional da América

A extração de DNA

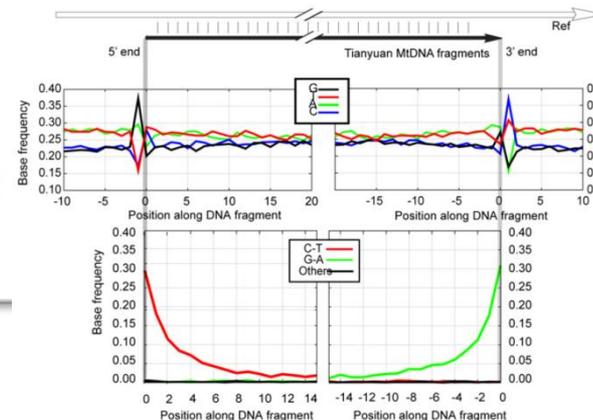
- Extração de acordo com protocolo de Dabney et al., (2013) e preparação de biblioteca com o protocolo de Rohland et al., (2015).
- Amostras foram tratadas com Uracil-DNA glicosilase (UDG) – reduz erros sem afetar nucleotídeos terminais. Captura de 1240k SNPs (Fu et al., 2015) e sequenciamento HiSeq 4000.
- Validação: Padrões característicos de degradação e heterozigose do cromosso X em homens.



Cosimo Posth



Tiago Ferraz



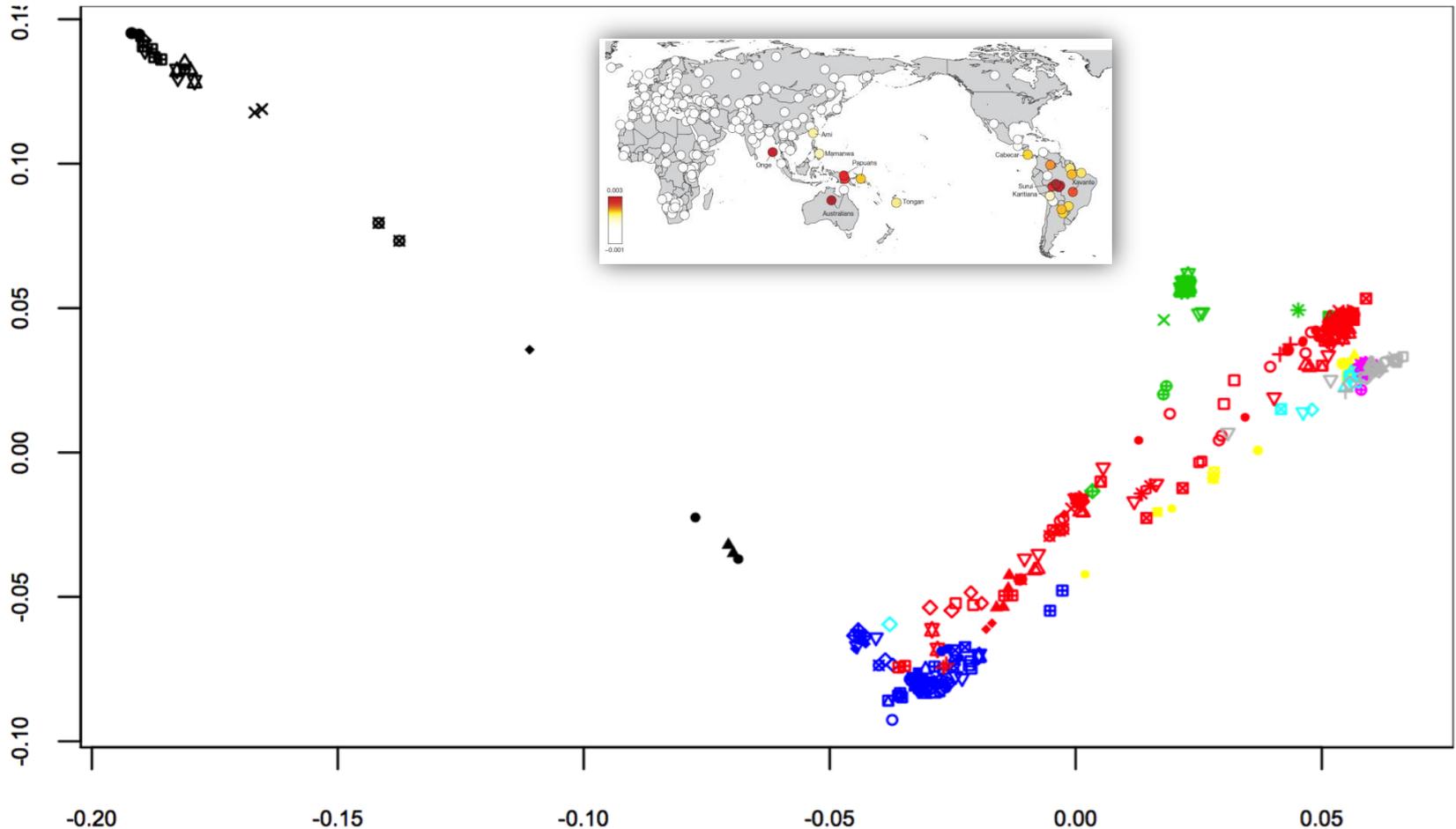
História Populacional da América

AFINIDADES EXTRA-CONTINENTAIS

História Populacional da América

Ancestralidade extra-continental – o DNA da Lapa do Santo

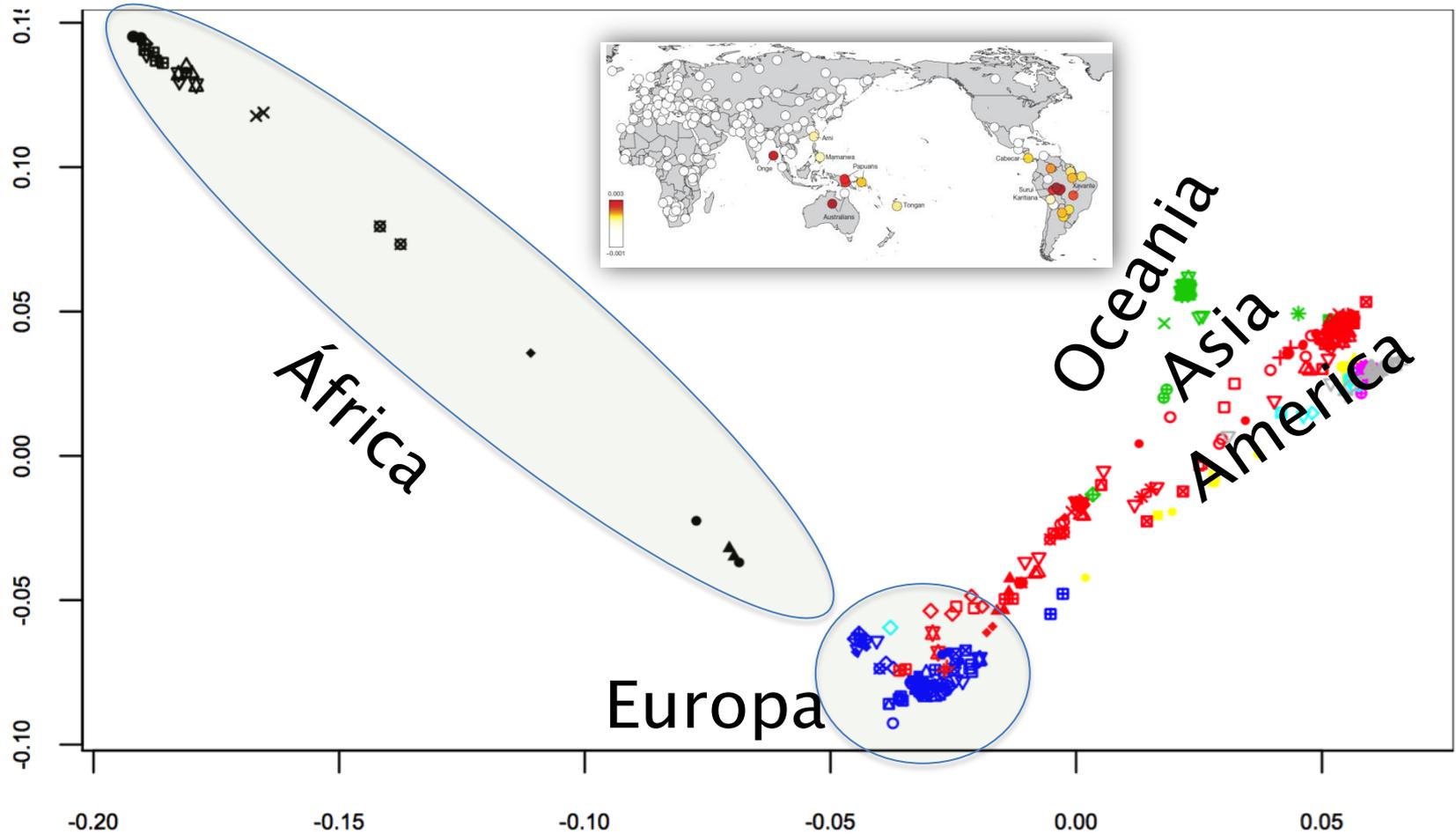
- Comparação com séries de referência mundial de populações atuais (1240ka SNPs).



História Populacional da América

Ancestralidade extra-continental – o DNA da Lapa do Santo

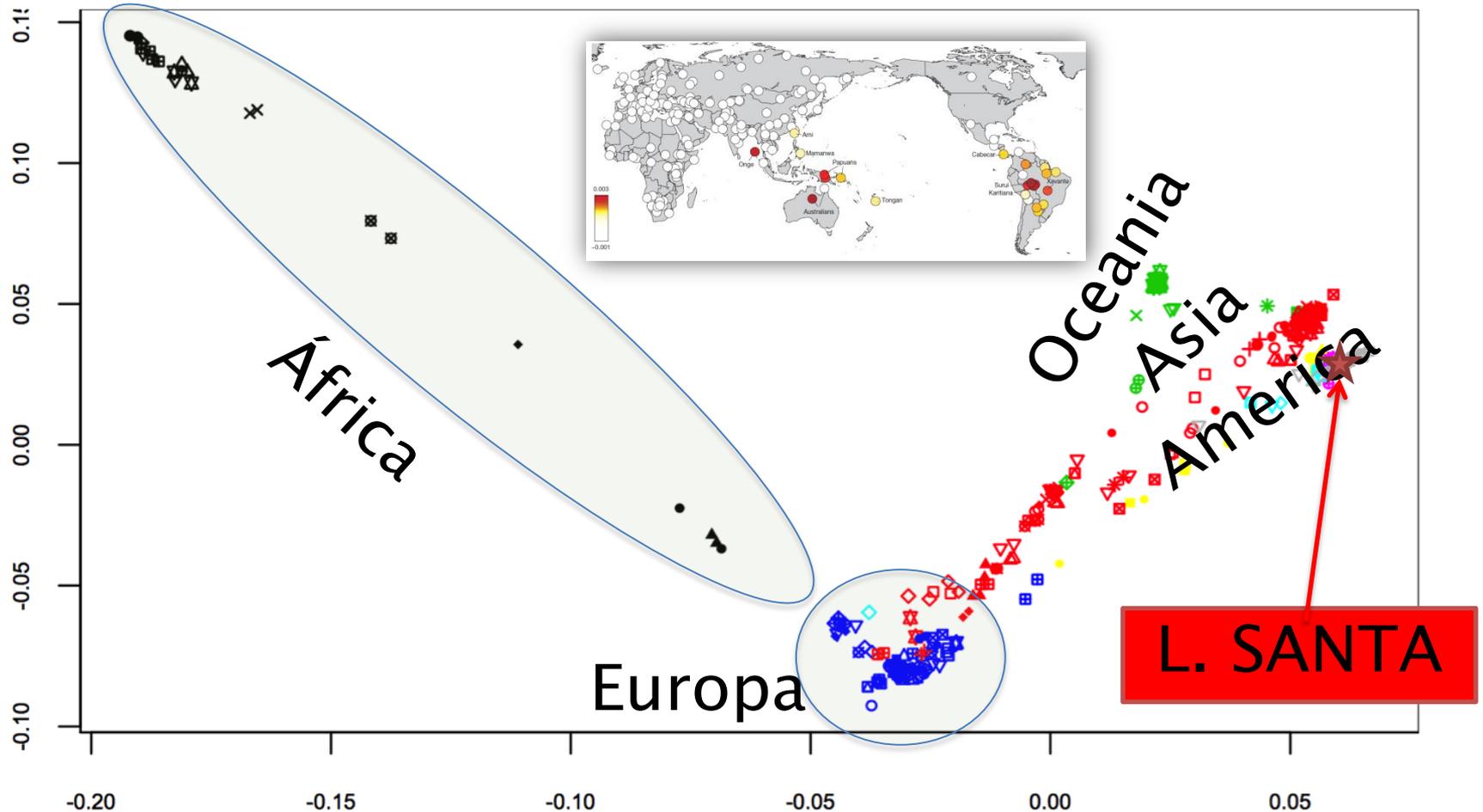
- Comparação com séries de referência mundial de populações atuais (1240ka SNPs).



História Populacional da América

Ancestralidade extra-continental – o DNA da Lapa do Santo

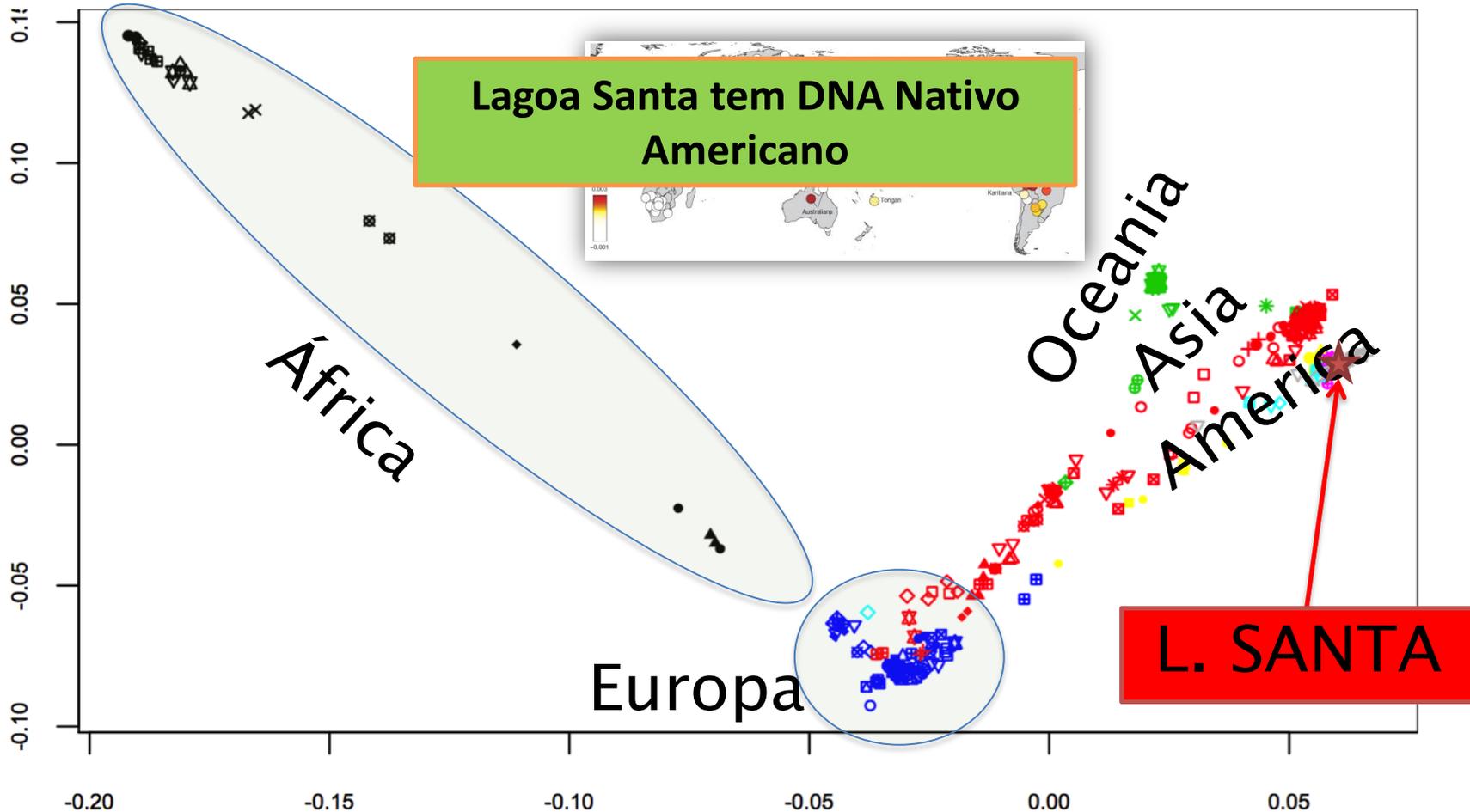
- Comparação com séries de referência mundial de populações atuais (1240ka SNPs).



História Populacional da América

Ancestralidade extra-continental – o DNA da Lapa do Santo

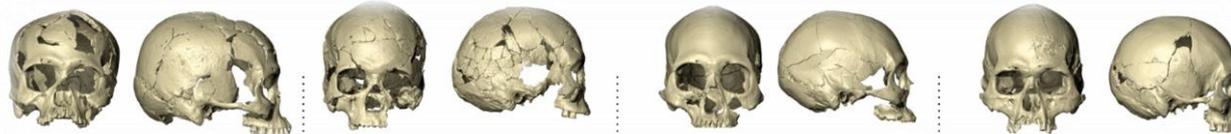
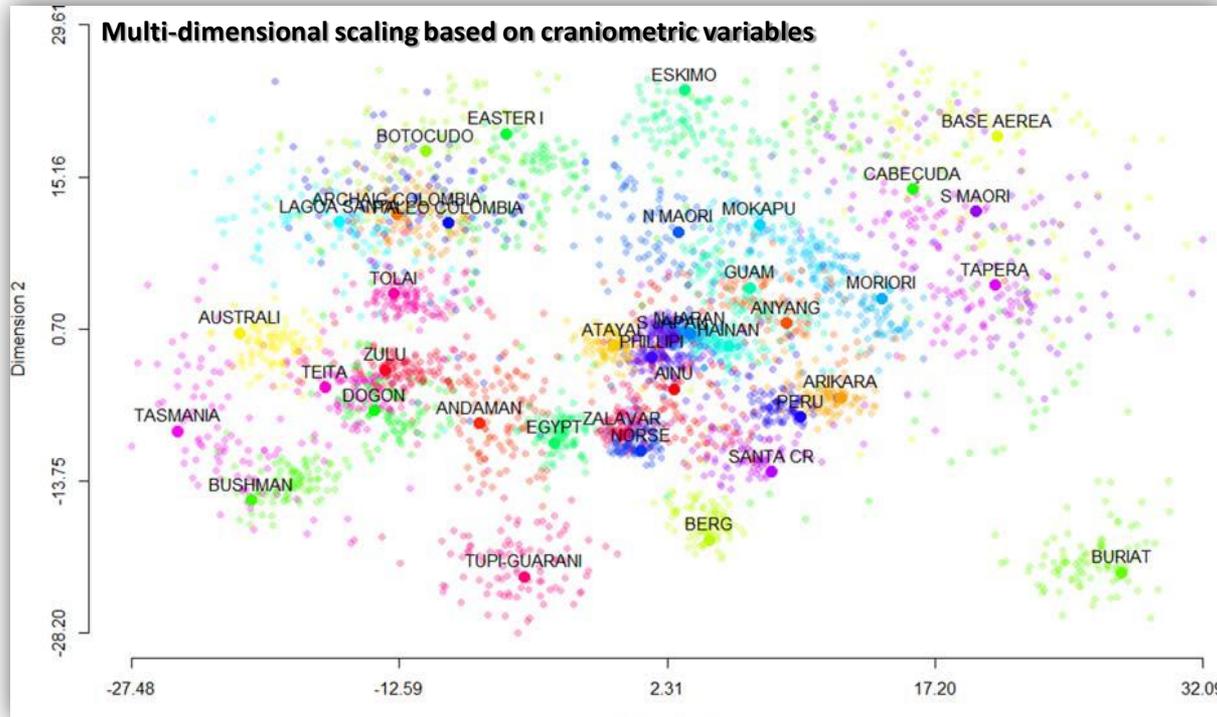
- Comparação com séries de referência mundial de populações atuais (1240ka SNPs).



História Populacional da América

Ancestralidade extra-continental – morfologia craniana

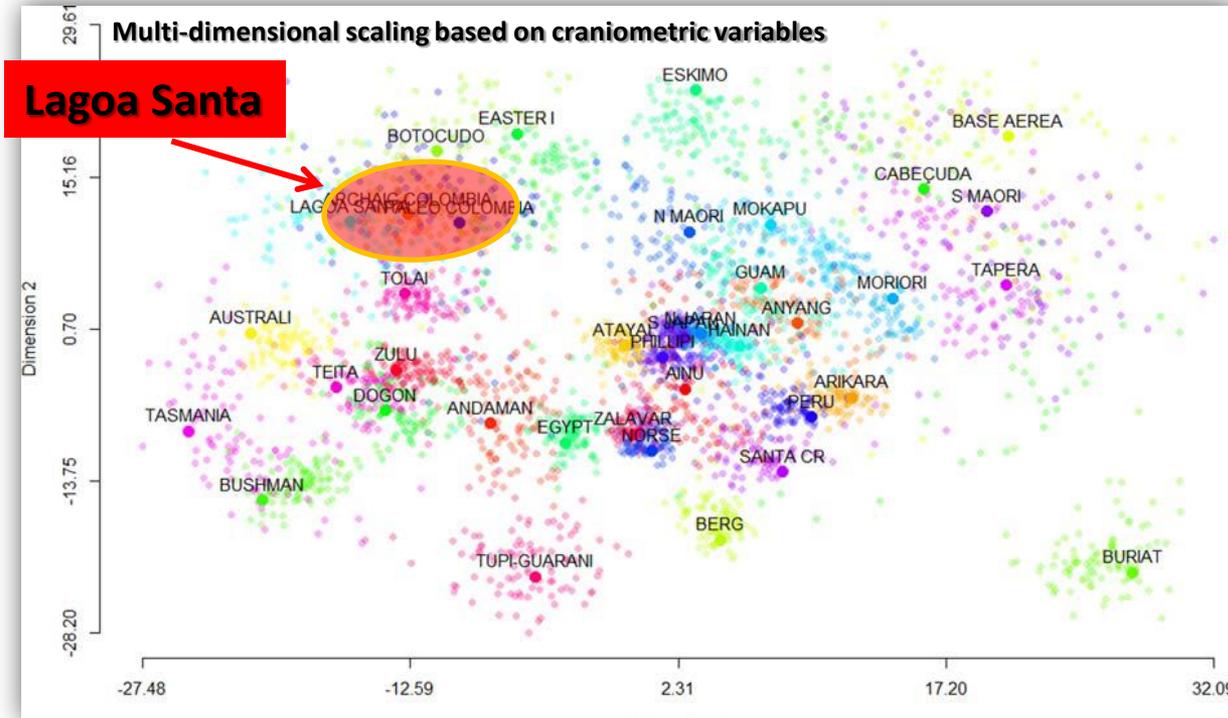
1. Modelo dos dois componentes biológicos principais (e.g. Neves e Hubbe 2005)



História Populacional da América

Ancestralidade extra-continental – morfologia craniana

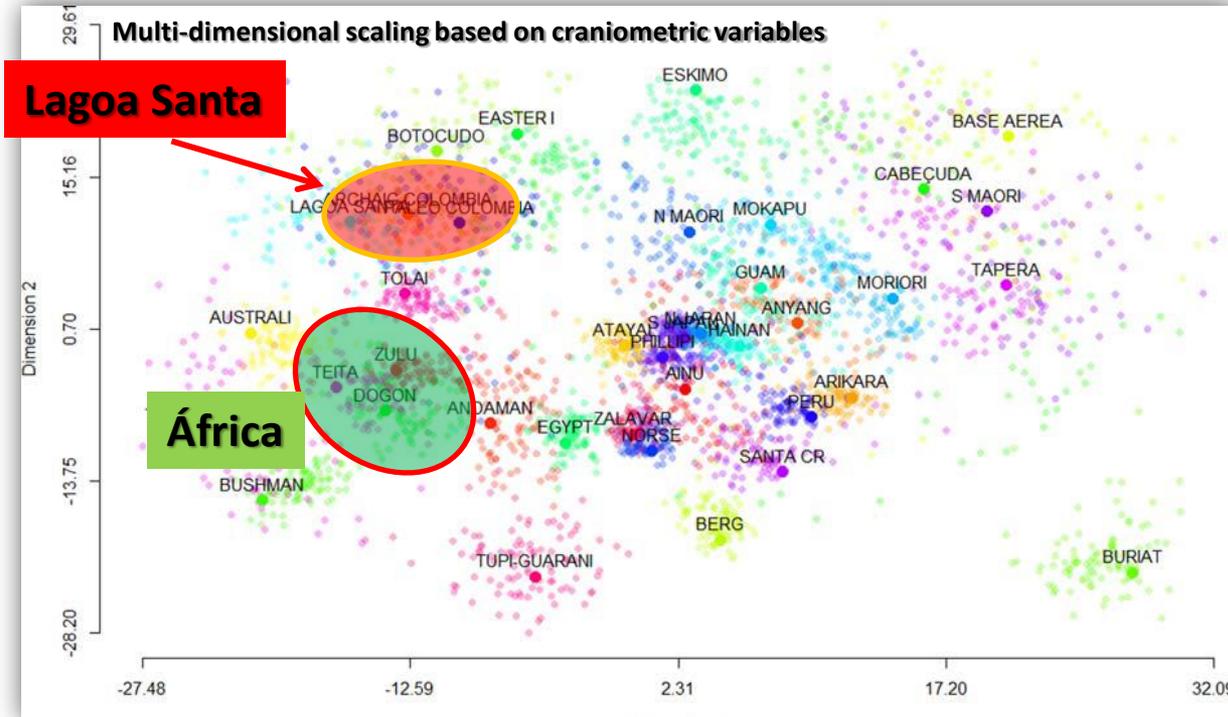
1. Modelo dos dois componentes biológicos principais (e.g. Neves e Hubbe 2005)



História Populacional da América

Ancestralidade extra-continental – morfologia craniana

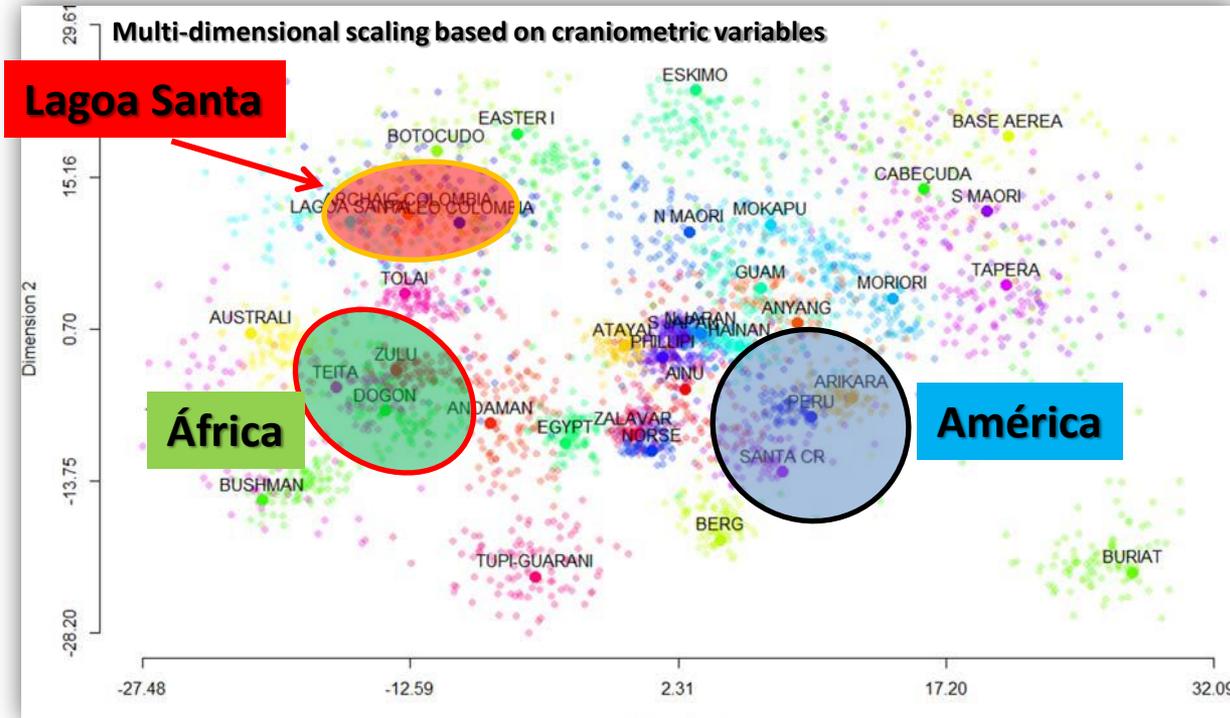
1. Modelo dos dois componentes biológicos principais (e.g. Neves e Hubbe 2005)



História Populacional da América

Ancestralidade extra-continental – morfologia craniana

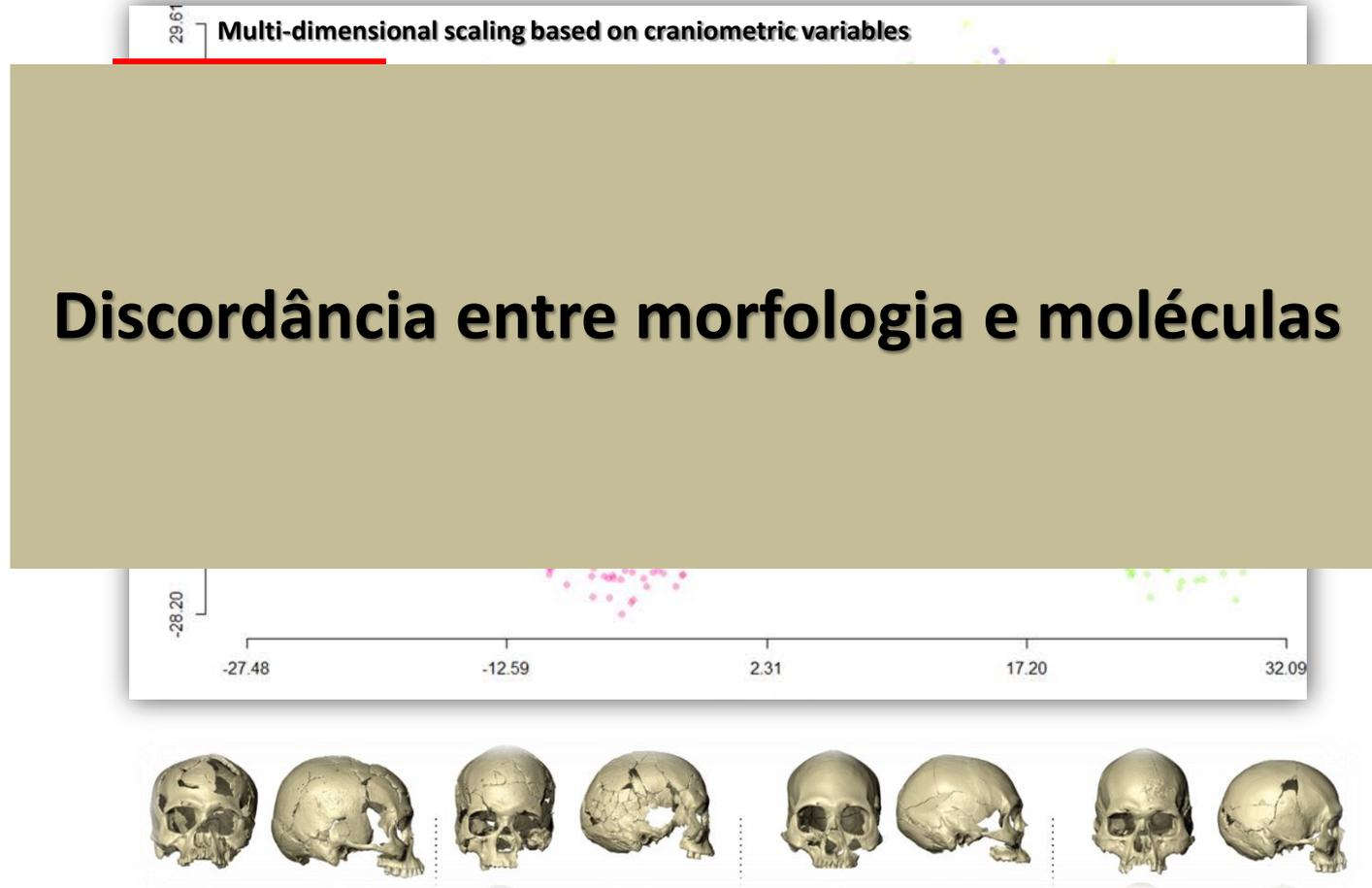
1. Modelo dos dois componentes biológicos principais (e.g. Neves e Hubbe 2005)



História Populacional da América

Ancestralidade extra-continental – morfologia craniana

1. Modelo dos dois componentes biológicos principais (e.g. Neves e Hubbe 2005)



História Populacional da América

Ancestralidade extra-continental – morfologia craniana

Os casos de ‘sobrevivência tardia’ também não apresetam sinais de afinidade extra-continental.

„Pericues“

Locality: Baja California

Date: Recent

Cran. morph: Paleoamerican (*González-José et al., 2003*)

DNA: Amerindian (*Raghavan et al., 2015*)

„Fuego-Patagonians“

Locality: South America

Date: Recent

Cran. morph: Paleoamerican (*Neves et al., 1999*)

DNA: Amerindian (*Raghavan et al., 2015*)

„Botocudos“

Locality: east Brazil

Date: Recent

Cran. morph: Paleoamerican (*Strauss et al., 2015*)

DNA: Amerindian (*Malspinas et al., 2013*)

História Populacional da América

Ancestralidade extra-continental – morfologia craniana

Os casos de ‘sobrevivência tardia’ também não apresentam sinais de afinidade extra-continental.

IMPORTANTE

Os Botocudos NÃO apresentam DNA da Polinésia!

„Fuefo

Locality: South America

Date: Recent

Cran. morph: Paleoamerican (Neves et al., 1999)

DNA: Amerindian (Raghavan et al., 2015)

„Botocudos“

Locality: east Brazil

Date: Recent

Cran. morph: Paleoamerican (Strauss et al., 2015)

DNA: Amerindian (Malspinas et al., 2013)

História Populacional da América

Ancestralidade extra-continental – morfologia craniana

Os casos
continent

de extra-

IMPORTANTE

Estudos possivelmente mostram que os casos de 'sobrevivência tardia' apresentam afinidades com linhagens ancestrais (e.g. Baja Califórnia)

No paper da Science as populações da Patagônia (Ayayema 5.1k e Punta Santa Ana 7.2k) parecem não ter sido afetados pelo influxo da Meso-América que diluiu a ancestralidade de L.Santa em diversas populações do continente

„Fuego

Botocudos“

Locality:

Date: Re

Cran. mo

DNA: Am

ility: east Brazil

Date: Recent

rauss et al., 2015)

pinas et al., 2013)

História Populacional da América

2. Morfologia craniana do Holoceno Inicial não seria diferente

- Nega a própria existência de uma morfologia “PaleoAmericana”

(e.g. Raghavan et al., 2015)

3. Plasticidade fenotípica (subsistência e nutrição)

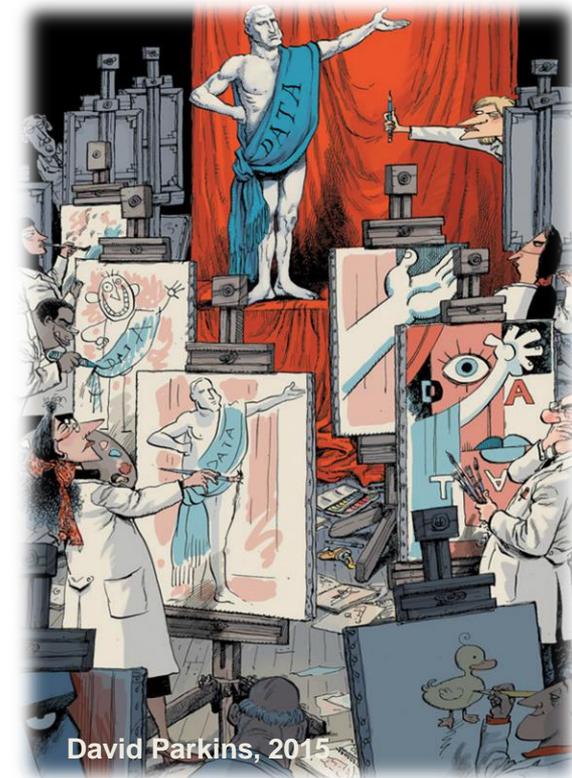
- América do Sul apresenta paisagens e ambientes muito diferentes entre si.
- Ao longo do Holocene mudanças drásticas no padrão de subsistência.
- Testes de Lande refutam deriva.

(e.g. Perez et al., 2009, 2011; Menendez et al., 2013)

4. A hipótese do ‘Fluxo Gênico Recorrente’

- Morfologia Paleoamericana seria um extremo da variação.
- Fluxo gênico contínuo entre Ásia e América

(e.g. González-José et al., 2008; Pascheta et al., 2013)



David Parkins, 2015

História Populacional da América

2. Morfologia craniana do Holoceno Inicial não seria diferente

- Nega a própria existência de uma morfologia “PaleoAmericana”

(e.g. Raghavan et al., 2015)

3. Plasticidade fenotípica (subsistência e nutrição)

- América do Sul apresenta paisagens e ambientes muito diferentes entre si.
- Ao longo do Holocene mudanças drásticas no padrão de subsistência.
- Testes de Lande refutam deriva.

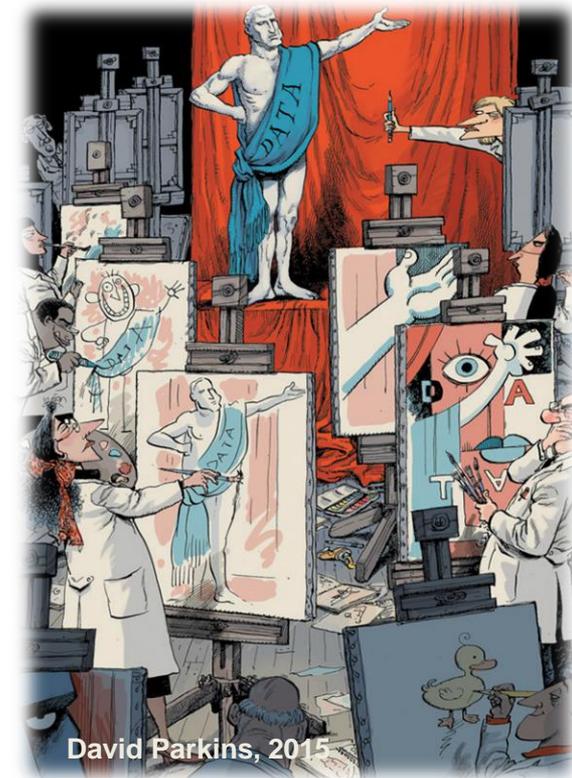
(e.g. Perez et al., 2009, 2011; Menendez et al., 2013)

4. A hipótese do ‘Fluxo Gênico Recorrente’

- Morfologia Paleoamericana seria um extremo da variação.
- Fluxo gênico contínuo entre Ásia e América

(e.g. González-José et al., 2008; Pascheta et al., 2013)

**REVISÃO DETALHADA NO MATERIAL
SUPLEMENTAR DO ARTIGO DA SCIENCE**

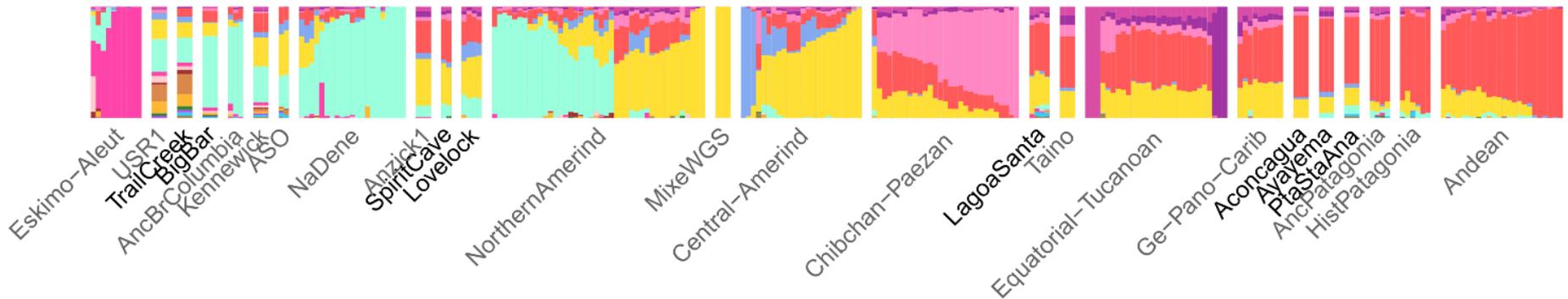
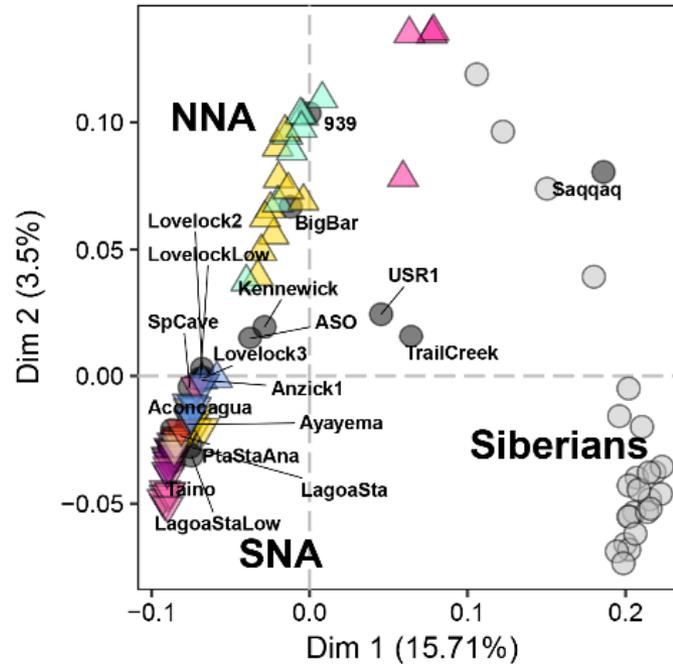


David Parkins, 2015

História Populacional da América

Ancestralidade extra-continental – o DNA do Sumidouro

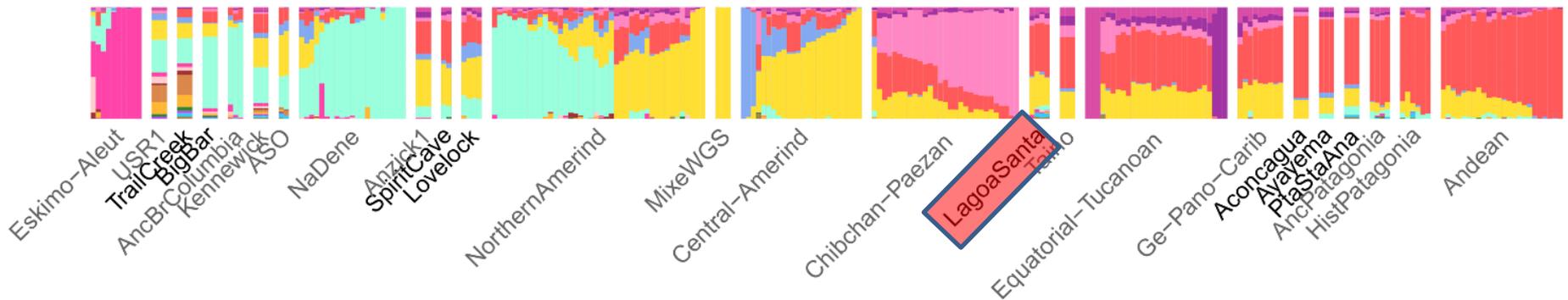
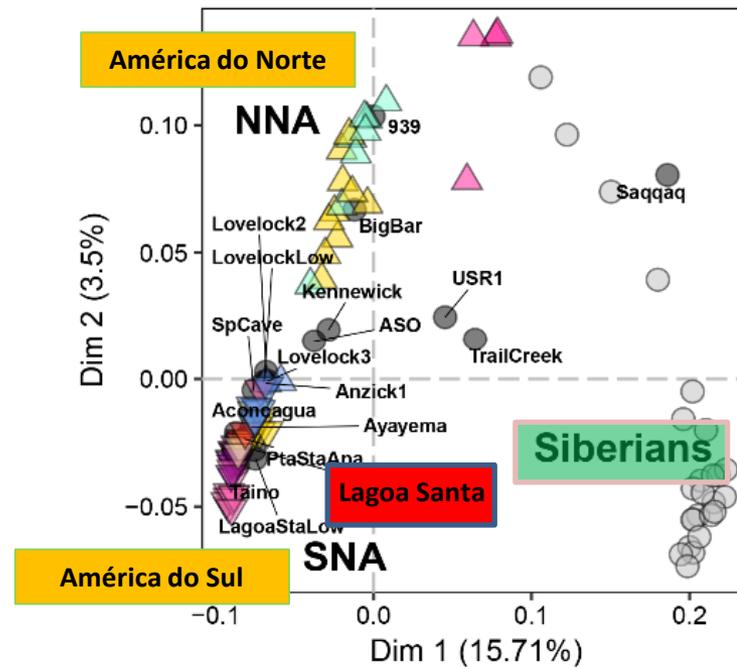
• Comparação com séries de referência da América do Sul (atuais e antigas – incluindo 5 do Sumidouro).



História Populacional da América

Ancestralidade extra-continental – o DNA do Sumidouro

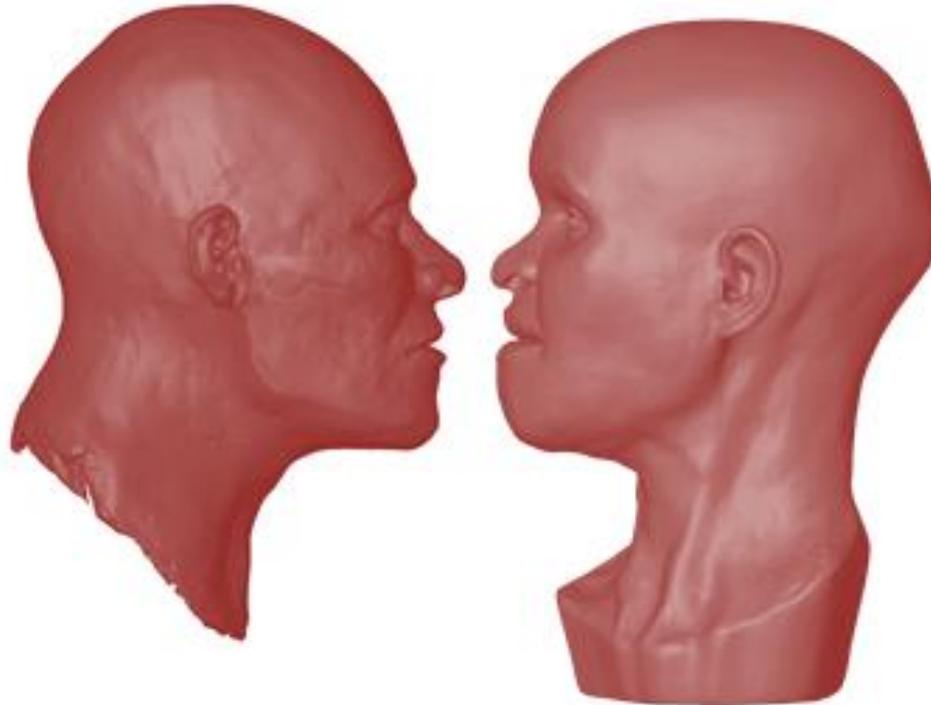
• Comparação com séries de referência da América do Sul (atuais e antigas – incluindo 5 do Sumidouro).



História Populacional da América

Ancestralidade extra-continental

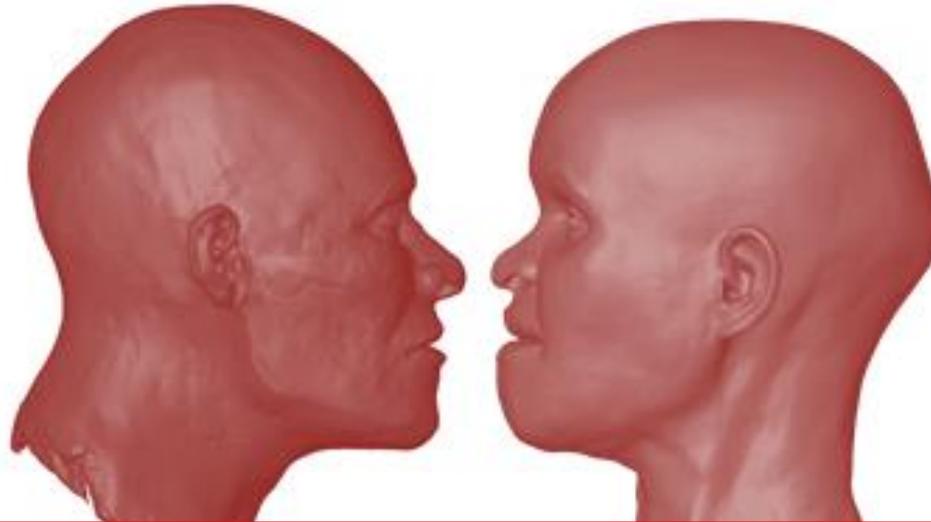
- Nova reconstrução facial com base no Sepultamento 26 da Lapa do Santo.
- Retrodeformação e posterior reconstrução pela Prof. Caroline Wilkinson.
- Abandona ênfase nas feições marcadamente africanas.
- Não foi feita a partir de análises genéticas.



História Populacional da América

Ancestralidade extra-continental

- Nova reconstrução facial com base no Sepultamento 26 da Lapa do Santo.
- Retrodeformação e posterior reconstrução pela Prof. Caroline Wilkinson.
- Abandona ênfase nas feições marcadamente africanas.
- Não foi feita a partir de análises genéticas.



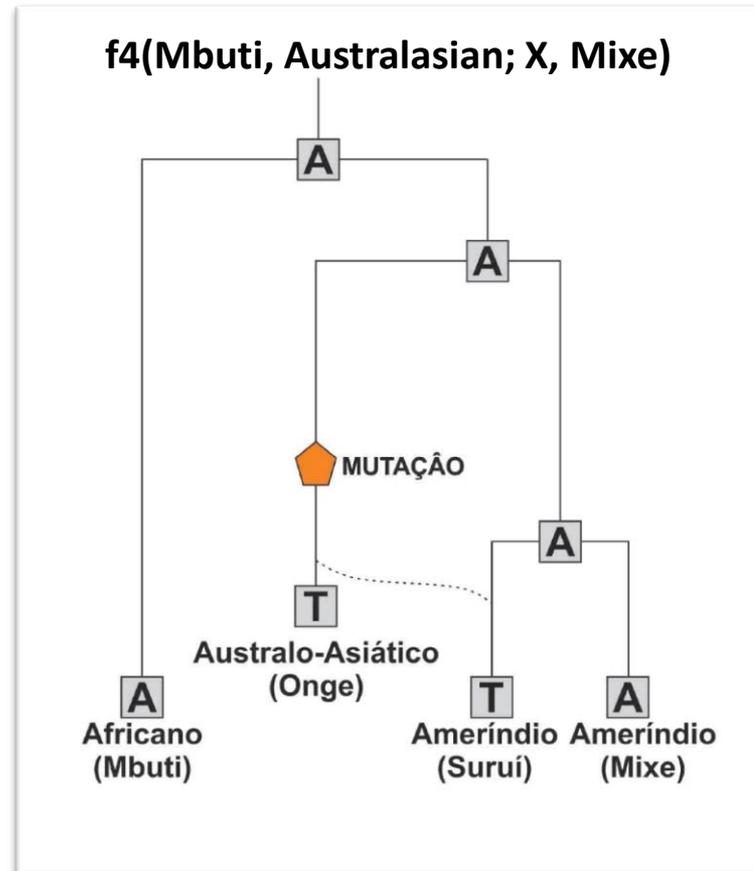
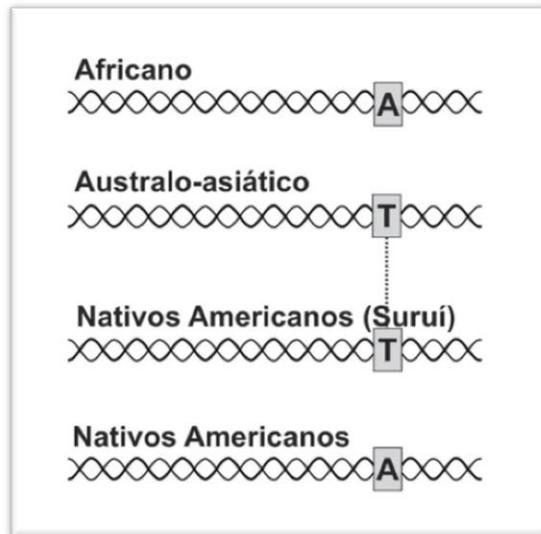
Pertencia Luzia ao Povo de Luzia?

História Populacional da América

Ancestralidade extra-continental – ‘População Y’

- Um indivíduo do Sumidouro apresentou ~3% de mistura Australo-Asiática.
- Todos os demais indivíduos de L.Santa (n=11/12) não apresentam sinal da ‘População Y’.
- Nenhuma outra população analisada - incluindo outros ‘Paleoamericanos’ - apresenta esse sinal.

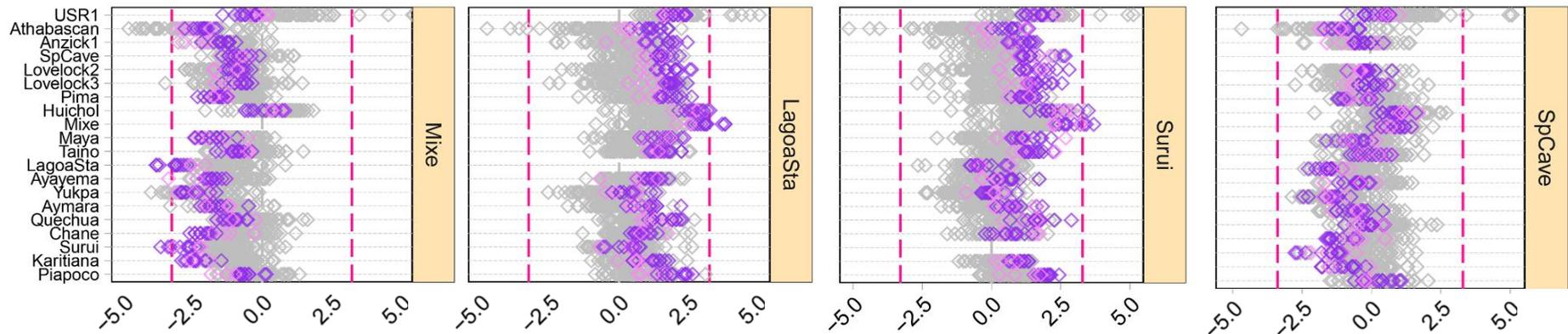
Estadística f_4 (Teste das quatro populações)



História Populacional da América

Ancestralidade extra-continental – ‘População Y’

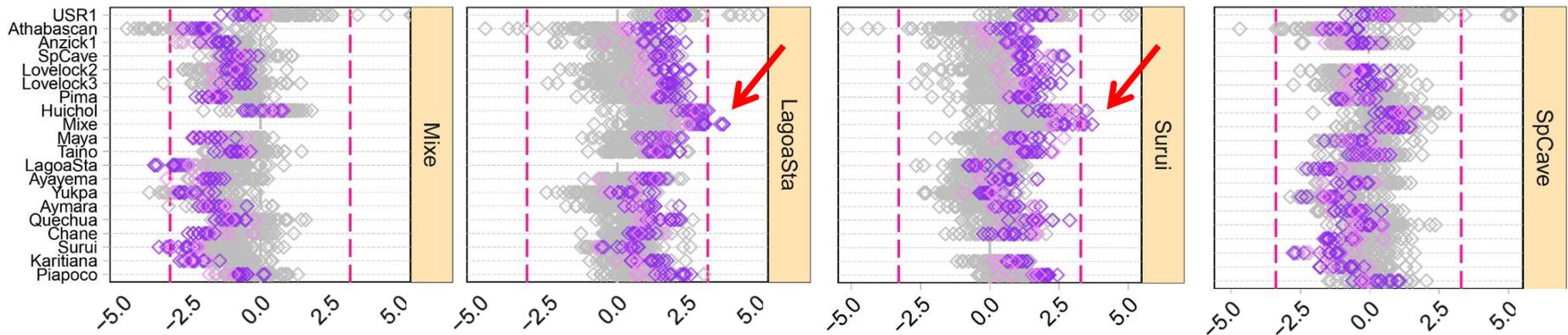
- Um indivíduo do Sumidouro apresentou ~3% de mistura Australo-Asiática.
- Todos os demais indivíduos de L.Santa (n=11/12) não apresentam sinal da ‘População Y’.
- Nenhuma outra população analisada - incluindo outros ‘Paleoamericanos’ - apresenta esse sinal.



História Populacional da América

Ancestralidade extra-continental – ‘População Y’

- Um indivíduo do Sumidouro apresentou ~3% de mistura Australo-Asiática.
- Todos os demais indivíduos de L.Santa (n=11/12) não apresentam sinal da ‘População Y’.
- Nenhuma outra população analisada - incluindo outros ‘Paleoamericanos’ - apresenta esse sinal.



História Populacional da América

Ancestralidade extra-continental – ‘População Y’

Um indivíduo do Sumidouro apresentou o sinal da Pop Y (~3%)

- 10.400 anos AP (diretamente datado mais antigo da Am.S.).
- Mesma intensidade que nas populações Amazônicas (não diluí?).
- Ausente em todas as demais populações, incluindo as linhagens basais siberianas (USR1 e Tail Creek) e Anzick-1/Spirit Cave (mais antigos).
- Presença em único indivíduo denotaria evento recente de mistura.
- Qual a história populacional que poderia implicar?
- Falso positivo?

História Populacional da América

Ancestralidade extra-continental – ‘População Y’

Um indivíduo do Sumidouro apresentou o sinal da Pop Y (~3%)

- **População Beringiana estruturada?**
- **Sobrevivência tardia de uma ocupação pré-LGM da América (e.g. Serra da Capivara e Santa Elina)?**
- **De todas as formas L.Santa não seria essa população, mas uma derivação tardia da radiação das populações Nativas Americanas (após as divergências que levaram a USR1/Tail Creek) e após a divergência basal entre Anc. A e Anc. B)**
- **Esse sinal (Pop Y) parece não estar associado à morfologia PaleoAmericana.**

‘... Presents a challenge in accounting for its presence in Lagoa Santa’

História Populacional da América

Ancestralidade extra-continental – ‘População Y’

**ESTA É A ÚNICA POSSÍVEL EVIDÊNCIA GENÉTICA PARA UMA
CRONOLOGIA PROFUNDA DA OCUPAÇÃO DA AMÉRICA
(i.e. PRÉ ÚLTIMO MÁXIMO GLACIAL)**

Nativos Americanos



Africano
(Mbuti)

Suruí Ameríndio
(Mixe) (Mixe)

História Populacional da América

AFINIDADES COM AMÉRICA DO NORTE

História Populacional da América

Excesso de compartilhamento de alelos com Anzick (Clóvis):

- Populações que tem excesso: Chile_LosRieles_10900BP e Brazil_LapadoSanto_9600BP.
- Populações que NÃO tem excesso: Peru_Cuncaicha_9000BP, Peru_Lauricocha_8600BP, Argentine_ArroyoSeco2_7700BP.

OutGroup	Test	Early South American 1	Early South American 2	f4-statistic	Z-score	#SNPs
Mbuti	Anzick -12.8k	Peru_Lauricocha_8.6k	Chile_LosRieles_10.9k	0.002834	3.425	762k
Mbuti	Anzick -12.8k	Peru_Cuncaicha_9.0k	Chile_LosRieles_10.9k	0.002241	2.477	726k
Mbuti	Anzick -12.8k	Argentina_Arroyo2_7.7k	Chile_LosRieles_10.9k	0.001552	2.020	754k
Mbuti	Anzick -12.8k	Peru_Lauricocha_8.6k	Brazil_LapaDoSanto_9.6k	0.001633	3.109	955k
Mbuti	Anzick -12.8k	Peru_Cuncaicha_9.0k	Brazil_LapaDoSanto_9.6k	0.001005	1.542	875k
Mbuti	Anzick -12.8k	Argentina_Arroyo_7.7k	Brazil_LapaDoSanto_9.6k	0.000384	0.803	932k

História Populacional da América

Excesso de compartilhamento de alelos com Anzick (Clóvis):

- Populações que tem excesso: Chile_LosRieles_10900BP e Brazil_LapadoSanto_9600BP.
- Populações que NÃO tem excesso: Peru_Cuncaicha_9000BP, Peru_Lauricocha_8600BP, Argentine_ArroyoSeco2_7700BP.

OutGroup	Test	Early South American 1	Early South American 2	f4-statistic	Z-score	#SNPs
Mbuti	Anzick -12.8k	Peru_Lauricocha_8.6k	Chile_LosRieles_10.9k	0.002834	3.425	762k
Mbuti	Anzick -12.8k	Peru_Cuncaicha_9.0k	Chile_LosRieles_10.9k	0.002241	2.477	726k
Mbuti	Anzick -12.8k	Argentina_Arroyo2_7.7k	Chile_LosRieles_10.9k	0.001552	2.020	754k
Mbuti	Anzick -12.8k	Peru_Lauricocha_8.6k	Brazil_LapaDoSanto_9.6k	0.001633	3.109	955k
Mbuti	Anzick -12.8k	Peru_Cuncaicha_9.0k	Brazil_LapaDoSanto_9.6k	0.001005	1.542	875k
Mbuti	Anzick -12.8k	Argentina_Arroyo_7.7k	Brazil_LapaDoSanto_9.6k	0.000384	0.803	932k

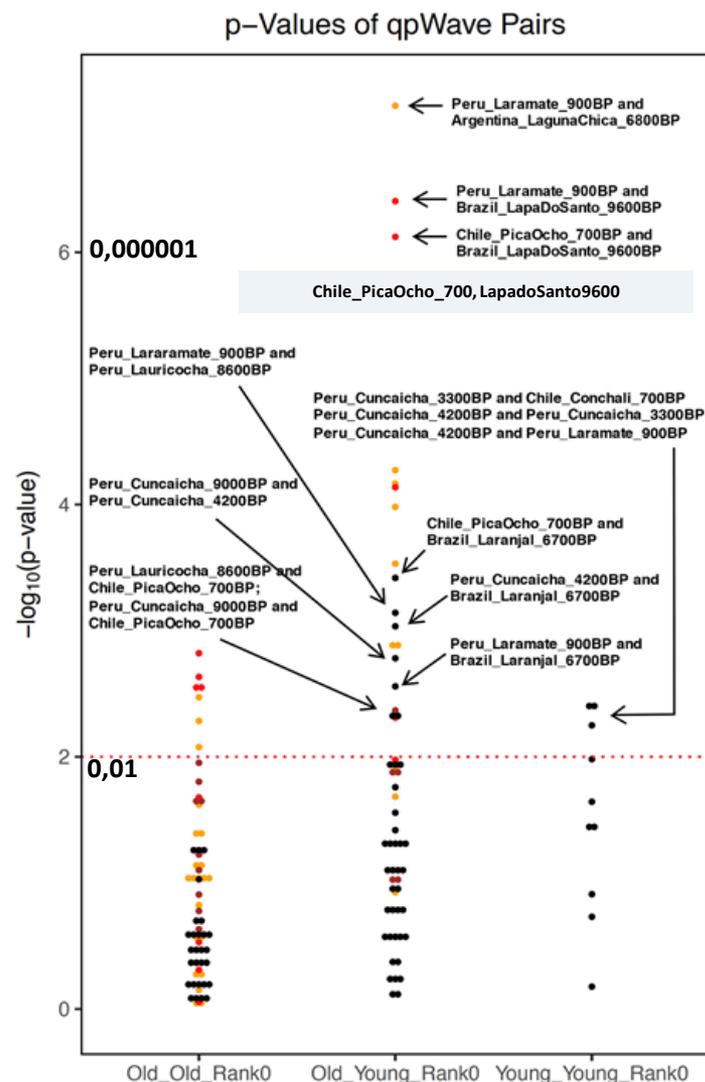
História Populacional da América

Excesso de compartilhamento de alelos com Anzick (Clóvis):

- qpWave (Reich et al., 2012): estima o número mínimo de fontes ancestrais que devem ter contribuído para um conjunto de populações.

Hipótese nula: O par de população em questão tem como origem uma única população ancestral homogênea

- Comparações que envolvem a Lapa do Santo levam a uma forte rejeição da Hipótese Nula
- Valores significativos apenas quando Clóvis é incluído na análise.



História Populacional da América

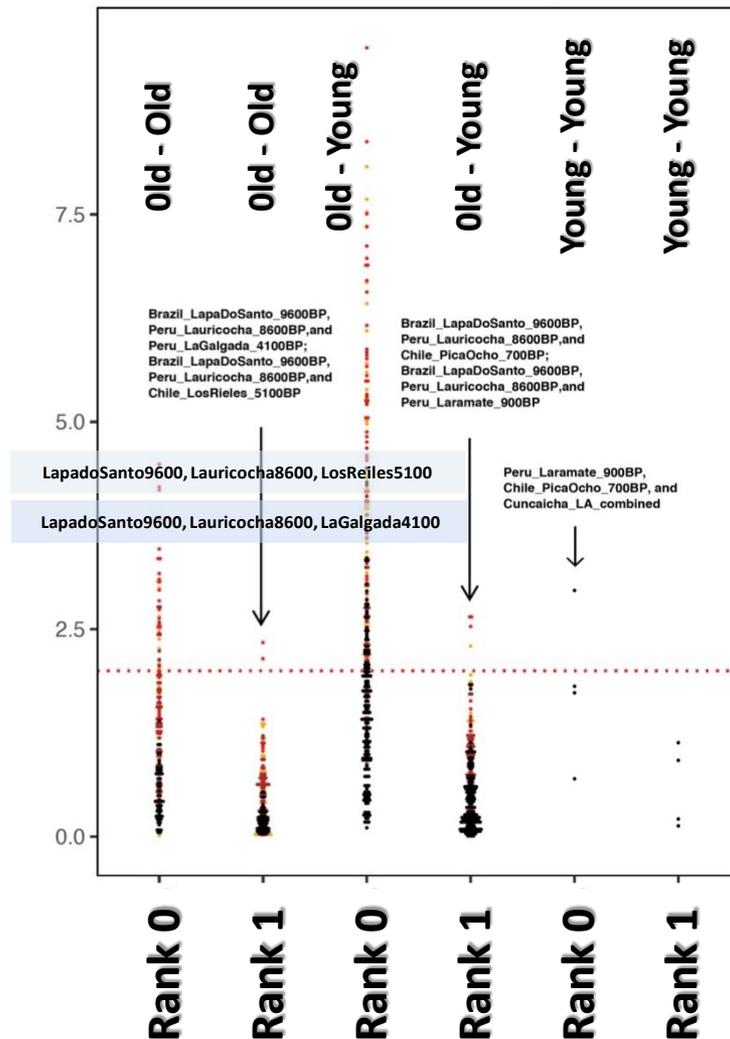
Excesso de compartilhamento de alelos com Anzick (Clóvis):

- qpWave (Reich et al., 2012): estima o número mínimo de fontes ancestrais que devem ter contribuído para um conjunto de populações.

Hipótese nula: As três populações em questão tem como origem uma única população ancestral homogênea (Rank 0) ou duas populações ancestrais homogêneas (Rank 1)

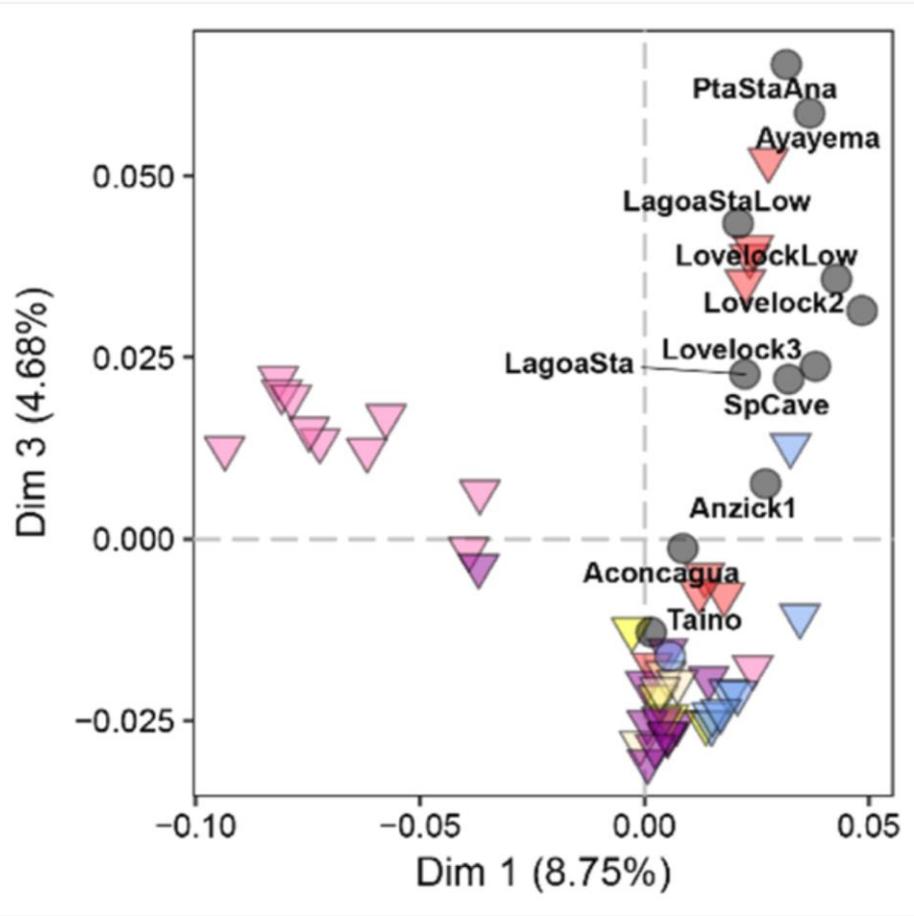
Valores significativos de ' p ' apenas quando Clóvis é incluído na análise

$p = 0.0023$ for (Early Andes, Brazil_LapaDoSanto_9600BP)
 $p = 0.0007$ for (Early Andes, Late Central Andes)
 $p = 0.0000004$ for (Brazil_LapaDoSanto_9600BP, Late Central Andes)



História Populacional da América

Afinidades não se limita à Anzick e inclui também Spirit Cave:

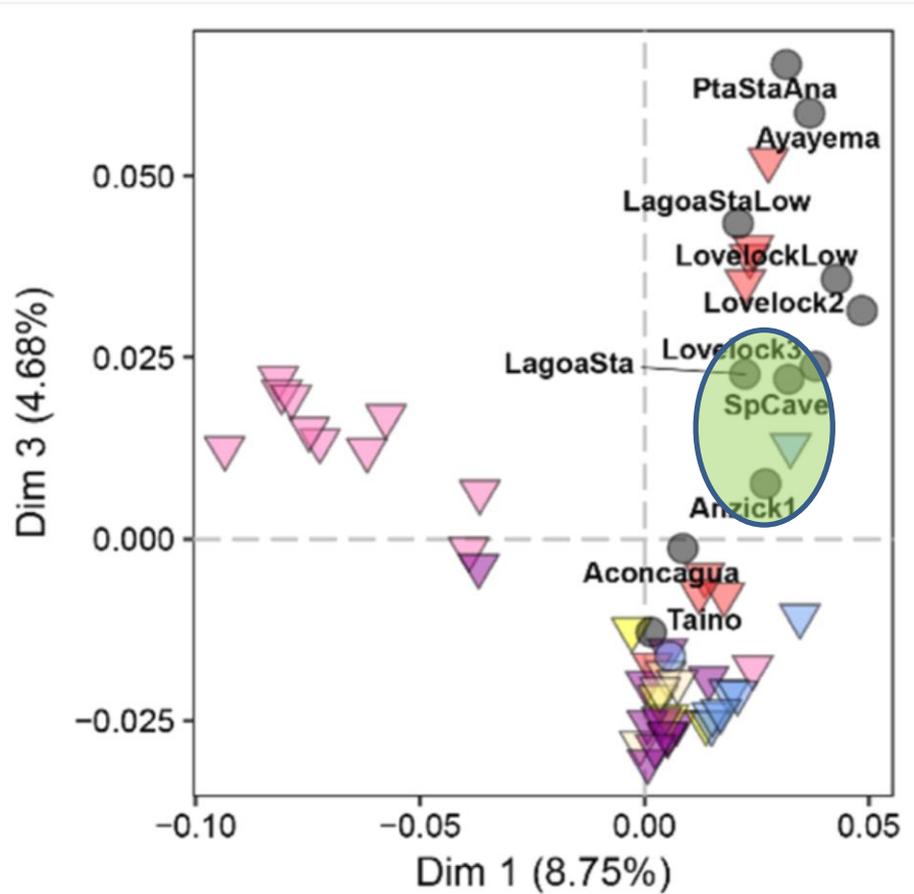


Reforça associação entre Anzick-1, Spirit Cave a Lagoa Santa (Sumidouro)

MDS of South American Samples

História Populacional da América

Afinidades não se limita à Anzick e inclui também Spirit Cave:

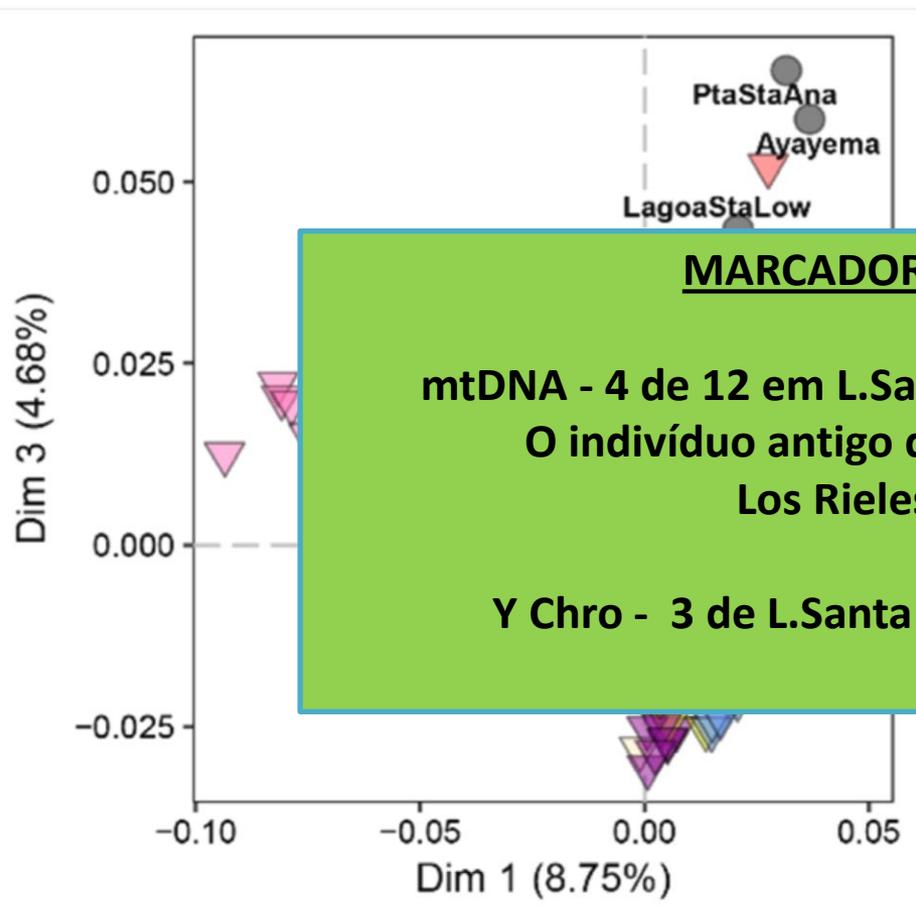


Reforça associação entre Anzick-1, Spirit Cave a Lagoa Santa (Sumidouro)

MDS of South American Samples

História Populacional da América

Afinidades não se limita à Anzick e inclui também Spirit Cave:



MARCADORES UNIPARENTAIS

mtDNA - 4 de 12 em L.Santa apresentam D4h3a (Anzick)
O indivíduo antigo de Belize também é D4h3a
Los Rieles no Chile é C1b

Y Chro - 3 de L.Santa apresentam QM848 (Spirit)

ck-1,
douro)

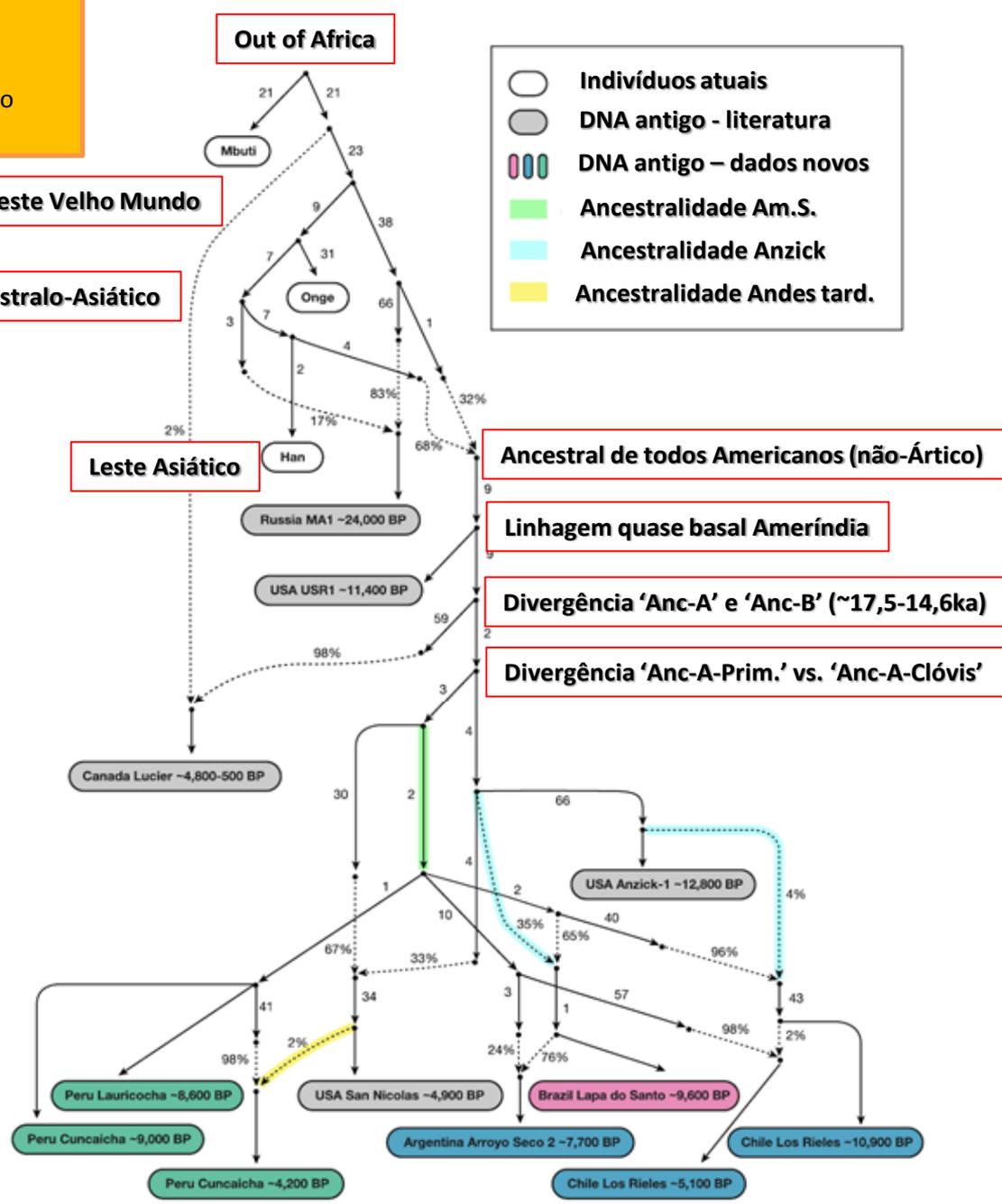
MDS of South American Samples

qpGraphWave (Patterson et al., 2012):

Determina se um modelo específico de divergência e mistura populacional é consistente com todas as estatísticas-f relacionando grupos de duas, três equatro populações.

Divergência Leste vs. Oeste Velho Mundo

Divergência Leste vs. Australo-Asiático



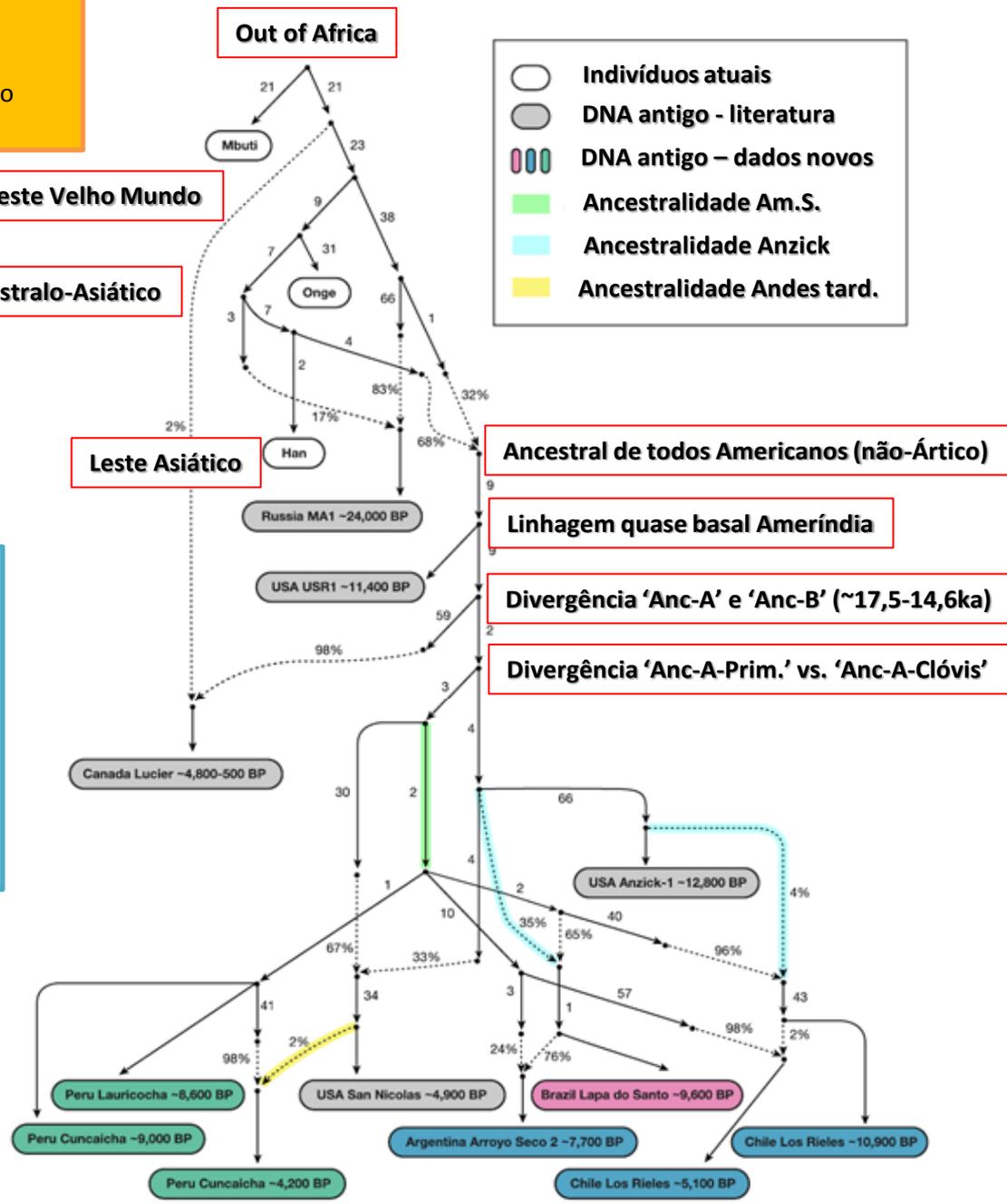
qpGraphWave (Patterson et al., 2012):

Determina se um modelo específico de divergência e mistura populacional é consistente com todas as estatísticas-f relacionando grupos de duas, três equatro populações.

Divergência Leste vs. Oeste Velho Mundo

Divergência Leste vs. Australo-Asiático

- 3 eventos de troca entre Am.N e Am.S.
- Ausência de 'Anc-B' na Am.S.
- Pouca deriva separando as linhagens antigas (não se resolve a ordem dos eventos)
- Compatível com rápida radiação
- Ancestralidade específica compartilhada entre Anzick-1 e Lapa do Santo/Los Rieles



qpGraphWave (Patterson et al., 2012):

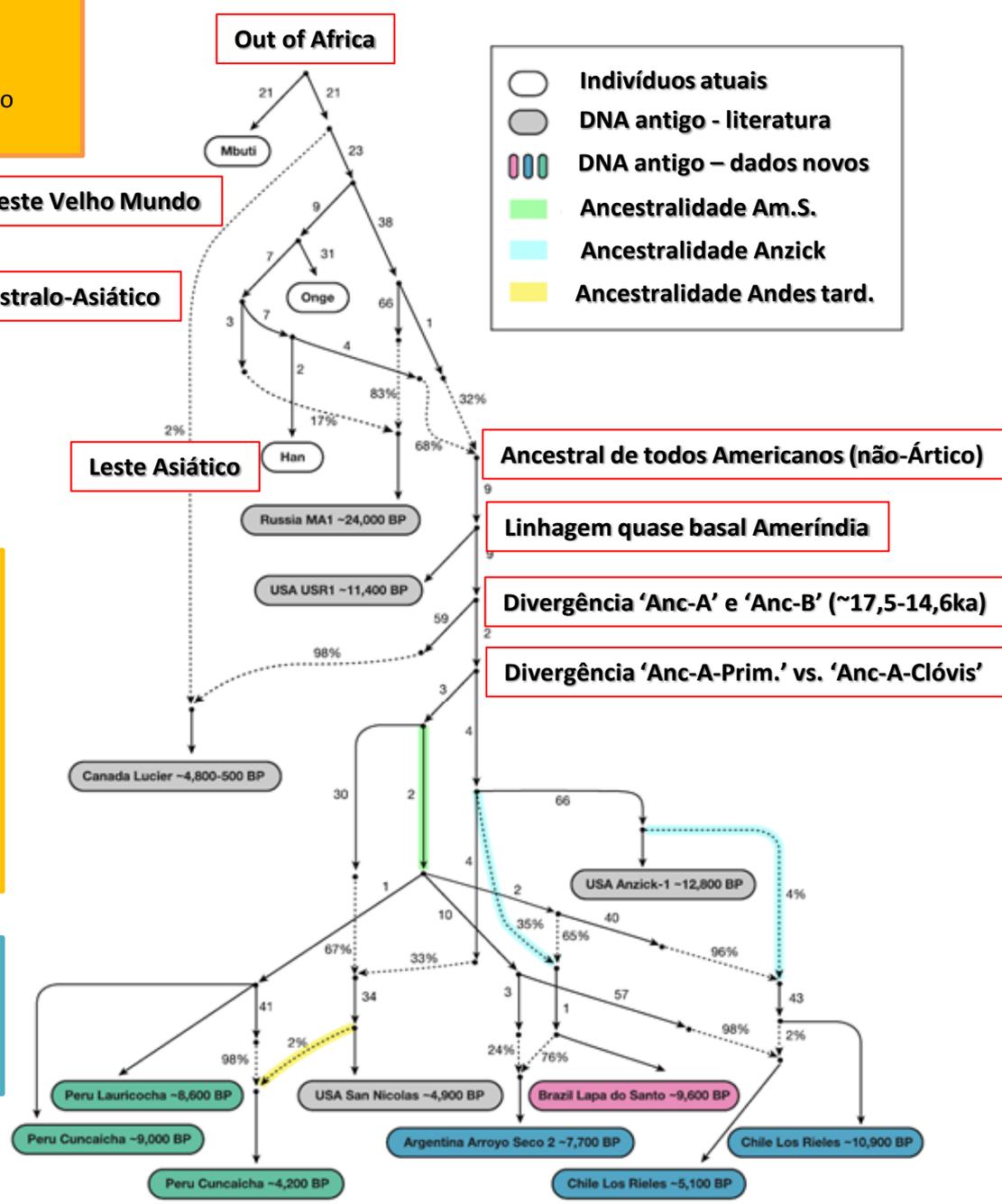
Determina se um modelo específico de divergência e mistura populacional é consistente com todas as estatísticas-f relacionando grupos de duas, três equatro populações.

Divergência Leste vs. Oeste Velho Mundo

Divergência Leste vs. Australo-Asiático

- 3 eventos de troca entre Am.N e Am.S.
- Ausência de 'Anc-B' na Am.S.
- Pouca deriva separando as linhagens antigas (não se resolve a ordem dos eventos)
- Compatível com rápida radiação
- Ancestralidade específica compartilhada entre Anzick-1 e Lapa do Santo/Los Rieles

Contribuição complexa e indireta.



História Populacional da América

Excesso de compartilhamento de alelos com Anzick (Clóvis):

- qpWave (Reich et al., 2012): estima o número mínimo de fontes ancestrais que devem ter contribuído para um conjunto de populações.

Quando os mesmos testes são aplicados a todos os possíveis pares de populações nativas pós-coloniais da América do Sul nenhuma comparação rejeita a Hipótese nula de uma única população ancestral homogênea (Rank 0).

Como e quando ocorre essa intensa homogeneização genética das populações nativas da América do Sul?

História Populacional da América

Excesso de compartilhamento de alelos com Anzick (Clóvis):

- qpWave (Reich et al., 2012): estima o número mínimo de fontes ancestrais que devem ter contribuído para um conjunto de populações.

Quando os mesmos testes são aplicados a todos os possíveis pares de populações nativas pós-coloniais da América do Sul nenhuma comparação rejeita a Hipótese nula de uma única população ancestral homogênea (Rank 0).

Como e quando ocorre essa intensa homogeneização genética das populações nativas da América do Sul?

História Populacional da América

Excesso de compartilhamento de alelos com Anzick (Clóvis):

- qpWave (Reich et al., 2012): estima o número mínimo de fontes ancestrais que devem ter contribuído para um conjunto de populações.

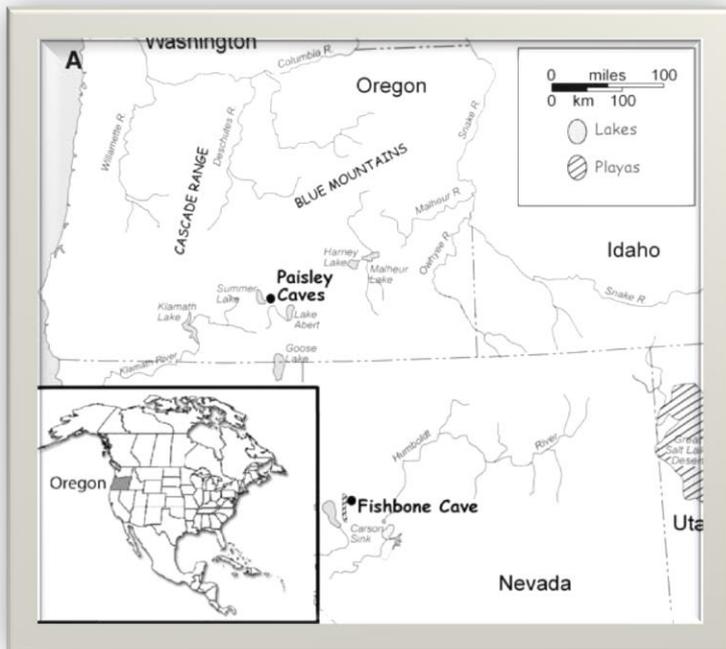
Quando os mesmos testes são aplicados a todos os possíveis pares de populações nativas pós-coloniais da América do Sul nenhuma comparação rejeita a Hipótese nula de uma única população ancestral homogênea (Rank 0).

Como e quando ocorre essa intensa homogeneização genética das populações nativas da América do Sul?

História Populacional da América

‘Clóvis first’?!?!?

- Dados genéticos estão entre as evidências mais robustas para a ocupação pré-Clóvis do continente Americano.
- Primeiro estudo de arqueogenética do Novo Mundo foi justamente a comprovação de uma ocupação pré-Clóvis!



Sample	Hg	mtDNA		AMS dates (conventional ¹⁴ C years BP)		Cave	Fig. 18 no.#	CIE**	TP††
		16SII	Site of replication	Beta Analytic	Oxford Univ.				
1294-PC-5/7D-4	B2*	<i>C. latrans</i>	Uppsala	Not tested	1,308 ± 28	5	1	—	n/a
1374-PC-1/2A-28	B2‡		Uppsala	6,640 ± 40	6,608 ± 35	1	—	—	n/a
1294-PC-5/6B-40	B2‡	<i>C. lupus/familiaris</i> §	Uppsala	10,050 ± 50	10,965 ± 50	5	2	Human	n/a
1294-PC-5/6B-50	A2‡	<i>V. vulpes</i>	Uppsala	12,260 ± 60	12,140 ± 70	5	3	Human	Human
1294-PC-5/7C-31	B5,§§		Uppsala/Leipzig	12,290 ± 60	12,345 ± 55	5	4	Human	Human
1374-PC-5/5D-31	B2‡		Uppsala	12,400 ± 60	12,275 ± 55	5	5	—	Human

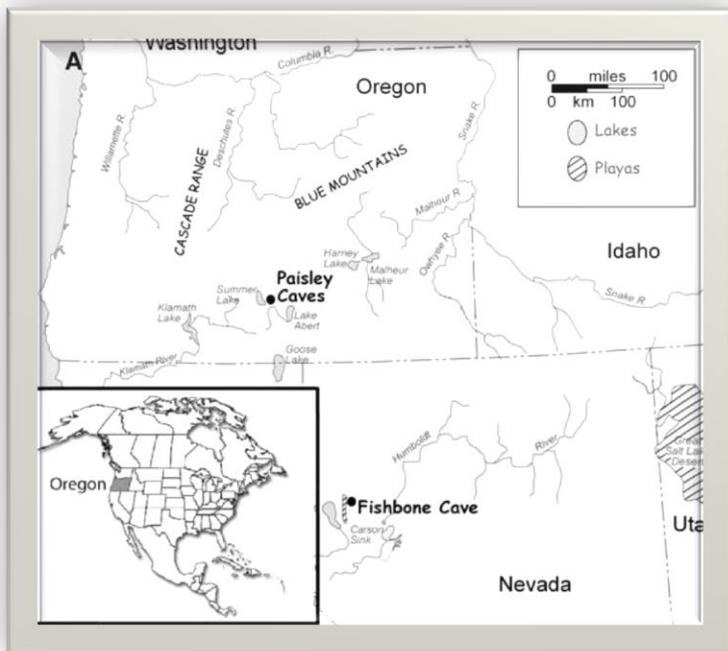
Mitochondrial DNA Hgs were identified with different techniques across laboratories as follows: *Copenhagen SNaPshot, Uppsala Pyrosequenced, Uppsala cloned; †Copenhagen SNaPshot, Copenhagen cloned, Uppsala Pyrosequenced, Uppsala cloned and sequenced; ‡Copenhagen SNaPshot, Uppsala Pyrosequenced; §Copenhagen SNaPshot, Uppsala Pyrosequenced, Leipzig cloned and sequenced. Although Hgs A and B are based on independently replicated results, sub-Hgs A2 and B2 are in general based on single laboratory analyses. For details, see SOM text. ||Canid sequences detected with generic mammalian 16S mtDNA primers. ¶Sequences are indistinguishable over genetic marker. #Sample identification in Fig. 1B. **Result of crossover immunoelectrophoresis analysis. (-) no result recovered because of poor protein preservation in the sample (see SOM text for more discussion). ††Result after reconstitution in trisodium phosphate solution. n/a, sample not assessed. §§Insufficient DNA was available to further resolve the haplogroup. |||Fig. S1.

História Populacional da América

‘Clóvis first’?!?!? NÃO, NUNCA, JAMAIS!

- Dados genéticos estão entre as evidências mais robustas para a ocupação pré-Clóvis do continente Americano.
- Primeiro estudo de arqueogenética do Novo Mundo foi justamente a comprovação de uma ocupação pré-Clóvis!

O coprólito pré-Clóvis de Oregon, EUA [ca. 14,270-14,000 cal AP]



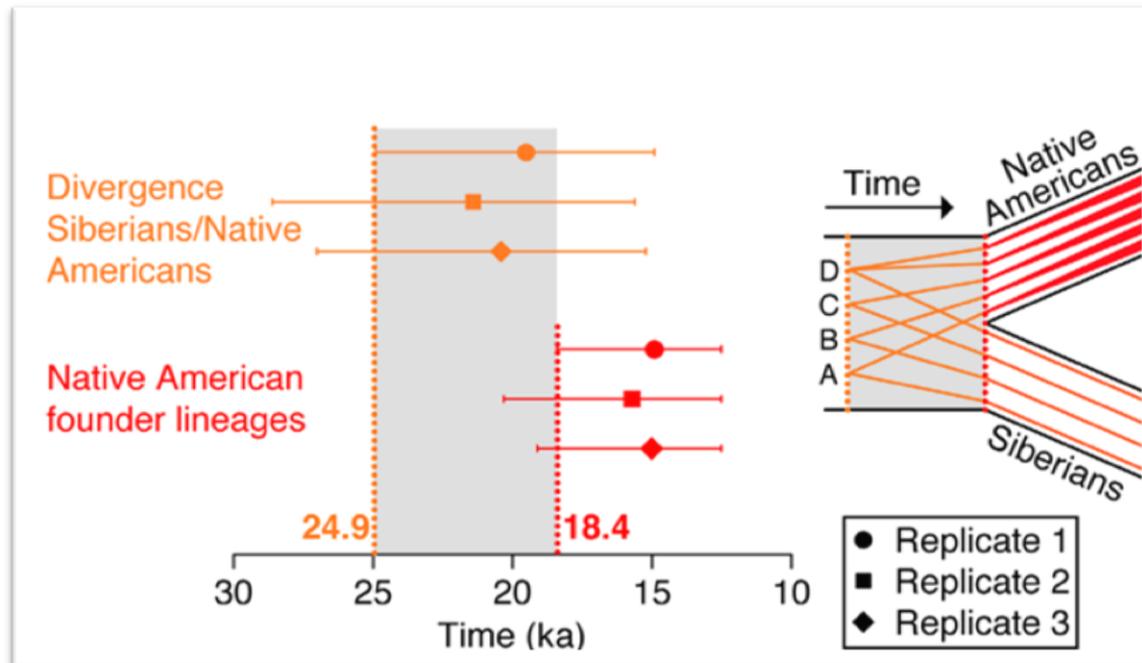
Sample	Hg	mtDNA		AMS dates (conventional ¹⁴ C years BP)		Cave	Fig. 18 no.#	CIE**	TP††
		16SII	Site of replication	Beta Analytic	Oxford Univ.				
1294-PC-5/7D-4	B2*	<i>C. latrans</i>	Uppsala	Not tested	1,308 ± 28	5	1	—	n/a
1374-PC-1/2A-28	B2†		Uppsala	6,640 ± 40	6,608 ± 35	1	—	—	n/a
1294-PC-5/6B-40	B2†	<i>C. lupus/familiaris</i> ‡	Uppsala	10,050 ± 50	10,965 ± 50	5	2	Human	n/a
1294-PC-5/6B-50	A2‡	<i>V. vulpes</i>	Uppsala	12,260 ± 60	12,140 ± 70	5	3	Human	Human
1294-PC-5/7C-31	B5,§§		Uppsala/Leipzig	12,290 ± 60	12,345 ± 55	5	4	Human	Human
1374-PC-5/5D-31	B2†		Uppsala	12,400 ± 60	12,275 ± 55	5	5	—	Human

Mitochondrial DNA Hgs were identified with different techniques across laboratories as follows: *Copenhagen SNaPshot, Uppsala Pyrosequenced, Uppsala cloned; †Copenhagen SNaPshot, Copenhagen cloned, Uppsala Pyrosequenced, Uppsala cloned and sequenced; ‡Copenhagen SNaPshot, Uppsala Pyrosequenced; §Copenhagen SNaPshot, Uppsala Pyrosequenced, Leipzig cloned and sequenced. Although Hgs A and B are based on independently replicated results, sub-Hgs A2 and B2 are in general based on single laboratory analyses. For details, see SOM text. ||Canid sequences detected with generic mammalian 16S mtDNA primers. ¶Sequences are indistinguishable over genetic marker. #Sample identification in Fig. 1B. **Result of crossover immunoelectrophoresis analysis. (-) no result recovered because of poor protein preservation in the sample (see SOM text for more discussion). ††Result after reconstitution in trisodium phosphate solution. n/a, sample not assessed. §§Insufficient DNA was available to further resolve the haplogroup. |||Fig. S1.

História Populacional da América

‘Clóvis first’?!?!? NÃO, NUNCA, JAMAIS!

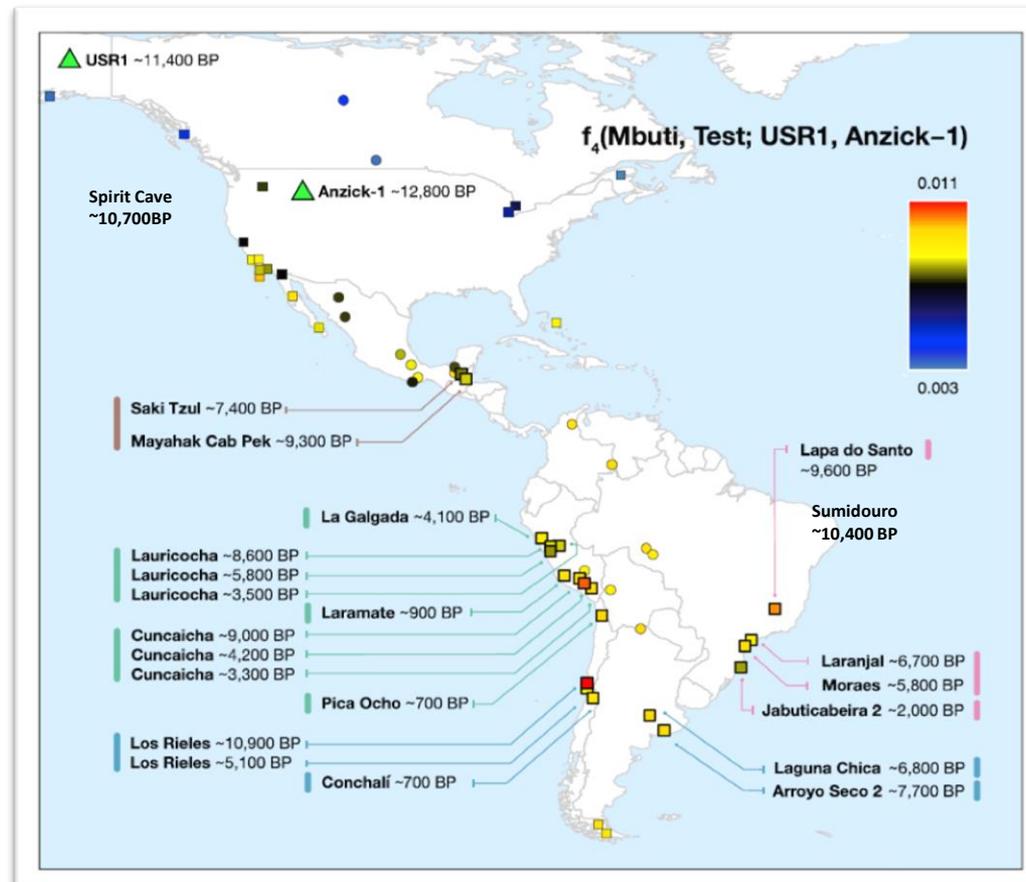
- Dados genéticos estão entre as evidências mais robustas para a ocupação pré-Clóvis do continente Americano.
- Primeiro estudo de arqueogenética do Novo Mundo foi justamente a comprovação de uma ocupação pré-Clóvis!



História Populacional da América

‘Clóvis first’ na América do Sul?

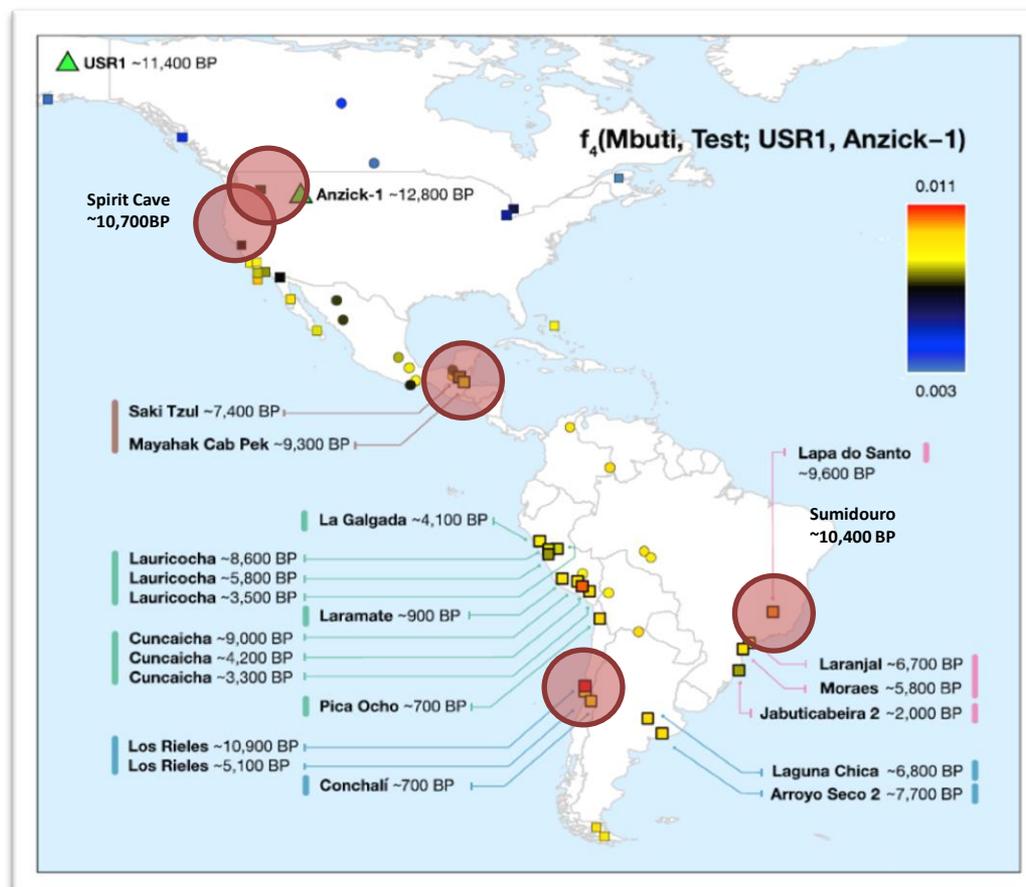
- No presente estudo as amostras mais antigas são: Los Rieles (~10,900 AP), Sumidouro (~10,400 AP), Lapa do Santo (~9,600 AP), Belize (~9,300 AP).
- No presente estudo as amostras com afinidade Anzick são: Los Rieles (~10,900 AP), Sumidouro (~10,400 AP), Lapa do Santo (~9,600 AP), Belize (~9,300 AP).



História Populacional da América

‘Clóvis first’ na América do Sul?

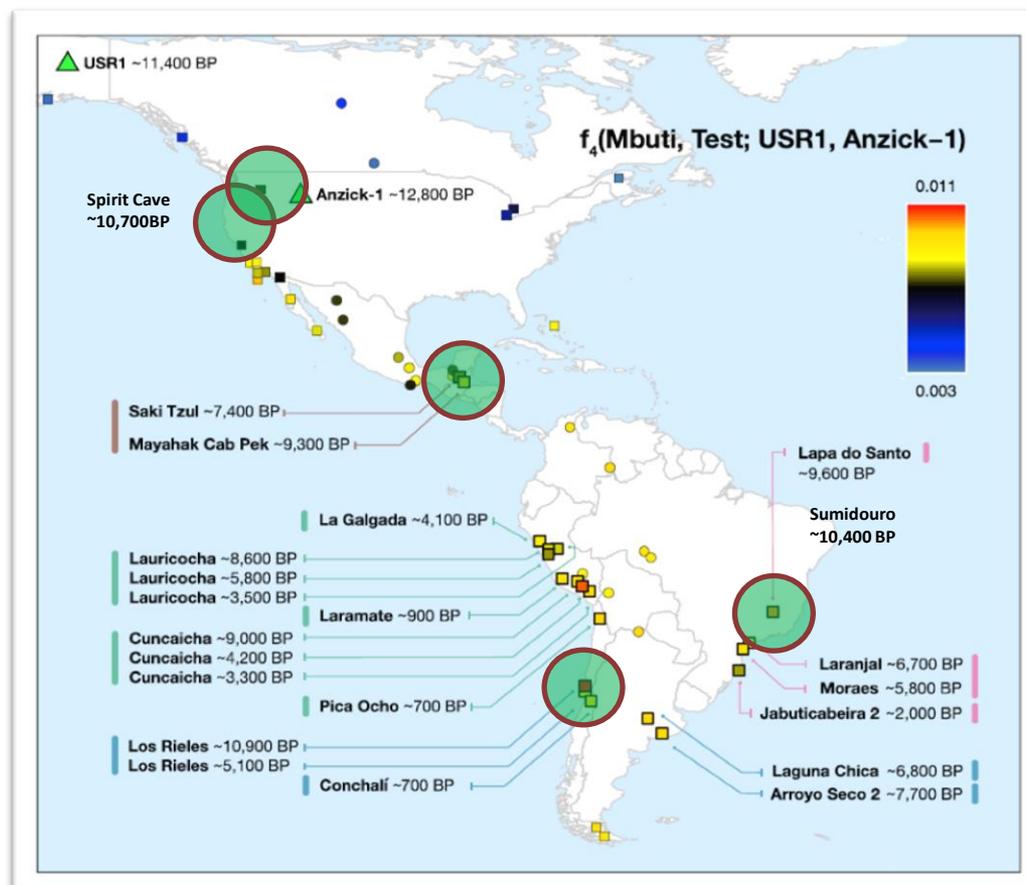
- No presente estudo as amostras mais antigas são: Los Rieles (~10,900 AP), Sumidouro (~10,400 AP), Lapa do Santo (~9,600 AP), Belize (~9,300 AP).
- No presente estudo as amostras com afinidade Anzick são: Los Rieles (~10,900 AP), Sumidouro (~10,400 AP), Lapa do Santo (~9,600 AP), Belize (~9,300 AP).



História Populacional da América

‘Clóvis first’ na América do Sul?

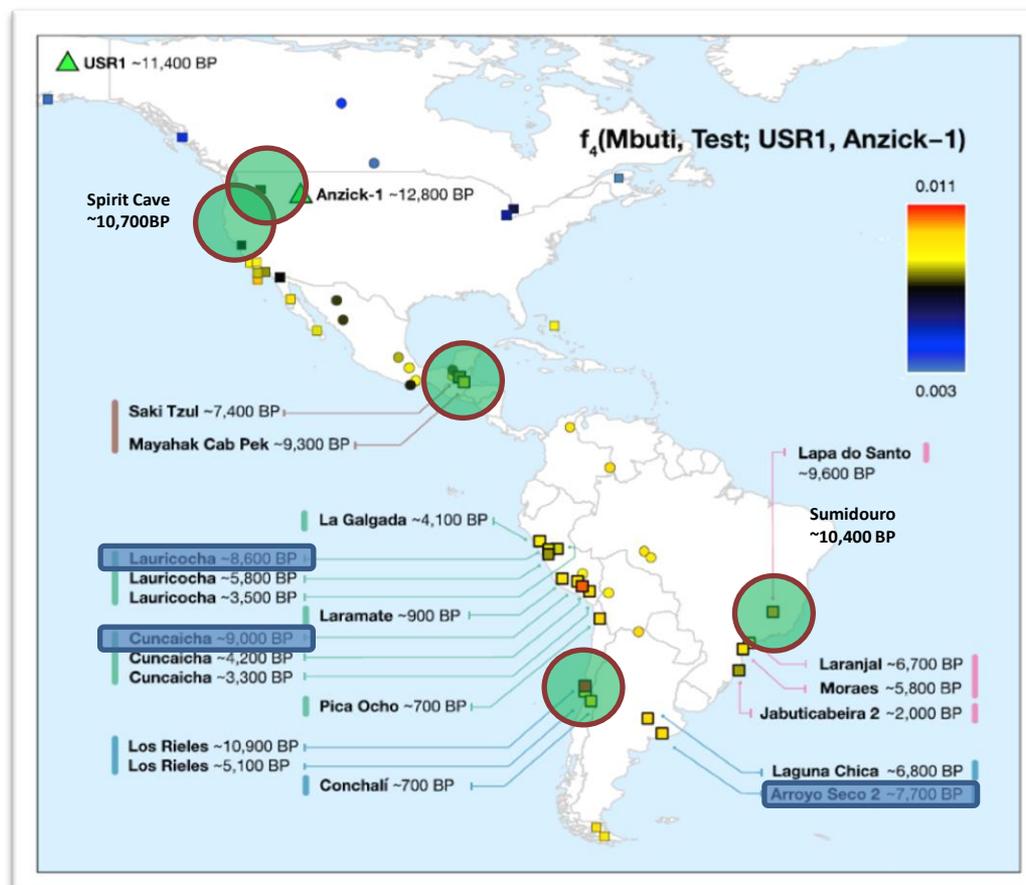
- No presente estudo as amostras mais antigas são: Los Rieles (~10,900 AP), Sumidouro (~10,400 AP), Lapa do Santo (~9,600 AP), Belize (~9,300 AP).
- No presente estudo as amostras com afinidade Anzick são: Los Rieles (~10,900 AP), Sumidouro (~10,400 AP), Lapa do Santo (~9,600 AP), Belize (~9,300 AP).



História Populacional da América

‘Clóvis first’ na América do Sul?

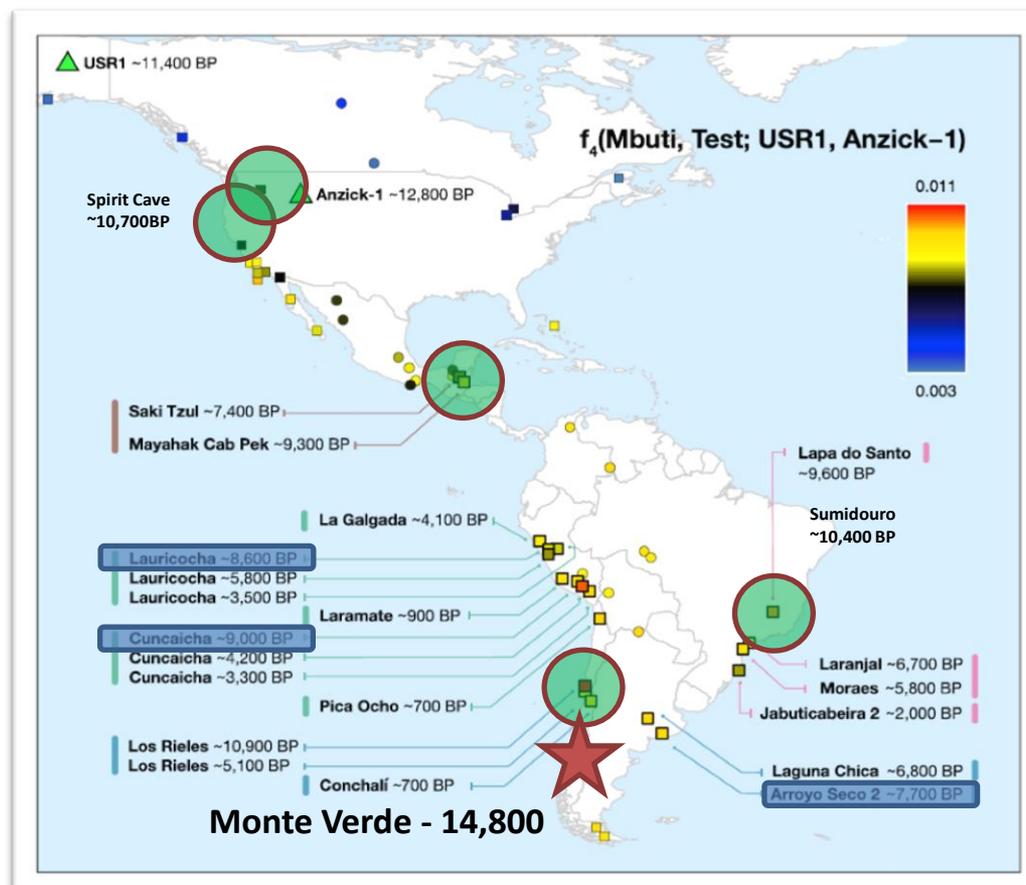
- No presente estudo as amostras mais antigas são: Los Rieles (~10,900 AP), Sumidouro (~10,400 AP), Lapa do Santo (~9,600 AP), Belize (~9,300 AP).
- No presente estudo as amostras com afinidade Anzick são: Los Rieles (~10,900 AP), Sumidouro (~10,400 AP), Lapa do Santo (~9,600 AP), Belize (~9,300 AP).



História Populacional da América

‘Clóvis first’ na América do Sul?

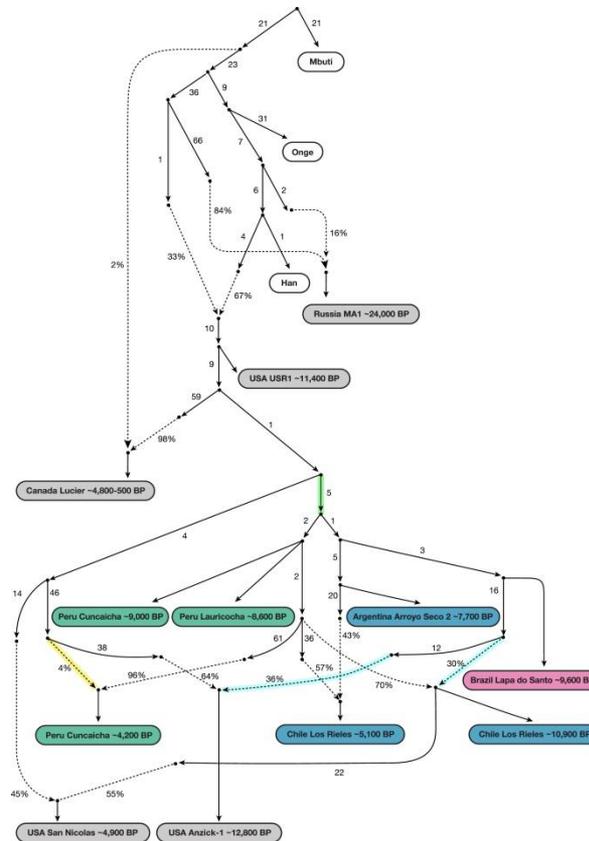
- No presente estudo as amostras mais antigas são: Los Rieles (~10,900 AP), Sumidouro (~10,400 AP), Lapa do Santo (~9,600 AP), Belize (~9,300 AP).
- No presente estudo as amostras com afinidade Anzick são: Los Rieles (~10,900 AP), Sumidouro (~10,400 AP), Lapa do Santo (~9,600 AP), Belize (~9,300 AP).



História Populacional da América

‘Clóvis first’ na América do Sul?

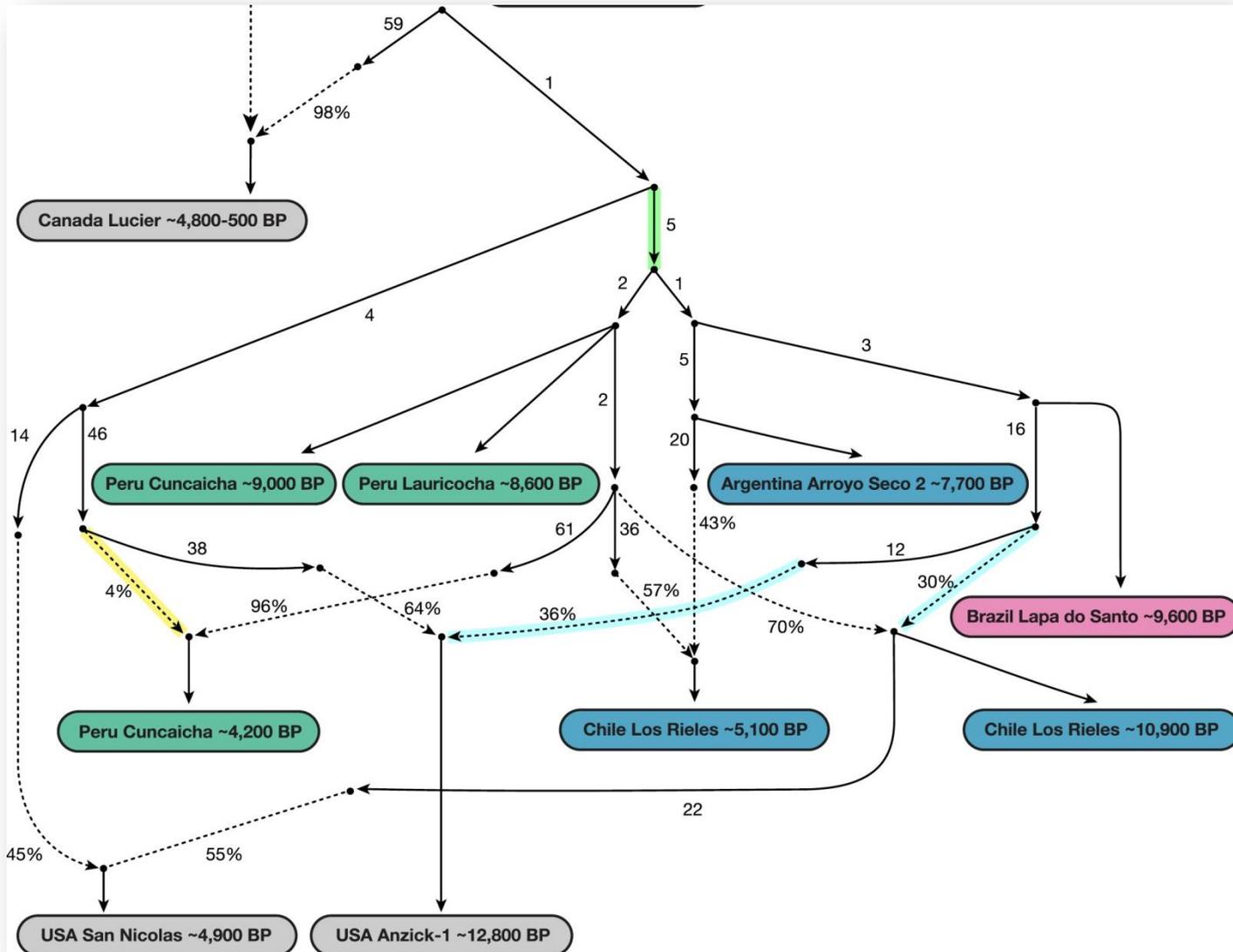
- qpGraph com protocolo semi-automatizado de minimização de ‘Z’



História Populacional da América

'Clóvis first' na América do Sul?

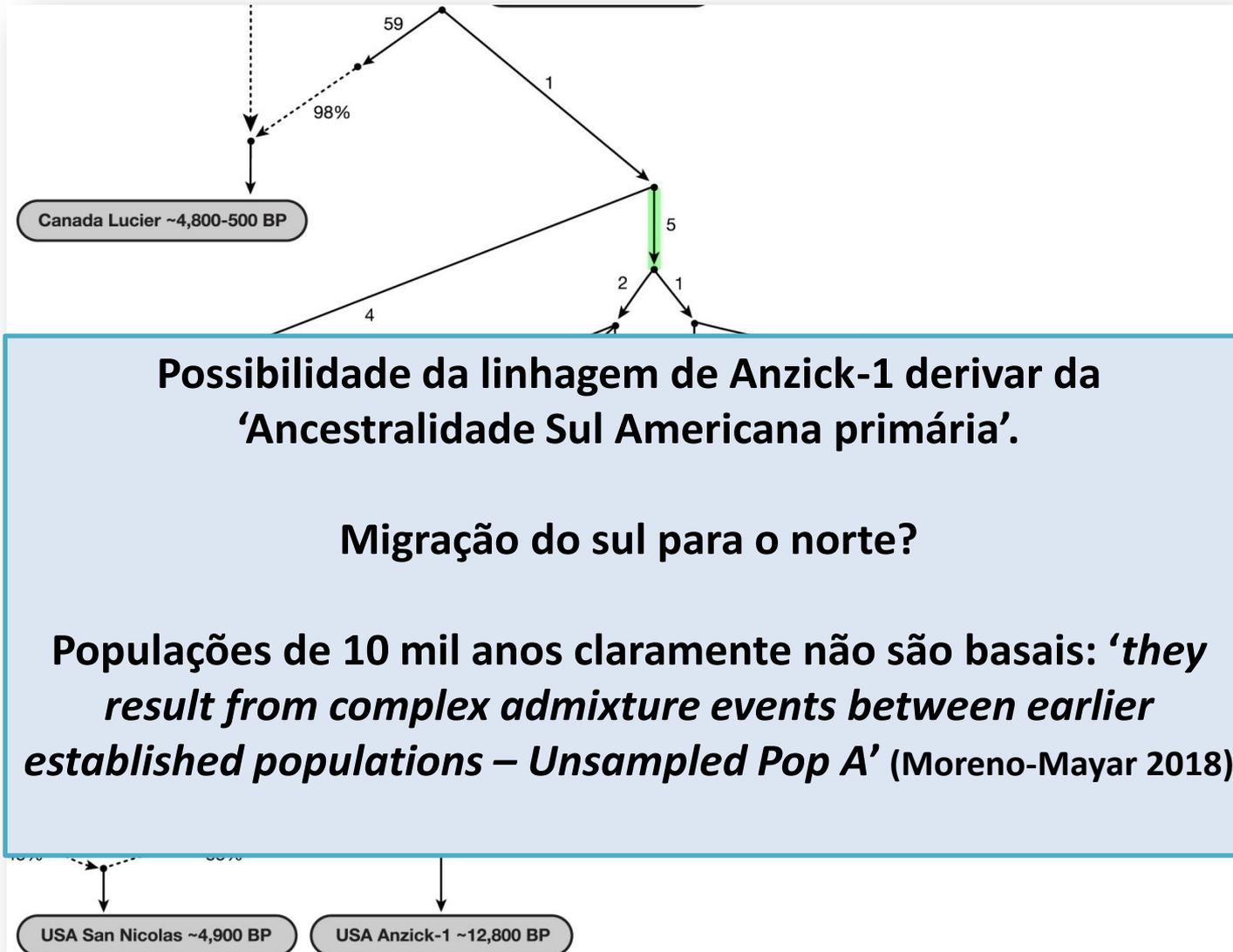
- qpGraph com protocolo semi-automatizado de minimização de 'Z'



História Populacional da América

‘Clóvis first’ na América do Sul?

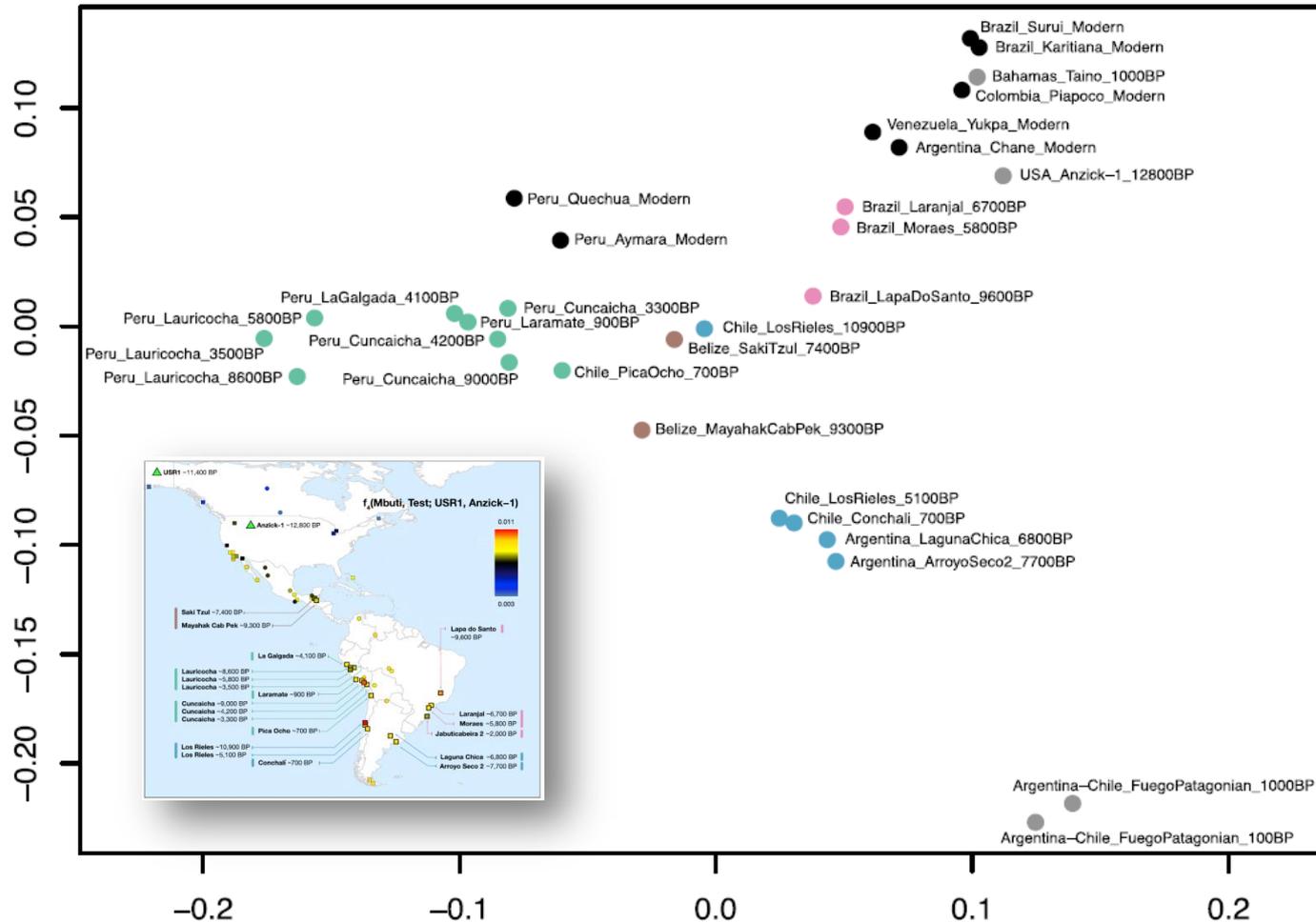
- qpGraph com protocolo semi-automatizado de minimização de ‘Z’



História Populacional da América

‘Clóvis first’ na América do Sul?

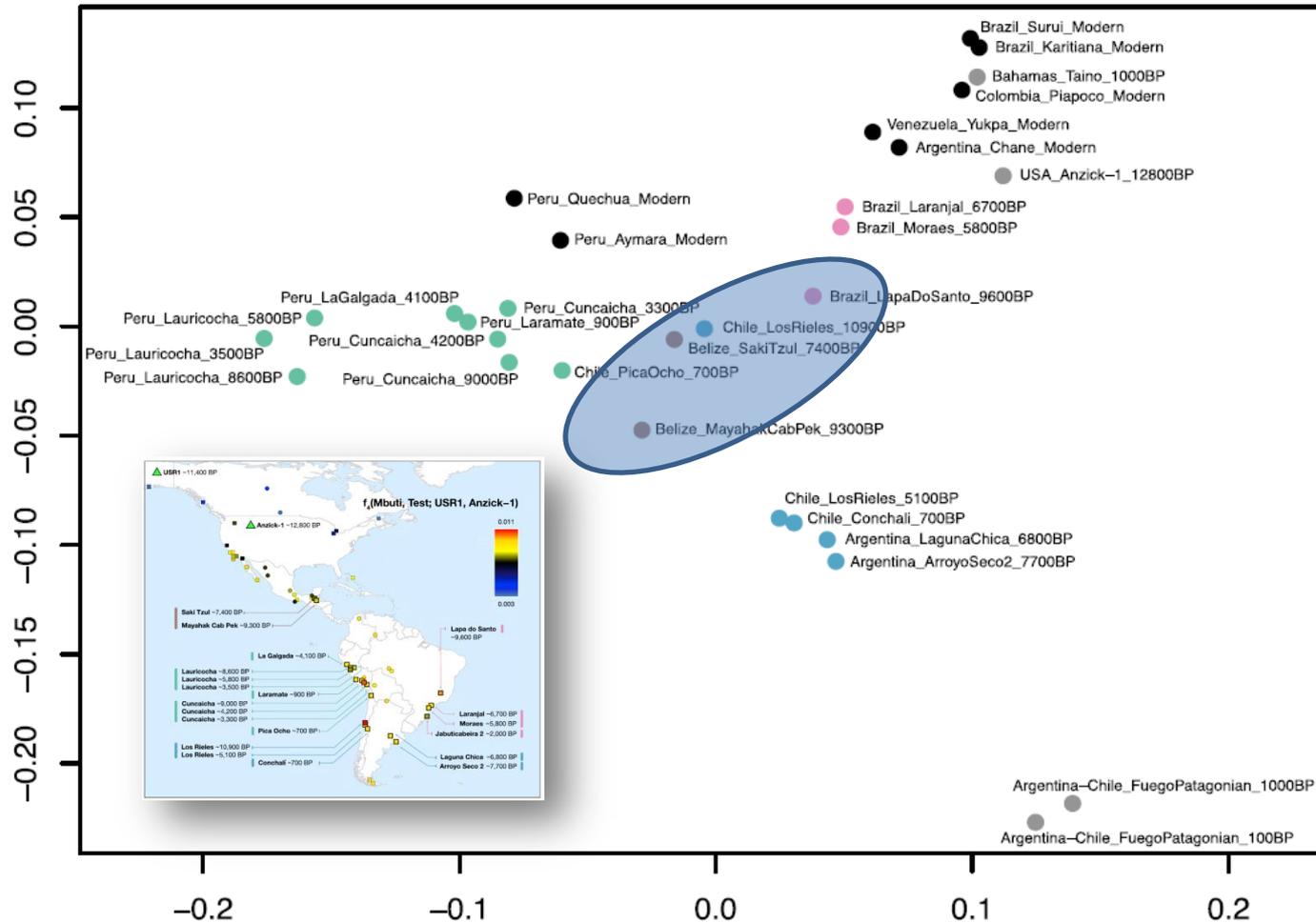
- qpGraph com protocolo semi-automatizado de minimização de ‘Z’



História Populacional da América

‘Clóvis first’ na América do Sul?

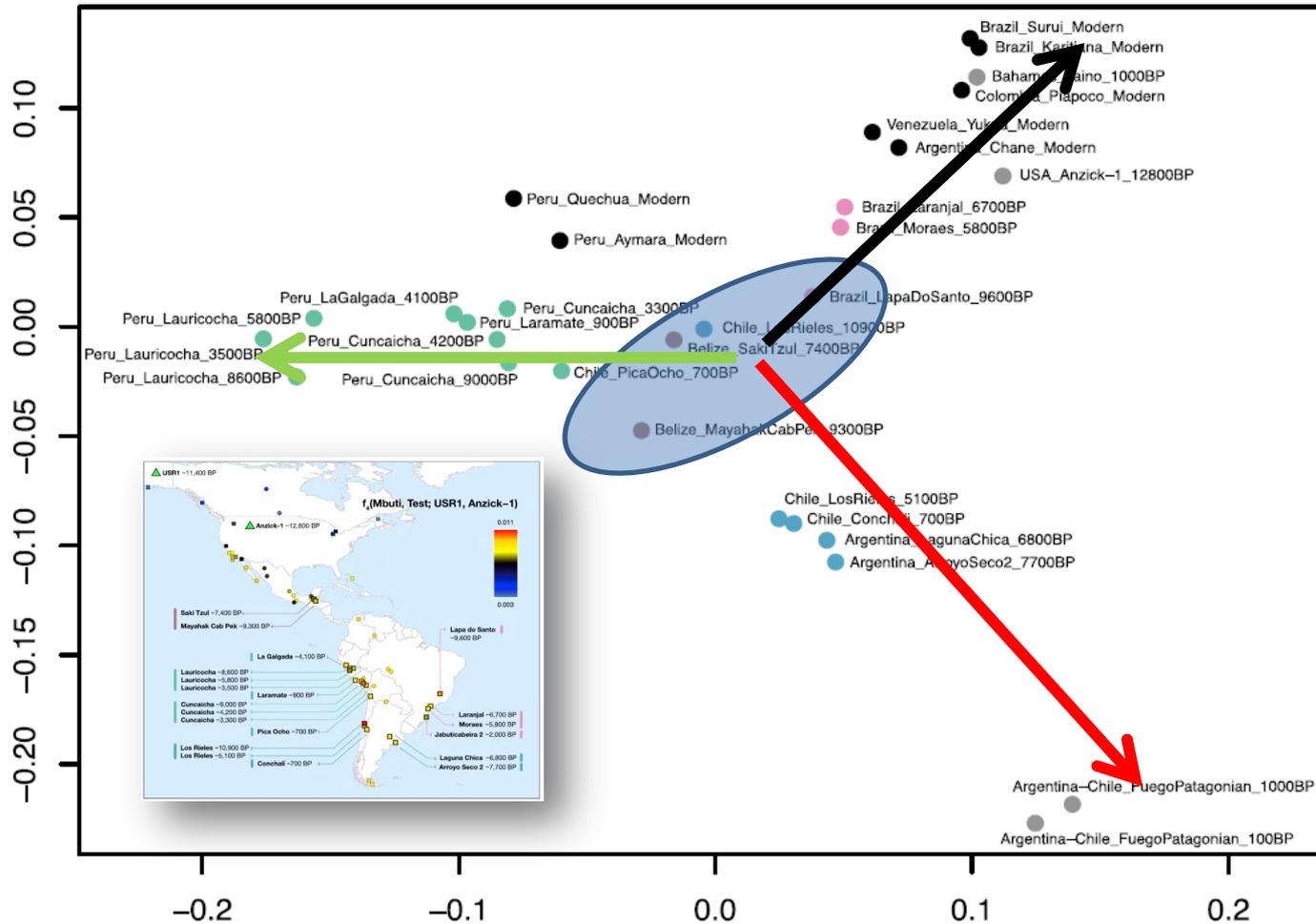
- qpGraph com protocolo semi-automatizado de minimização de ‘Z’



História Populacional da América

'Clóvis first' na América do Sul?

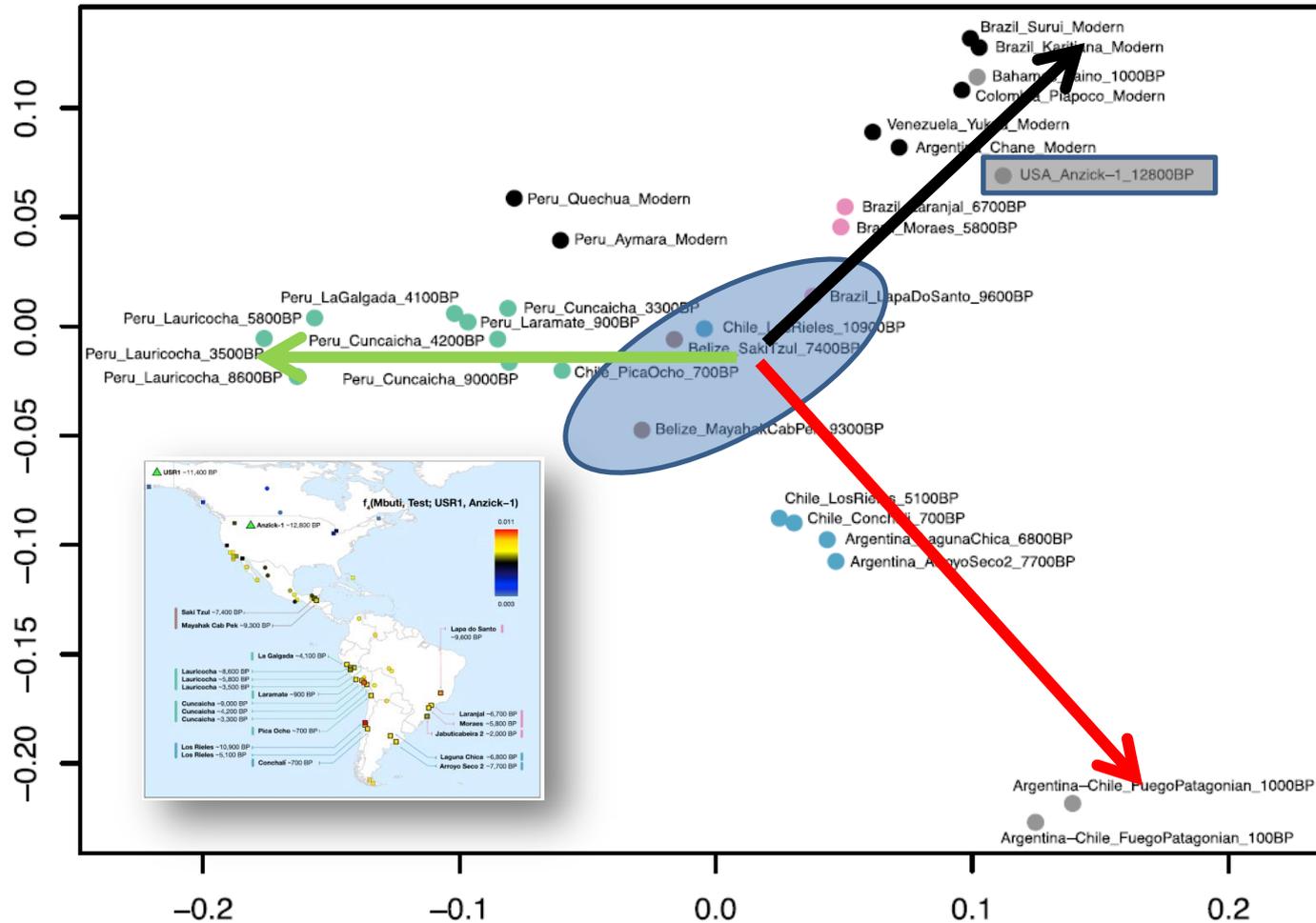
- qpGraph com protocolo semi-automatizado de minimização de 'Z'



História Populacional da América

'Clóvis first' na América do Sul?

- qpGraph com protocolo semi-automatizado de minimização de 'Z'



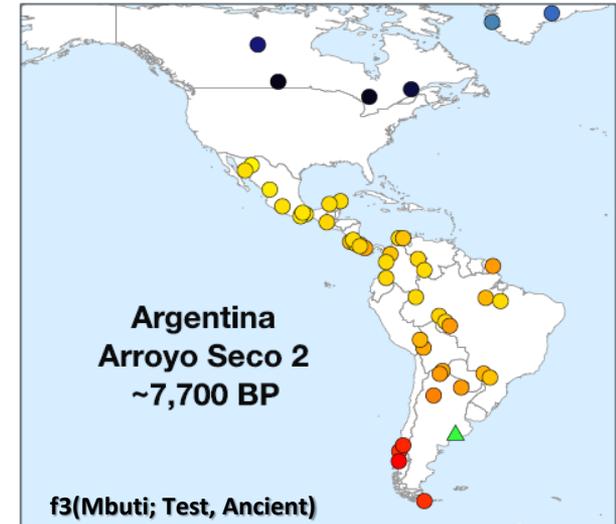
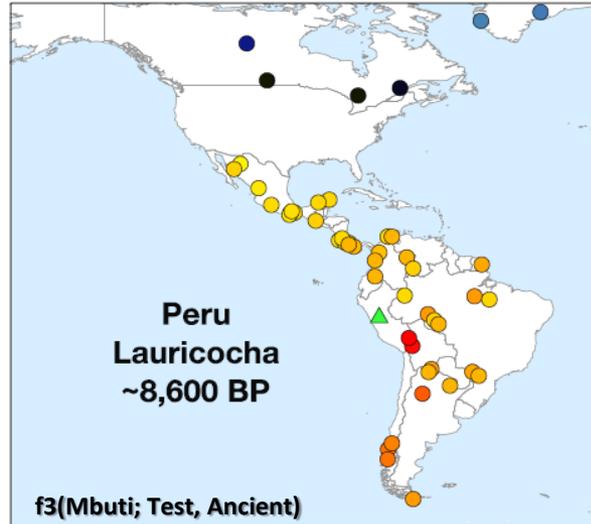
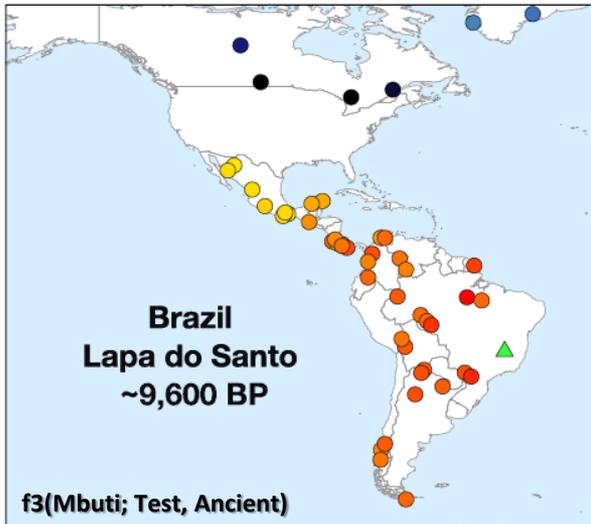
História Populacional da América

CONTINUIDADES E SUBSTITUIÇÕES POPULACIONAIS NA AMÉRICA DO SUL

História Populacional da América

Continuidade e descontinuidade populacional macro-regional:

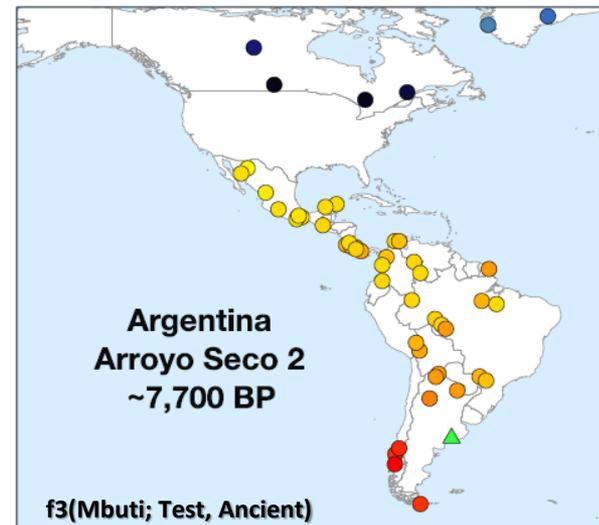
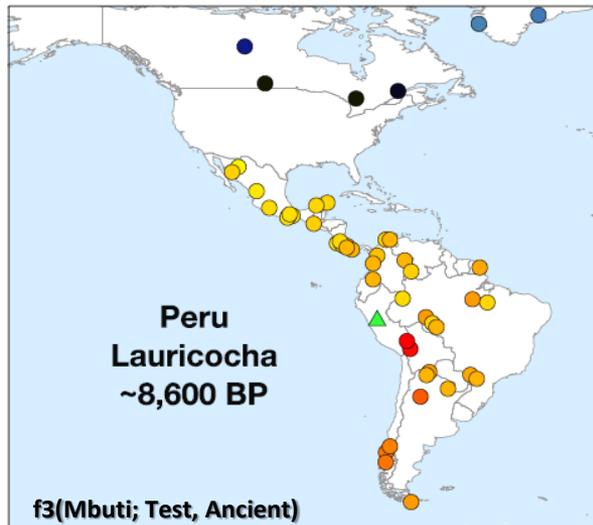
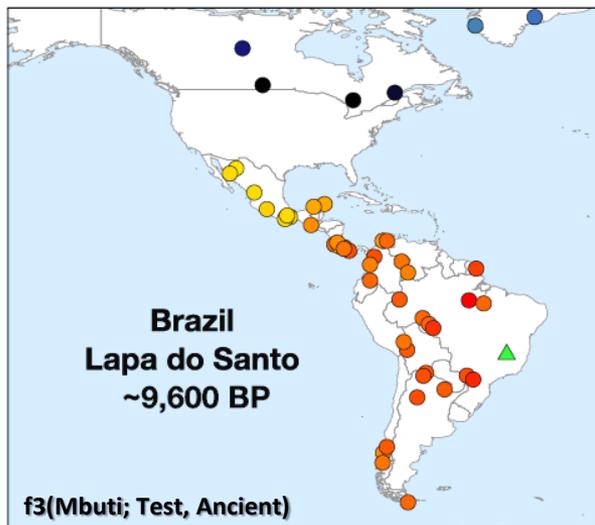
- A partir de ~9000 AP nos Andes (Lauricocha e Cuncaicha)
- A partir de ~8600 AP no Cone Sul (Arroyo Seco 2 e Laguna Chica)
- A partir de ~5800 AP (?) no 'Brasil'.



História Populacional da América

Continuidade e descontinuidade populacional macro-regional:

- A partir de ~9000 AP nos Andes (Lauricocha e Cuncaicha)
- A partir de ~8600 AP no Cone Sul (Arroyo Seco 2 e Laguna Chica)
- A partir de ~5800 AP (?) no 'Brasil'.

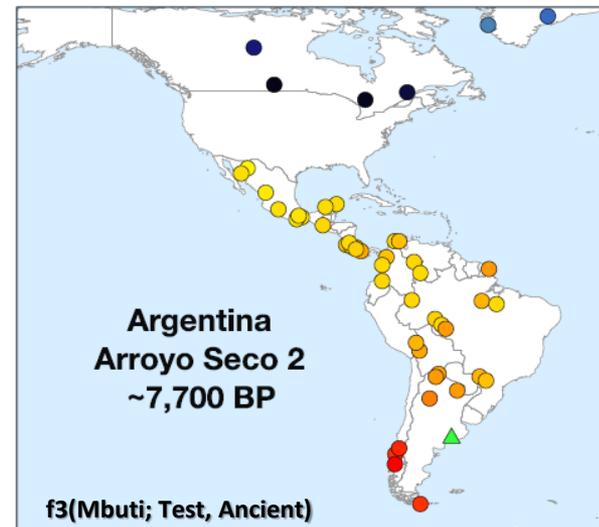
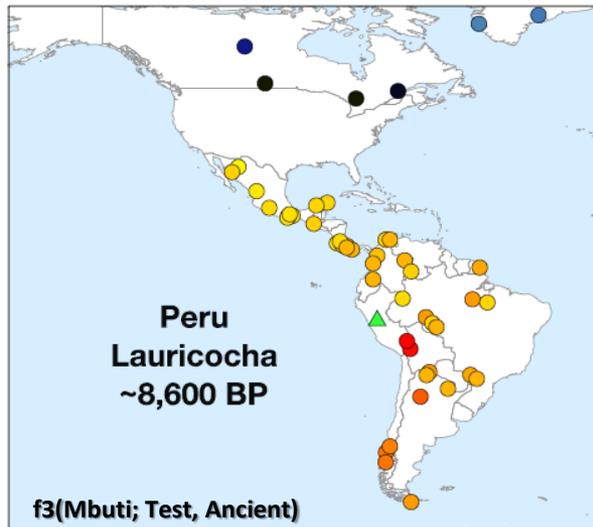
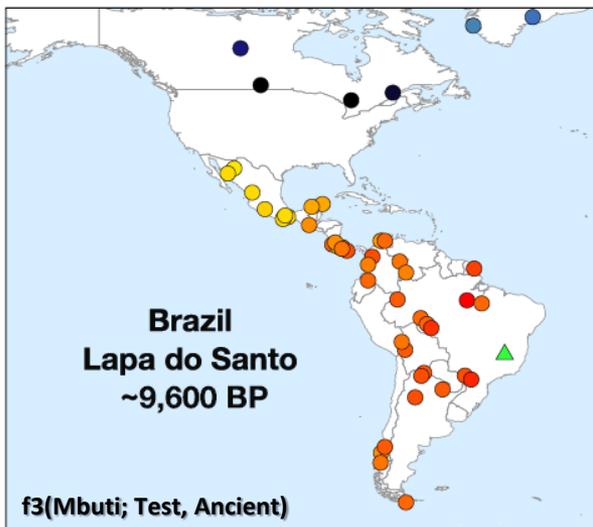


Outgroup	Test	South American 1	South American 2	f4-statistic	Z-score	#SNPs
Mbuti	Chile_Conchali_700BP	Huilliche (Southern Cone)	Quechua (Central Andes)	-0.005311	-15.44	280k
Mbuti	Chile_LosRieles_5100BP	Huilliche (Southern Cone)	Quechua (Central Andes)	-0.00364	-8.672	241k
Mbuti	Chile_LosRieles_10900BP	Chono (Southern Cone)	Huilliche (Southern Cone)	-0.001817	-3.128	228k
Mbuti	Peru_Cuncaicha_9000BP	Aymara (Central Andes)	Karitiana (Amazonia)	-0.002357	-5.575	276k
Mbuti	Brazil_LapaDoSanto_9600BP	Arara (Amazonia)	Karitiana (Amazonia)	-0.00086	-1.919	298k
Mbuti	Brazil_Laranjal_6700BP	Arara (Amazonia)	Chilote (Southern Cone)	-0.001435	-2.171	159k
Mbuti	Brazil_Moraes_5800BP	Arara (Amazonia)	Huilliche (Southern Cone)	-0.002545	-2.977	82k

História Populacional da América

Continuidade e descontinuidade populacional macro-regional:

- A partir de ~9000 AP nos Andes (Lauricocha e Cuncaicha)
- A partir de ~8600 AP no Cone Sul (Arroyo Seco 2 e Laguna Chica)
- A partir de ~5800 AP (?) no 'Brasil'.

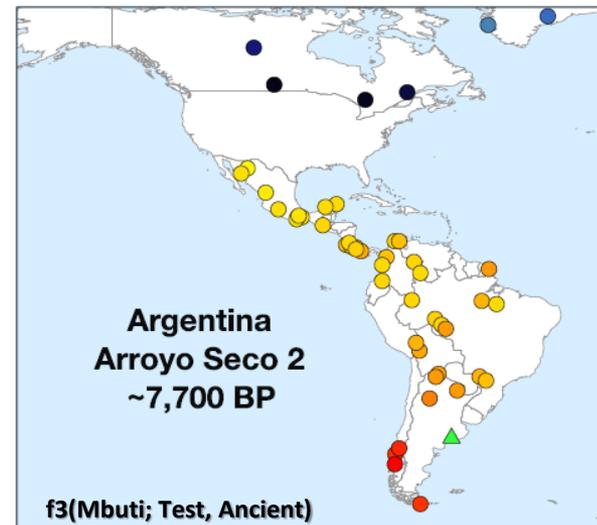
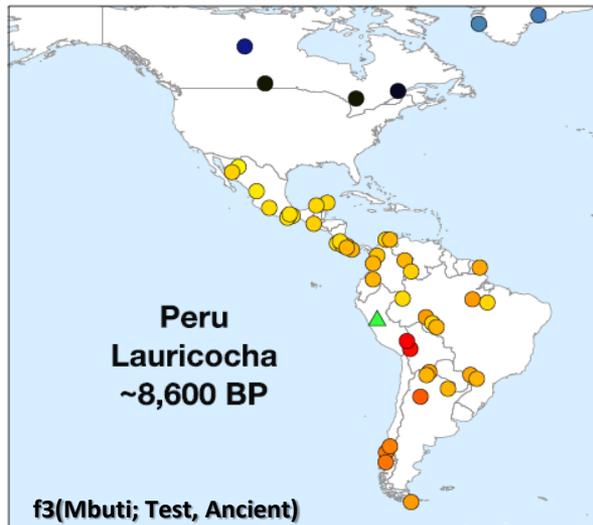
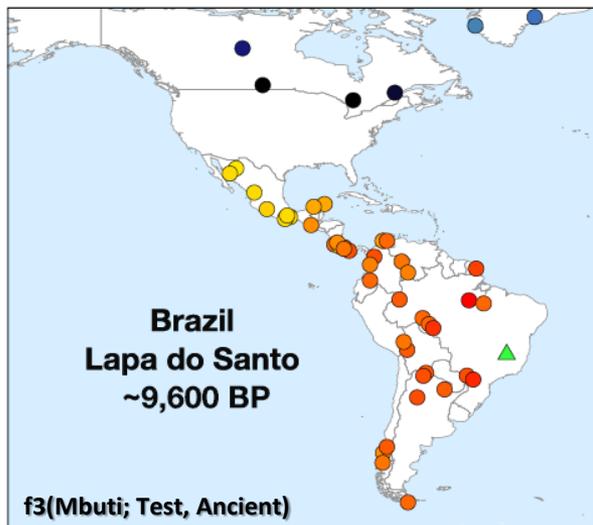


Outgroup	Test	South American 1	South American 2	f4-statistic	Z-score	#SNPs
Mbuti	Chile_Conchali_700BP	Huilliche (Southern Cone)	Quechua (Central Andes)	-0.005311	-15.44	280k
Mbuti	Chile_LosRieles_5100BP	Huilliche (Southern Cone)	Quechua (Central Andes)	-0.00364	-8.672	241k
Mbuti	Chile_LosRieles_10900BP	Chono (Southern Cone)	Huilliche (Southern Cone)	-0.001817	-3.128	228k
Mbuti	Peru_Cuncaicha_9000BP	Aymara (Central Andes)	Karitiana (Amazonia)	-0.002357	-5.575	276k
Mbuti	Brazil_LapaDoSanto_9600BP	Arara (Amazonia)	Karitiana (Amazonia)	-0.00086	-1.919	298k
Mbuti	Brazil_Laranjal_6700BP	Arara (Amazonia)	Chilote (Southern Cone)	-0.001435	-2.171	159k
Mbuti	Brazil_Moraes_5800BP	Arara (Amazonia)	Huilliche (Southern Cone)	-0.002545	-2.977	82k

História Populacional da América

Continuidade e descontinuidade populacional macro-regional:

- A partir de ~9000 AP nos Andes (Lauricocha e Cuncaicha)
- A partir de ~8600 AP no Cone Sul (Arroyo Seco 2 e Laguna Chica)
- A partir de ~5800 AP (?) no 'Brasil'.

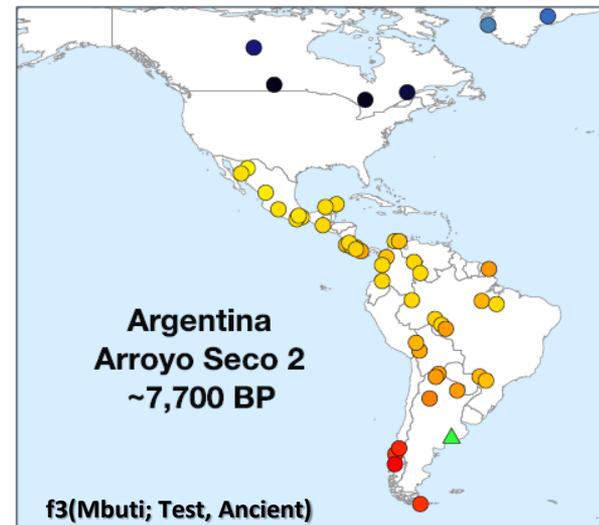
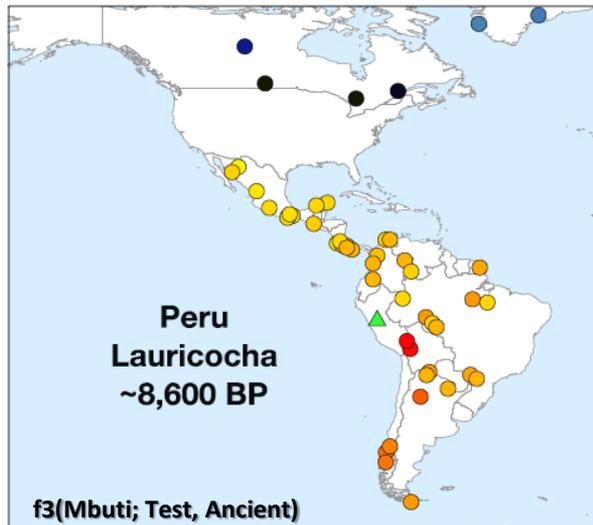
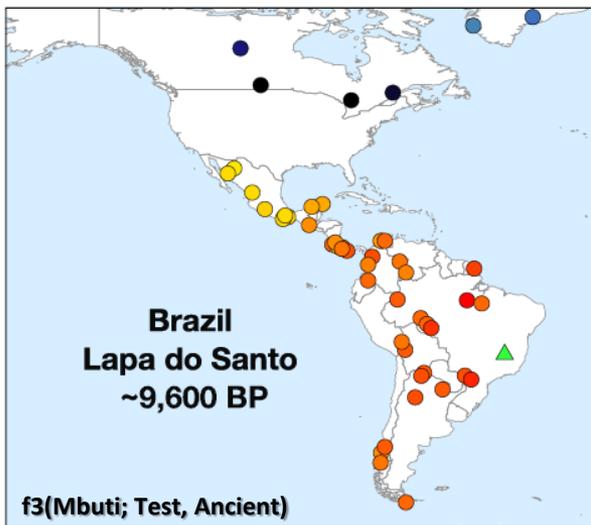


Outgroup	Test	South American 1	South American 2	f4-statistic	Z-score	#SNPs
Mbuti	Chile_Conchali_700BP	Huilliche (Southern Cone)	Quechua (Central Andes)	-0.005311	-15.44	280k
Mbuti	Chile_LosRieles_5100BP	Huilliche (Southern Cone)	Quechua (Central Andes)	-0.00364	-8.672	241k
Mbuti	Chile_LosRieles_10900BP	Chono (Southern Cone)	Huilliche (Southern Cone)	-0.001817	-3.128	228k
Mbuti	Peru_Cuncaicha_9000BP	Aymara (Central Andes)	Karitiana (Amazonia)	-0.002357	-5.575	276k
Mbuti	Brazil_LapaDoSanto_9600BP	Arara (Amazonia)	Karitiana (Amazonia)	-0.00086	-1.919	298k
Mbuti	Brazil_Laranjal_6700BP	Arara (Amazonia)	Chilote (Southern Cone)	-0.001435	-2.171	159k
Mbuti	Brazil_Moraes_5800BP	Arara (Amazonia)	Huilliche (Southern Cone)	-0.002545	-2.977	82k

História Populacional da América

Continuidade e descontinuidade populacional macro-regional:

- A partir de ~9000 AP nos Andes (Lauricocha e Cuncaicha)
- A partir de ~8600 AP no Cone Sul (Arroyo Seco 2 e Laguna Chica)
- A partir de ~5800 AP (?) no 'Brasil'.

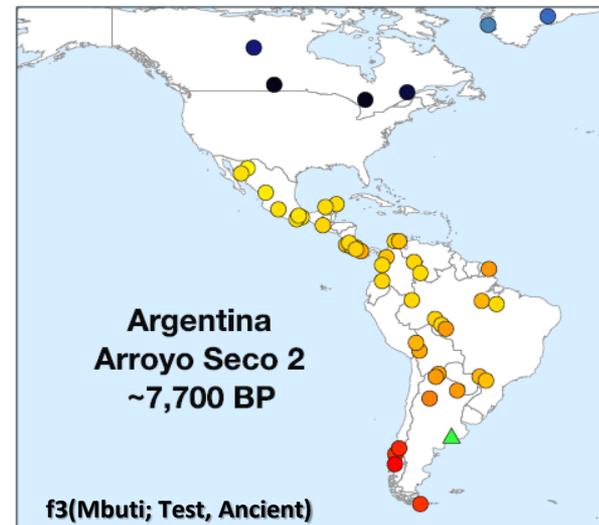
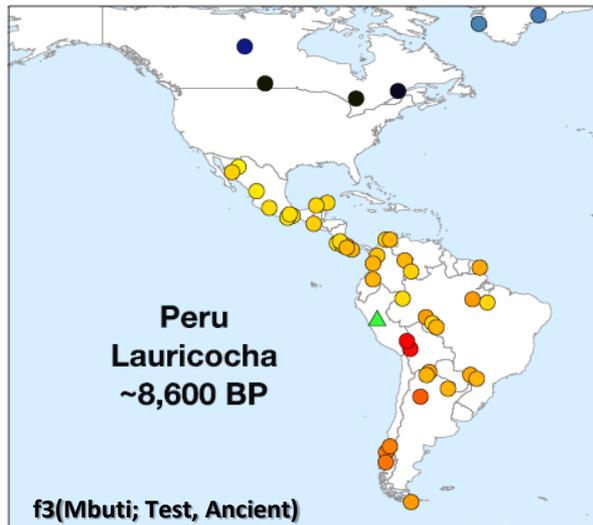
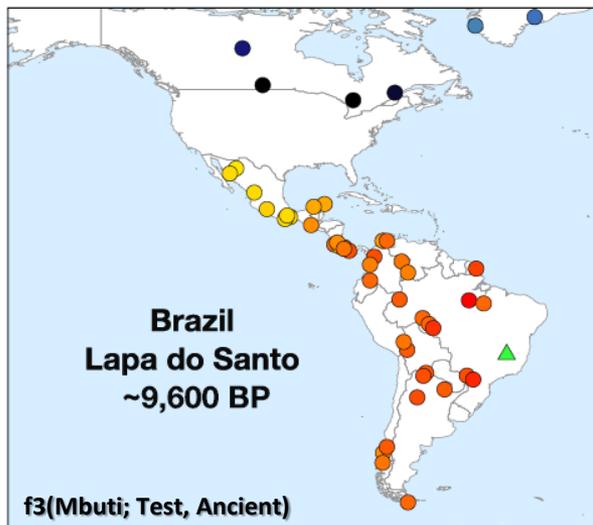


Outgroup	Test	South American 1	South American 2	f4-statistic	Z-score	#SNPs
Mbuti	Chile_Conchali_700BP	Huilliche (Southern Cone)	Quechua (Central Andes)	-0.005311	-15.44	280k
Mbuti	Chile_LosRieles_5100BP	Huilliche (Southern Cone)	Quechua (Central Andes)	-0.00364	-8.672	241k
Mbuti	Chile_LosRieles_10900BP	Chono (Southern Cone)	Huilliche (Southern Cone)	-0.001817	-3.128	228k
Mbuti	Peru_Cuncaicha_9000BP	Aymara (Central Andes)	Karitiana (Amazonia)	-0.002357	-5.575	276k
Mbuti	Brazil_LapaDoSanto_9600BP	Arara (Amazonia)	Karitiana (Amazonia)	-0.00086	-1.919	298k
Mbuti	Brazil_Laranjal_6700BP	Arara (Amazonia)	Chilote (Southern Cone)	-0.001435	-2.171	159k
Mbuti	Brazil_Moraes_5800BP	Arara (Amazonia)	Huilliche (Southern Cone)	-0.002545	-2.977	82k

História Populacional da América

Continuidade e descontinuidade populacional macro-regional:

- A partir de ~9000 AP nos Andes (Lauricocha e Cuncaicha)
- A partir de ~8600 AP no Cone Sul (Arroyo Seco 2 e Laguna Chica)
- A partir de ~5800 AP (?) no 'Brasil'.

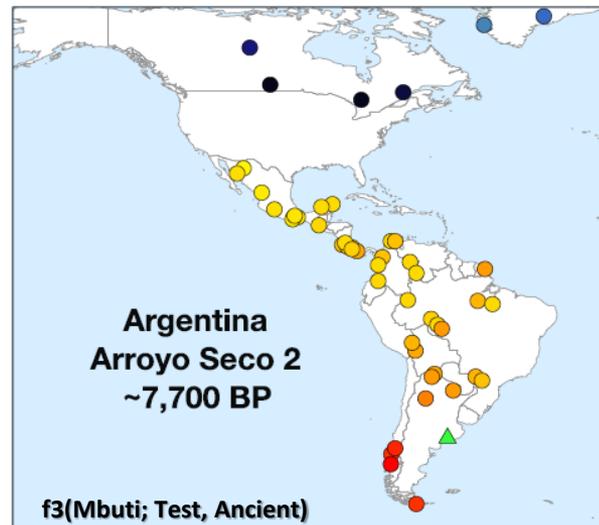
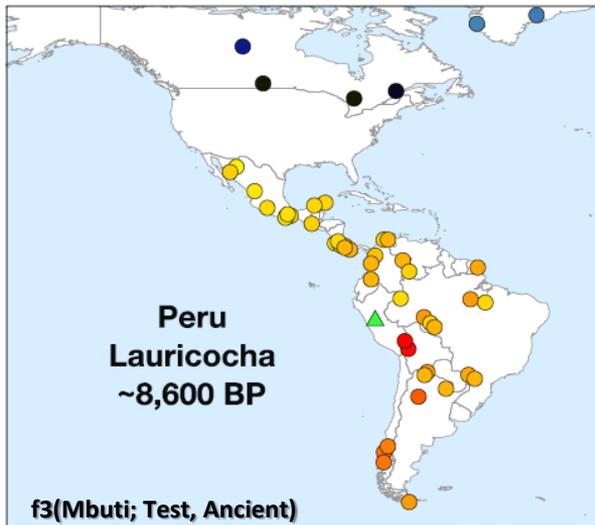
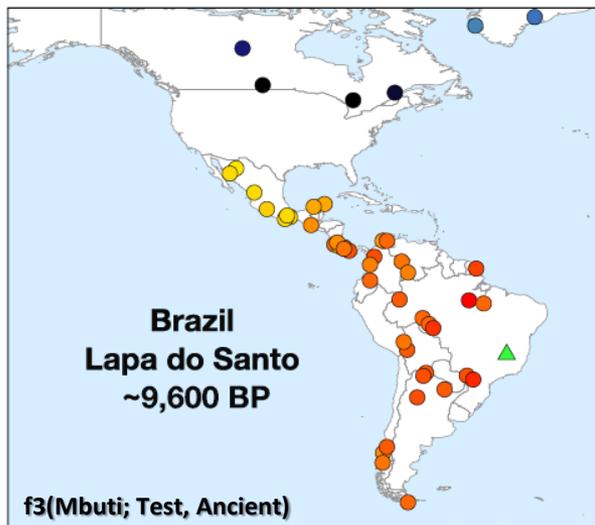


Outgroup	Test	South American 1	South American 2	f4-statistic	Z-score	#SNPs
Mbuti	Chile_Conchali_700BP	Huilliche (Southern Cone)	Quechua (Central Andes)	-0.005311	-15.44	280k
Mbuti	Chile_LosRieles_5100BP	Huilliche (Southern Cone)	Quechua (Central Andes)	-0.00364	-8.672	241k
Mbuti	Chile_LosRieles_10900BP	Chono (Southern Cone)	Huilliche (Southern Cone)	-0.001817	-3.128	228k
Mbuti	Peru_Cuncaicha_9000BP	Aymara (Central Andes)	Karitiana (Amazonia)	-0.002357	-5.575	276k
Mbuti	Brazil_LapaDoSanto_9600BP	Arara (Amazonia)	Karitiana (Amazonia)	-0.00086	-1.919	298k
Mbuti	Brazil_Laranjal_6700BP	Arara (Amazonia)	Chilote (Southern Cone)	-0.001435	-2.171	159k
Mbuti	Brazil_Moraes_5800BP	Arara (Amazonia)	Huilliche (Southern Cone)	-0.002545	-2.977	82k

História Populacional da América

Continuidade e descontinuidade populacional macro-regional:

- A partir de ~9000 AP nos Andes (Lauricocha e Cuncaicha)
- A partir de ~8600 AP no Cone Sul (Arroyo Seco 2 e Laguna Chica)
- A partir de ~5800 AP (?) no 'Brasil'.

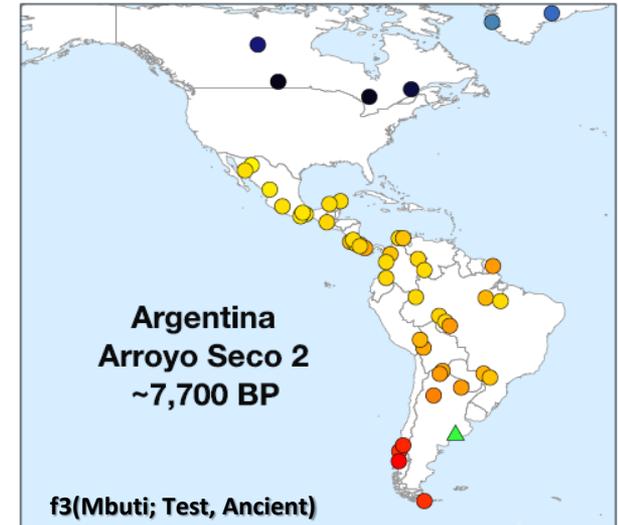
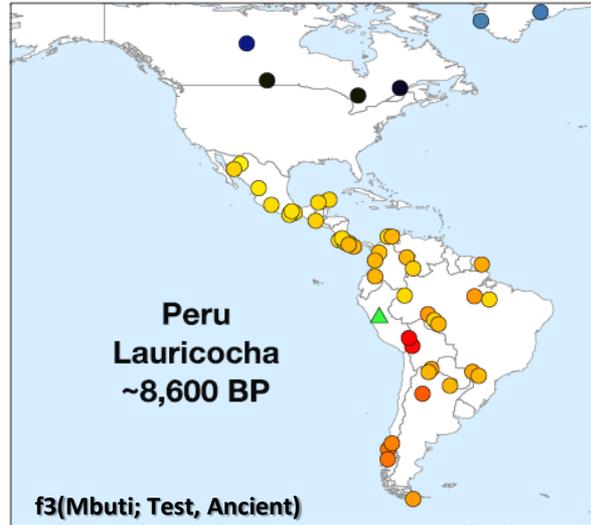
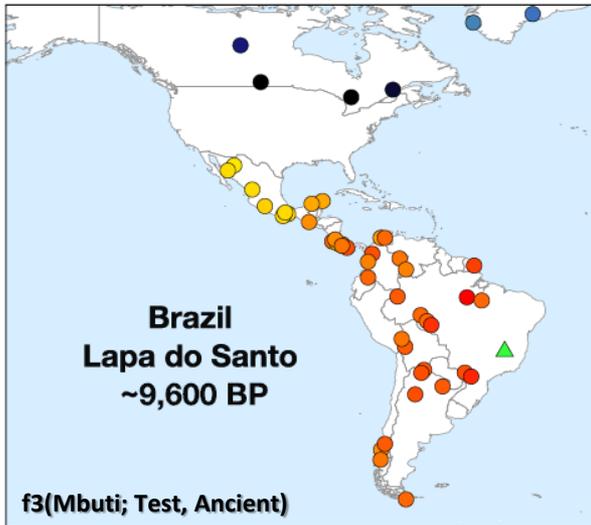


Outgroup	Test	South American 1	South American 2	f4-statistic	Z-score	#SNPs
Mbuti	Chile_Conchali_700BP	Huilliche (Southern Cone)	Quechua (Central Andes)	-0.005311	-15.44	280k
Mbuti	Chile_LosRieles_5100BP	Huilliche (Southern Cone)	Quechua (Central Andes)	-0.00364	-8.672	241k
Mbuti	Chile_LosRieles_10900BP	Chono (Southern Cone)	Huilliche (Southern Cone)	-0.001817	-3.128	228k
Mbuti	Peru_Cuncaicha_9000BP	Aymara (Central Andes)	Karitiana (Amazonia)	-0.002357	-5.575	276k
Mbuti	Brazil_LapaDoSanto_9600BP	Arara (Amazonia)	Karitiana (Amazonia)	-0.00086	-1.919	298k
Mbuti	Brazil_Laranjal_6700BP	Arara (Amazonia)	Chilote (Southern Cone)	-0.001435	-2.171	159k
Mbuti	Brazil_Moraes_5800BP	Arara (Amazonia)	Huilliche (Southern Cone)	-0.002545	-2.977	82k

História Populacional da América

Continuidade e descontinuidade populacional macro-regional:

- A partir de ~9000 AP nos Andes (Lauricocha e Cuncaicha)
- A partir de ~8600 AP no Cone Sul (Arroyo Seco 2 e Laguna Chica)
- A partir de ~5800 AP (?) no 'Brasil'.

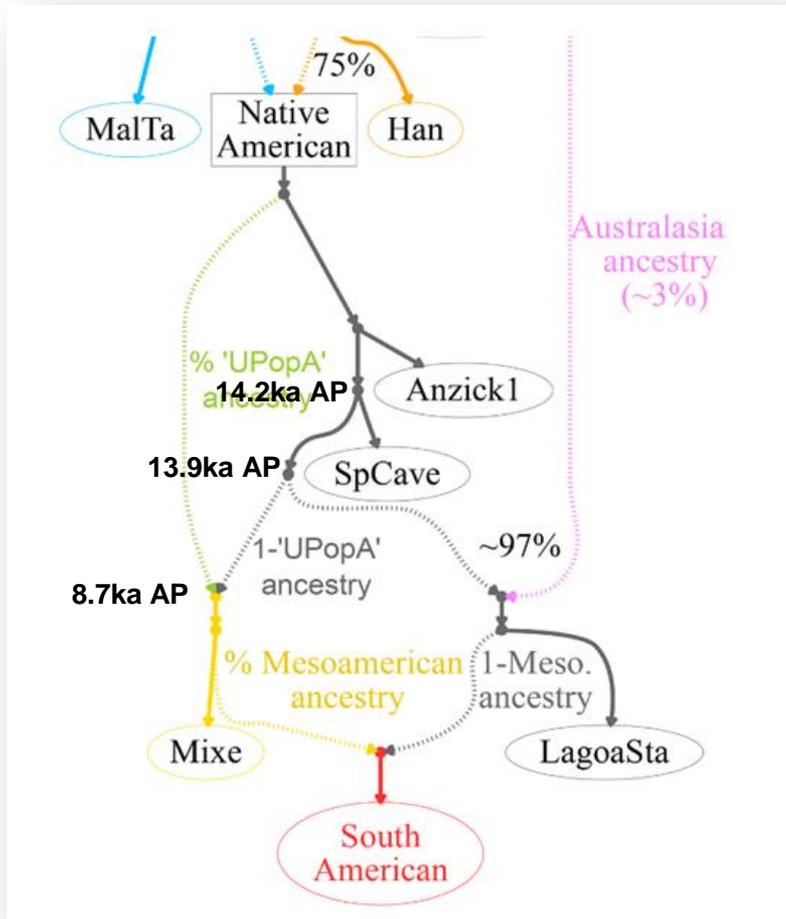


Outgroup	Test	South American 1	South American 2	f4-statistic	Z-score	#SNPs
Mbuti	Chile_Conchali_700BP	Huilliche (Southern Cone)	Quechua (Central Andes)	-0.005311	-15.44	280k
Mbuti	Chile_LosRieles_5100BP	Huilliche (Southern Cone)	Quechua (Central Andes)	-0.00364	-8.672	241k
Mbuti	Chile_LosRieles_10900BP	Chono (Southern Cone)	Huilliche (Southern Cone)	-0.001817	-3.128	228k
Mbuti	Peru_Cuncaicha_9000BP	Aymara (Central Andes)	Karitiana (Amazonia)	-0.002357	-5.575	276k
Mbuti	Brazil_LapaDoSanto_9600BP	Arara (Amazonia)	Karitiana (Amazonia)	-0.00086	-1.919	298k
Mbuti	Brazil_Laranial_6700BP	Arara (Amazonia)	Chilote (Southern Cone)	-0.001435	-2.171	159k
Mbuti	Brazil_Moraes_5800BP	Arara (Amazonia)	Huilliche (Southern Cone)	-0.002545	-2.977	82k

História Populacional da América

Continuidade e descontinuidade populacional macro-regional:

- Análise do material do Sumidouro confirma que inexistente uma ancestralidade direta entre os grupos de Lagoa Santa e os Nativos Americanos atuais.

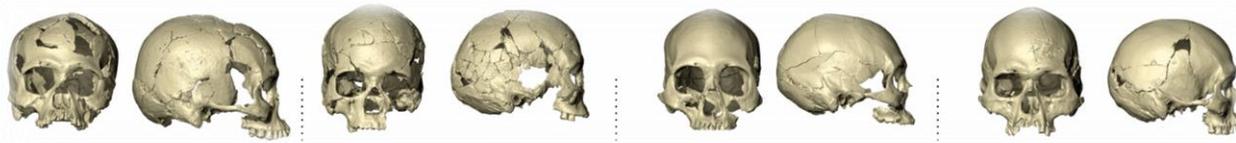
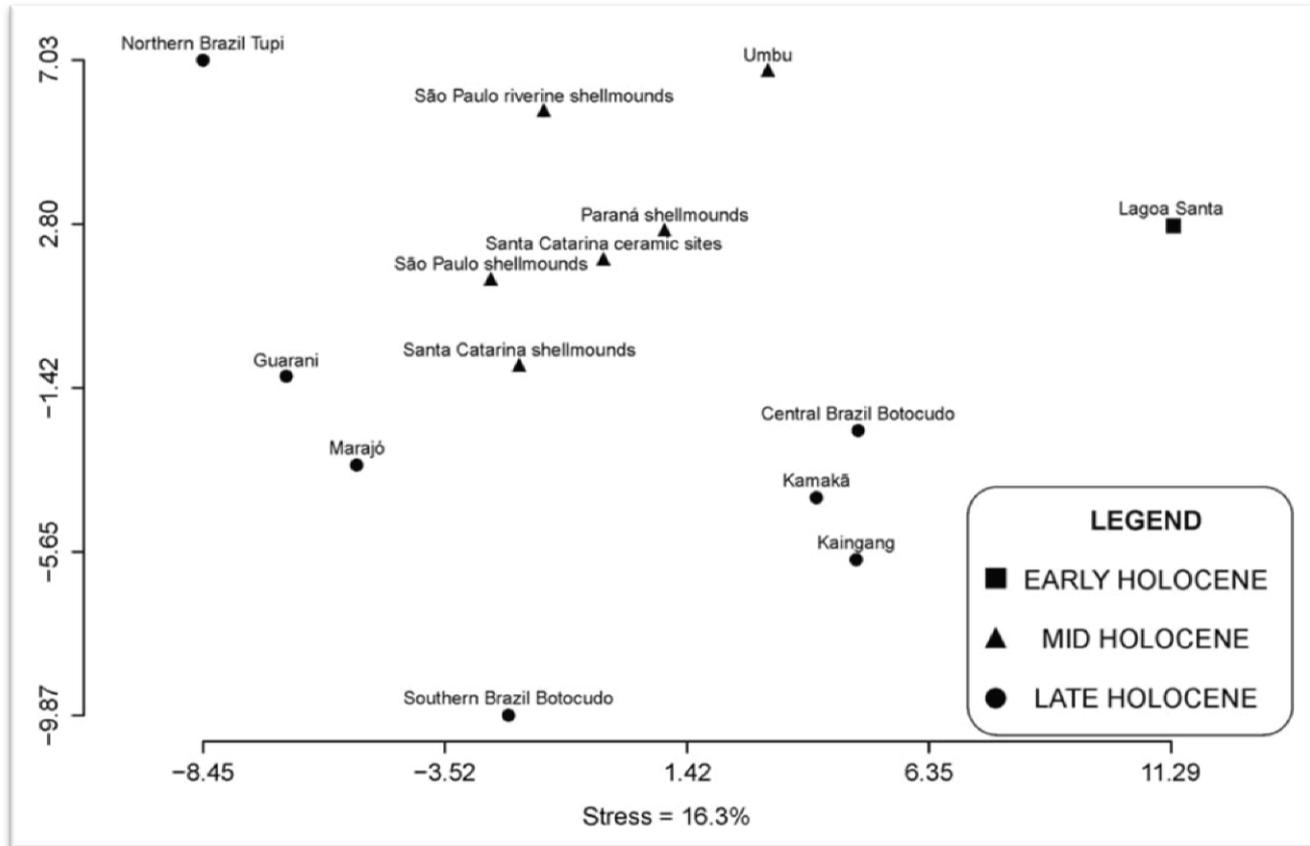


'South Americans do not form a clade with Lagoa Santa, but instead derive from a mixture of Lagoa Santa and Mesoamerican-related ancestries'

História Populacional da América

Continuidade e descontinuidade populacional macro-regional:

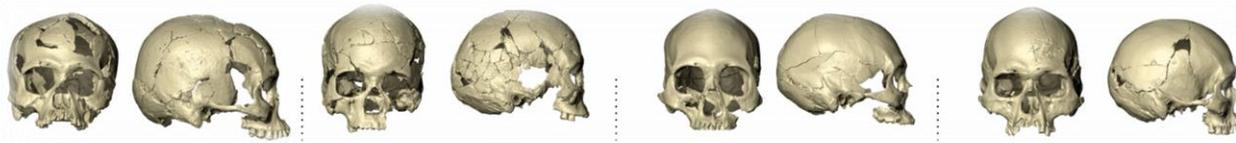
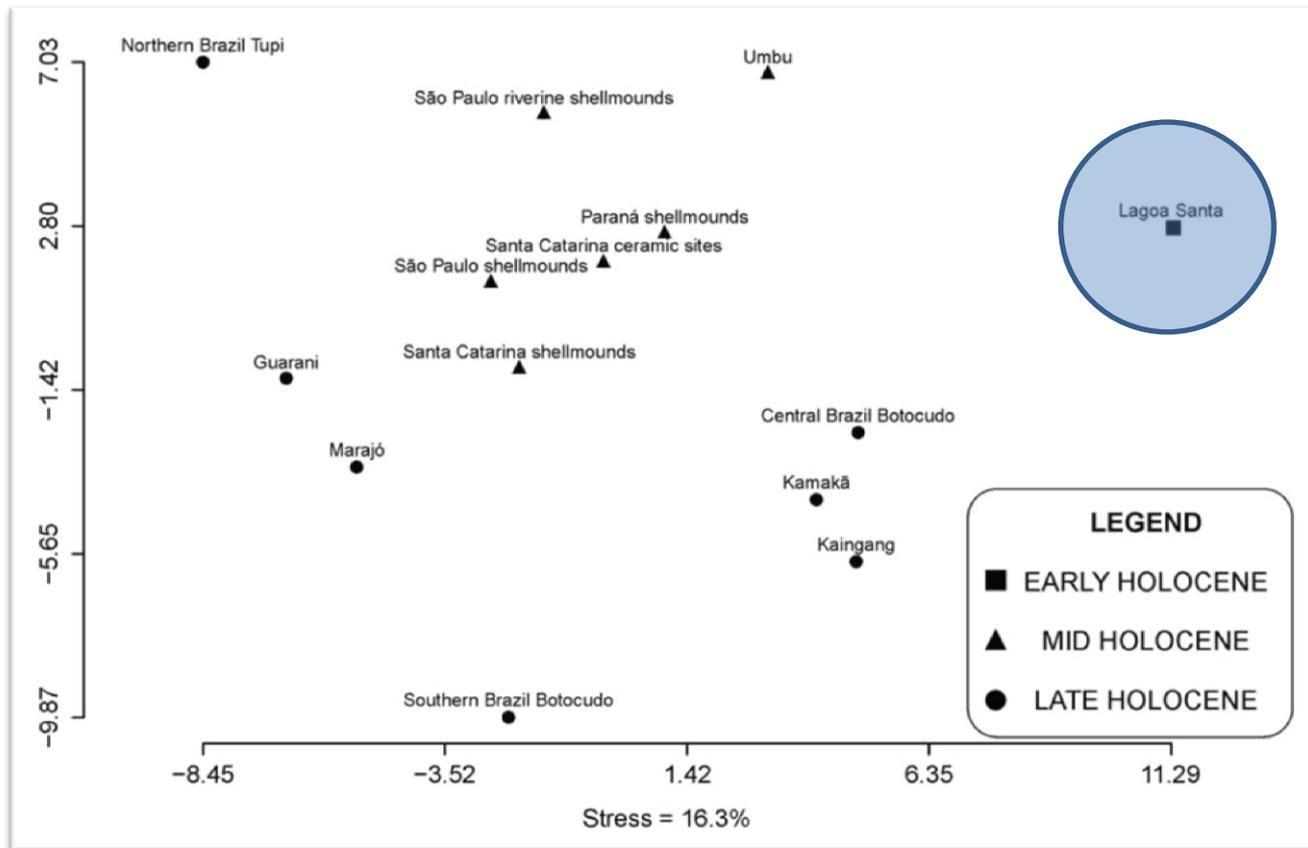
- Dados morfológicos também apontam para descontinuidade (Hubbe et al., 2014)



História Populacional da América

Continuidade e descontinuidade populacional macro-regional:

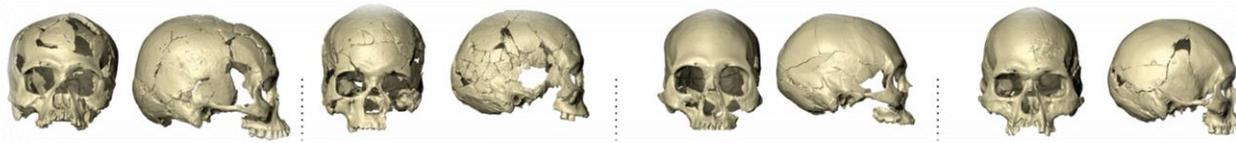
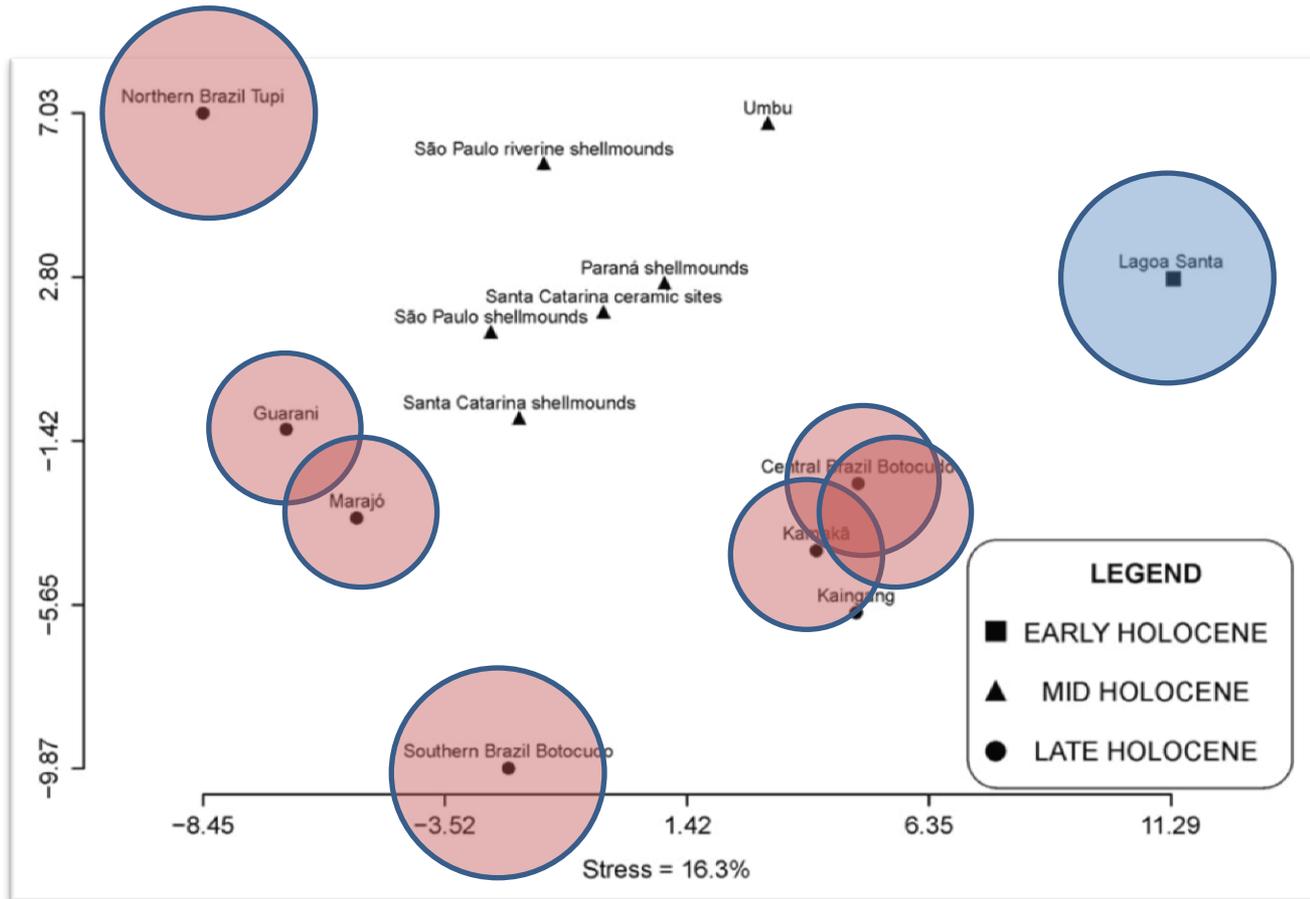
- Dados morfológicos também apontam para descontinuidade (Hubbe et al., 2014)



História Populacional da América

Continuidade e descontinuidade populacional macro-regional:

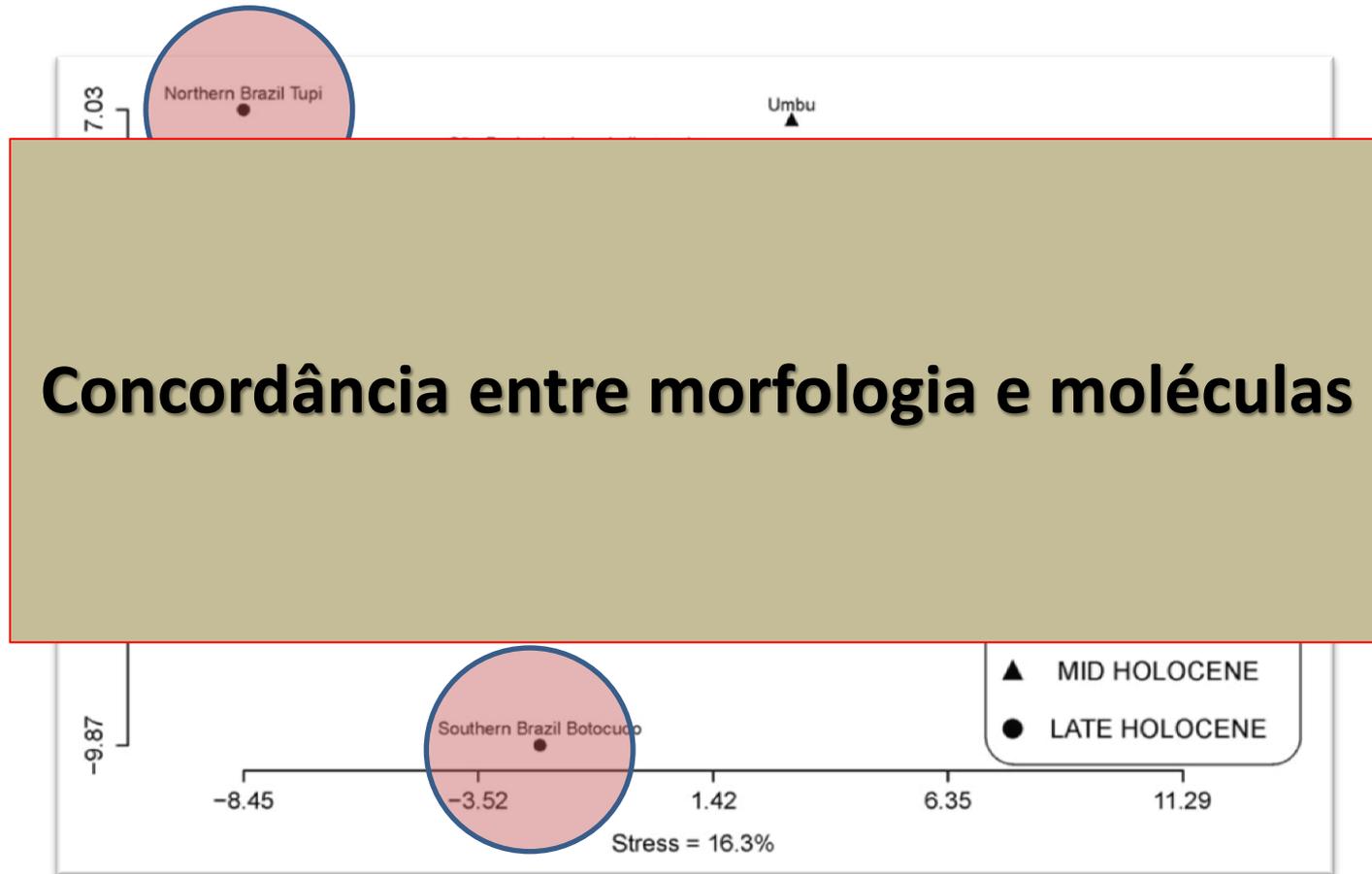
- Dados morfológicos também apontam para descontinuidade (Hubbe et al., 2014)



História Populacional da América

Continuidade e descontinuidade populacional macro-regional:

- Dados morfológicos também apontam para descontinuidade (Hubbe et al., 2014)



FIM

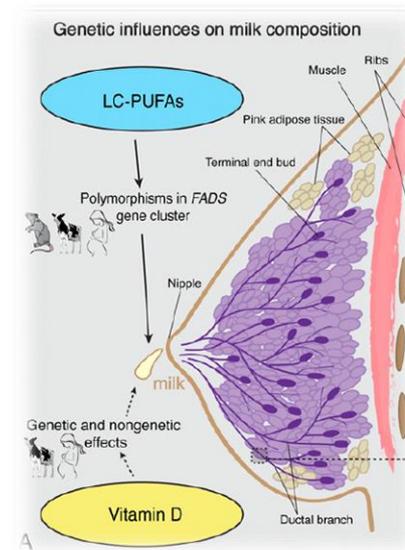
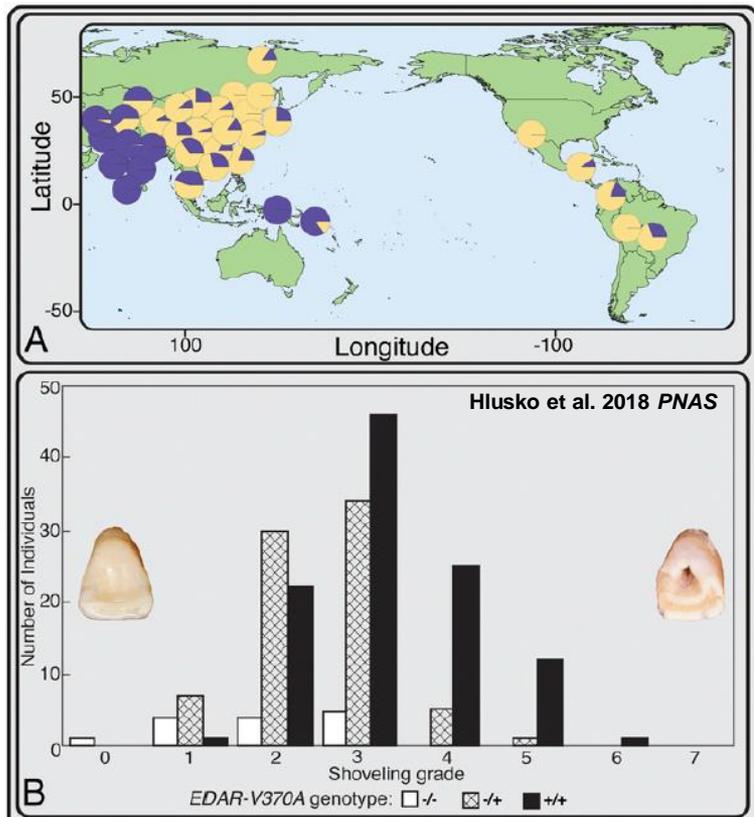
História Populacional da América

EDAR V370A

História Populacional da América

EDAR V370A – Convergência

- Ampla gama de efeitos pleiotrópicos: forma do incisivo em pá, folículos capilares, grossura do cabelo, densidade de glândulas sudoríferas e padrão de ramificação dos dutos das glândulas mamárias.
- Praticamente fixado (100%) tanto em populações do Leste Asiático como Nativos Americanos.
- Nas amostras antigas apresentam o alelo ancestral um indivíduo da **Lapa do Santo** e um indivíduo de **Laranjal**. USR1 e Anzick-1 também apresentam o alelo ancestral.



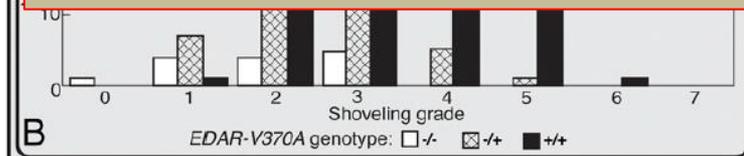
História Populacional da América

EDAR V370A – Convergência

- Ampla gama de efeitos pleiotrópicos: forma do incisivo em pá, folículos capilares, grossura do cabelo, densidade de glândulas sudoríferas e padrão de ramificação dos dutos das glândulas mamárias.
- Praticamente fixado (100%) tanto em populações do Leste Asiático como Nativos Americanos.
- Nas amostras antigas apresentam o alelo ancestral um indivíduo da **Lapa do Santo** e um indivíduo de **Laranjal**. *USP1 e Anzick-1 também apresentam o alelo ancestral*

Fixação ocorreu de forma paralela na Ásia e na América.

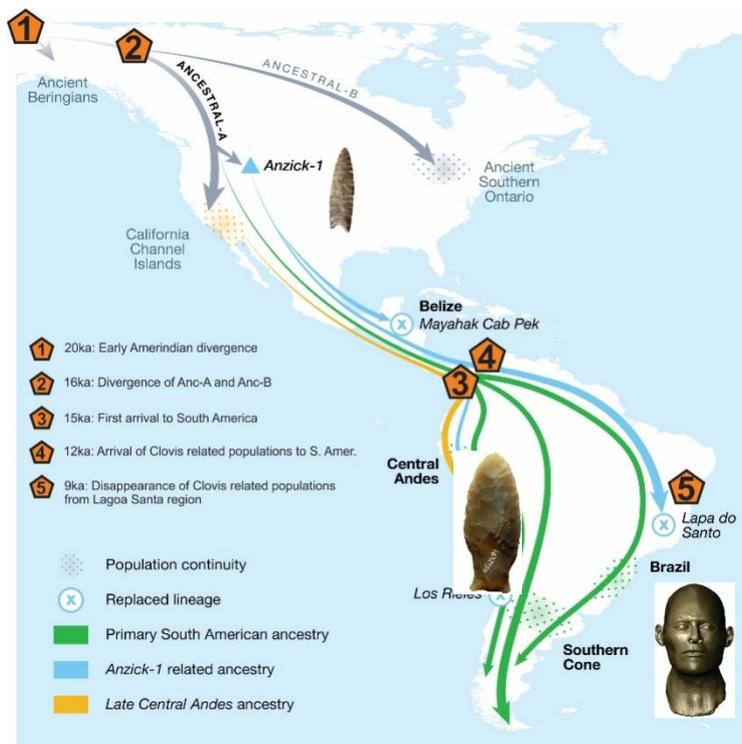
Seleção ou deriva?



História Populacional da América

Conclusões

- Povoamento da América do Sul é um processo complexo que envolveu a inúmeros eventos de dispersão, divergência e mistura – rápidos e quase simultâneos - de populações ancestrais conhecidas e outras desconhecidas.
- Entender as implicações populacionais da Pop-Y em L.Santa é urgente.
- Relação entre morfologia e moléculas parece refletir fenômenos de escala intra-continental e não extra-continental.



História Populacional da América

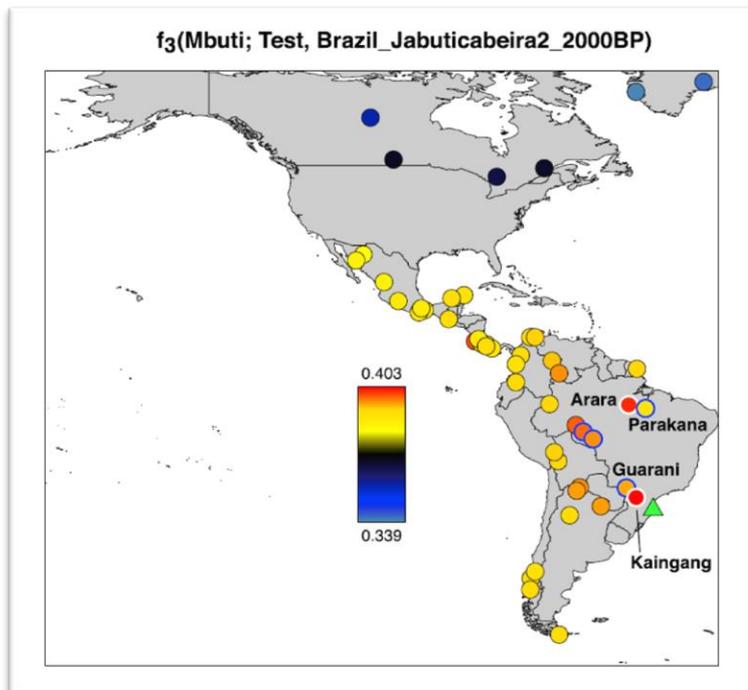
**O SAMBAQUI JABUTICABEIRA 2
CONCHEIRO vs. TERRA PRETA**

História Populacional da América

Relações do Sambaqui Jab 2 com populações nativas:

- Sambaqui Jabuticabeira 2 apresenta afinidades com grupos não Tupi-Guaranis.
- Afinidade com grupos Jê parece maior quando o indivíduo do nível de terra preta é incluído.

Outg.	Test	Pop 1	Pop2	Z-score	#SNPs
Mbuti	Jab. 2_Tot.	Parakana (Tupi-G.)	Kaingang (Ge)	3.842	44322
Mbuti	Jab. 2_Tot.	Guarani (Tupi-G.)	Kaingang (Ge)	2.687	45181
Mbuti	Jab. 2_Tot.	Arara (Carib)	Kaingang (Ge)	0.185	42046
Mbuti	Jab. 2_Conch.	Guarani (Tupi-G.)	Kaingang (Ge)	2.155	40713
Mbuti	Jab. 2_Conch.	Parakana (Tupi-G.)	Kaingang (Ge)	3.124	39931

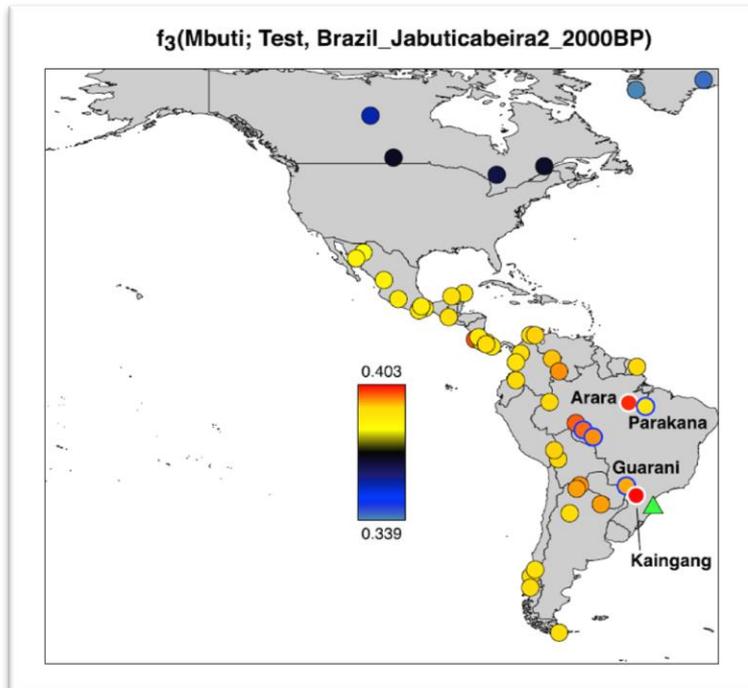


História Populacional da América

Relações do Sambaqui Jab 2 com populações nativas:

- Sambaqui Jabuticabeira 2 apresenta afinidades com grupos não Tupi-Guaranis.
- Afinidade com grupos Jê parece maior quando o indivíduo do nível de terra preta é incluído.

Outg.	Test	Pop 1	Pop2	Z-score	#SNPs
Mbuti	Jab. 2_Tot.	Parakana (Tupi-G.)	Kaingang (Ge)	3.842	44322
Mbuti	Jab. 2_Tot.	Guarani (Tupi-G.)	Kaingang (Ge)	2.687	45181
Mbuti	Jab. 2_Tot.	Arara (Carib)	Kaingang (Ge)	0.185	42046
Mbuti	Jab. 2_Conch.	Guarani (Tupi-G.)	Kaingang (Ge)	2.155	40713
Mbuti	Jab. 2_Conch.	Parakana (Tupi-G.)	Kaingang (Ge)	3.124	39931

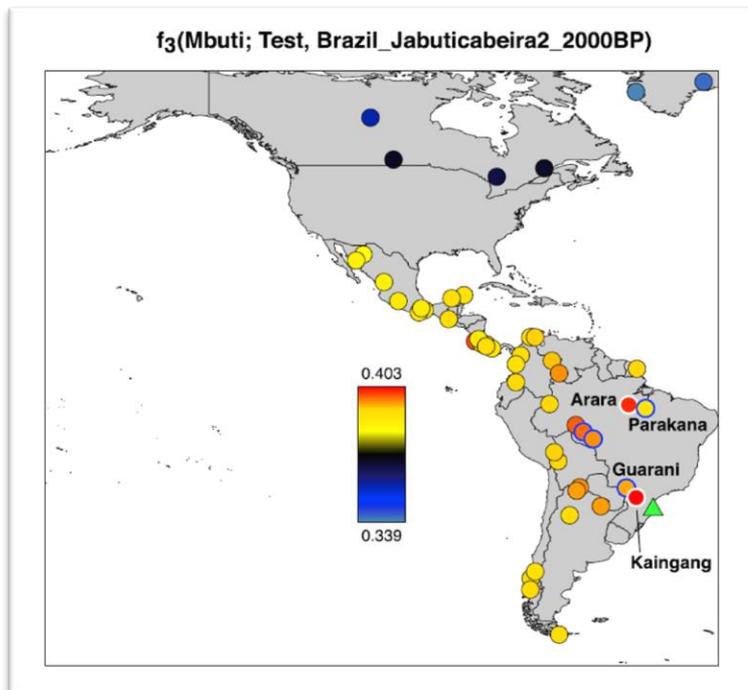


História Populacional da América

Relações do Sambaqui Jab 2 com populações nativas:

- Sambaqui Jabuticabeira 2 apresenta afinidades com grupos não Tupi-Guaranis.
- Afinidade com grupos Jê parece maior quando o indivíduo do nível de terra preta é incluído.

Outg.	Test	Pop 1	Pop2	Z-score	#SNPs
Mbuti	Jab. 2_Tot.	Parakana (Tupi-G.)	Kaingang (Ge)	3.842	44322
Mbuti	Jab. 2_Tot.	Guarani (Tupi-G.)	Kaingang (Ge)	2.687	45181
Mbuti	Jab. 2_Tot.	Arara (Carib)	Kaingang (Ge)	0.185	42046
Mbuti	Jab. 2_Conch.	Guarani (Tupi-G.)	Kaingang (Ge)	2.155	40713
Mbuti	Jab. 2_Conch.	Parakana (TupiG.)	Kaingang (Ge)	3.124	39931

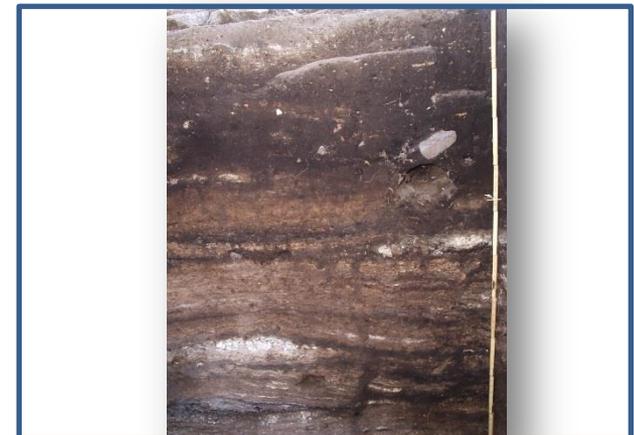
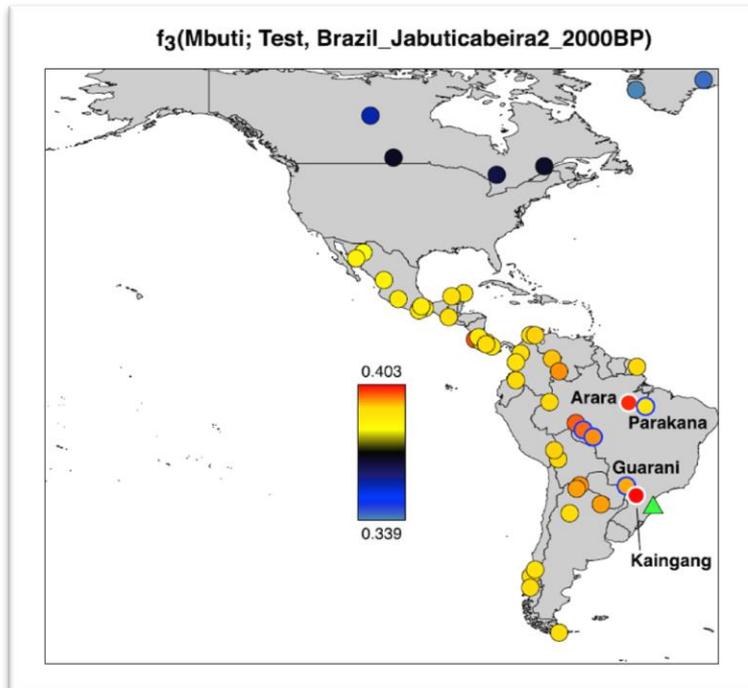


História Populacional da América

Relações do Sambaqui Jab 2 com populações nativas:

- Sambaqui Jabuticabeira 2 apresenta afinidades com grupos não Tupi-Guaranis.
- Afinidade com grupos Jê parece maior quando o indivíduo do nível de terra preta é incluído.

Outg.	Test	Pop 1	Pop2	Z-score	#SNPs
Mbuti	Jab. 2_Tot.	Parakana (Tupi-G.)	Kaingang (Ge)	3.842	44322
Mbuti	Jab. 2_Tot.	Guarani (Tupi-G.)	Kaingang (Ge)	2.687	45181
Mbuti	Jab. 2_Tot.	Arara (Carib)	Kaingang (Ge)	0.185	42046
Mbuti	Jab. 2_Conch.	Guarani (Tupi-G.)	Kaingang (Ge)	2.155	40713
Mbuti	Jab. 2_Conch.	Parakana (TupiG.)	Kaingang (Ge)	3.124	39931



Topo: Sambaqui T. Preta (1300-1100AP)
Indivíduos analisados: 1



BASE: Sambaqui Concha (2300-1800AP)
Indivíduos analisados: 7

História Populacional da América

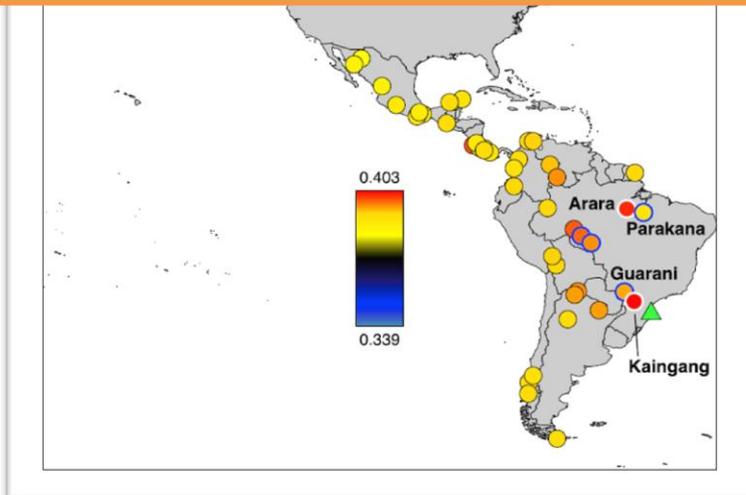
Relações do Sambaqui Jab 2 com populações nativas:

- Sambaqui Jabuticabeira 2 apresenta afinidades com grupos não Tupi-Guaranis.
- Afinidade com grupos Jê parece maior quando o indivíduo do nível de terra preta é incluído.

Outg.	Test	Pop 1	Pop2	Z-score	#SNPs
Mbuti	Jab. 2_Tot.	Parakana (Tupi-G.)	Kaingang (Ge)	3.842	44322
Mbuti	Jab. 2_Tot.	Guarani (Tupi-G.)	Kaingang (Ge)	2.687	45181
Mbuti	Jab. 2_Tot.	Arara (Carib)	Kaingang (Ge)	0.185	42046
Mbuti	Jab. 2_Conch.	Guarani (Tupi-G.)	Kaingang (Ge)	2.155	40713
Mbuti	Jab. 2_Conch.	Parakana (Tupi-G.)	Kaingang (Ge)	3.124	39931



Baixa cobertura (~45k SNPs) torna o sinal ainda mais 'notável'



BASE: Sambaqui Concha (2300-1800AP)
Indivíduos analisados: 7

História Populacional da América

Marcadores Uniparentais – Jabuticabeira 2

- Expressiva homogeneidade entre os sete indivíduos do ‘Sambaqui clássico’.
- Mudança na ocupação corresponde a mudança de haplogrupo (C1c -> B2)

<u>Individual ID</u>	<u>Nível</u>	<u>Haplogroup</u>
Jabuticabeira2 – Burial 102	Terra Preta	B2
Jabuticabeira2 – Burial 43	Sambaqui Clássico	C1c
Jabuticabeira2 – Burial 111/112_nonPathological	Sambaqui Clássico	C1c
Jabuticabeira2 – Burial 111/112_Pathological	Sambaqui Clássico	C1c
Jabuticabeira2 – Burial 110	Sambaqui Clássico	C1c
Jabuticabeira2 – Burial 10B	Sambaqui Clássico	C1c
Jabuticabeira2 – Burial 34	Sambaqui Clássico	C1c
Jabuticabeira2 – Burial 11A	Sambaqui Clássico	C1c



História Populacional da América

Marcadores Uniparentais – Jabuticabeira 2

- Expressiva homogeneidade entre os sete indivíduos do ‘Sambaqui clássico’.
- Mudança na ocupação corresponde a mudança de haplogrupo (C1c -> B2)

<u>Individual ID</u>	<u>Nível</u>	<u>Haplogroup</u>
Jabuticabeira2 – Burial 102	Terra Preta	B2
Jabuticabeira2 – Burial 43	Sambaqui Clássico	C1c
Jabuticabeira2 – Burial 111/112_nonPathological	Sambaqui Clássico	C1c
Jabuticabeira2 – Burial 111/112_Pathological	Sambaqui Clássico	C1c
Jabuticabeira2 – Burial 110	Sambaqui Clássico	C1c
Jabuticabeira2 – Burial 10B	Sambaqui Clássico	C1c
Jabuticabeira2 – Burial 34	Sambaqui Clássico	C1c
Jabuticabeira2 – Burial 11A	Sambaqui Clássico	C1c



História Populacional da América

Marcadores Uniparentais – Jabuticabeira 2

- Expressiva homogeneidade entre os sete indivíduos do ‘Sambaqui clássico’.
- Mudança na ocupação corresponde a mudança de haplogrupo (C1c -> B2)

Individual ID	Nível	Haplogroup
Jabuticabeira2 – Burial 102	Terra Preta	B2
Jabuticabeira2 – Burial 43	Sambaqui Clássico	C1c
Jabuticabeira2 – Burial 111/112_nonPathological	Sambaqui Clássico	C1c
Jabuticabeira2 – Burial 111/112_Pathological	Sambaqui Clássico	C1c
Jabuticabeira2 – Burial 110	Sambaqui Clássico	C1c
Jabuticabeira2 – Burial 10B	Sambaqui Clássico	C1c
Jabuticabeira2 – Burial 34	Sambaqui Clássico	C1c
Jabuticabeira2 – Burial 11A	Sambaqui Clássico	C1c



História Populacional da América

Marcadores Uniparentais – Jabuticabeira 2

- Expressiva homogeneidade entre os sete indivíduos do ‘Sambaqui clássico’.
- Mudança na ocupação corresponde a mudança de haplogrupo (C1c -> B2)

<u>Individual ID</u>	<u>Nível</u>	<u>Haplogroup</u>
Jabuticabeira2 – Burial 102	Terra Preta	B2
Jabuticabeira2 – Burial 43	Sambaqui Clássico	C1c
Jabuticabeira2 – Burial 111/112, nonPathological	Sambaqui Clássico	C1c

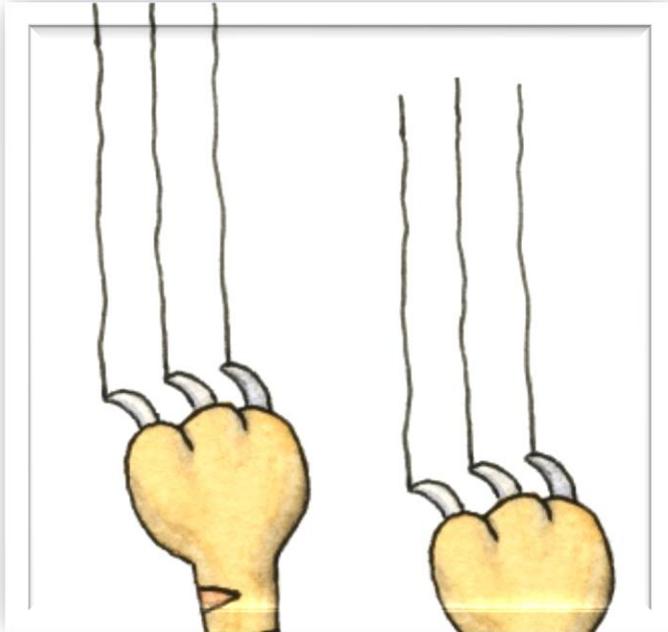
Concordante com interpretação prévia com base em análise de morfologia craniana (e.g. Hubbe et al., 2009)



História Populacional da América

Limitações

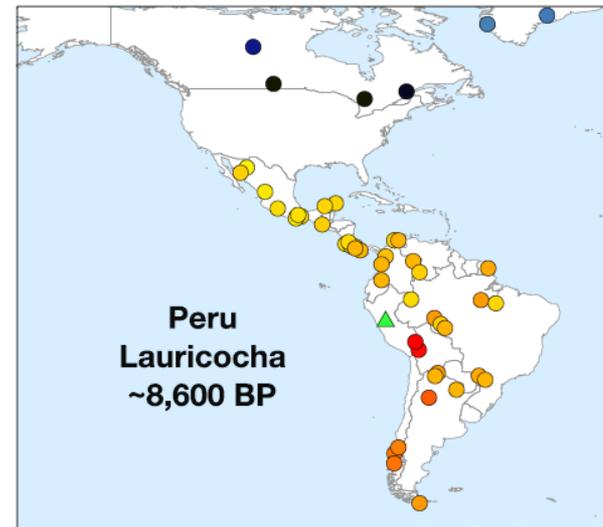
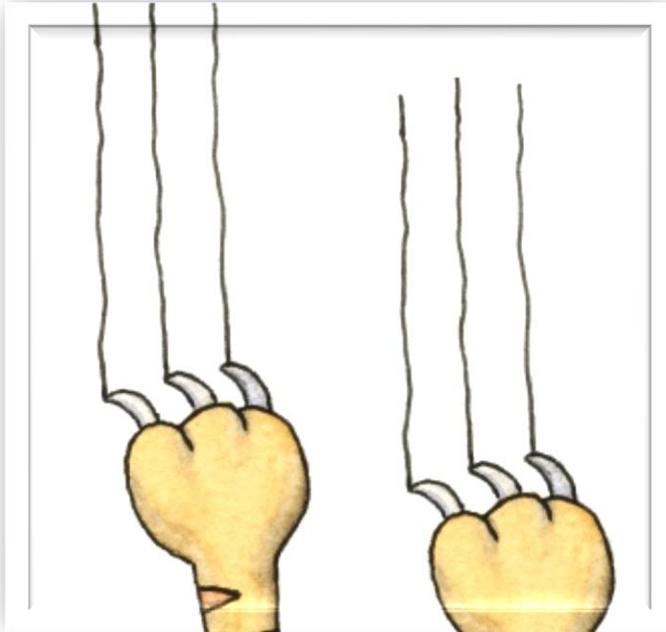
- O primeiro terço da ocupação do continente não está amostrado.
- Radiação rápida torna particularmente necessário elevado número amostral.
- No Brasil, em especial, existem áreas enormes sem amostras – antigas e presentes.
- Artigos já nascem ‘obsoletos’ -> imediata junção dos dados *Cell + Science*



História Populacional da América

Limitações

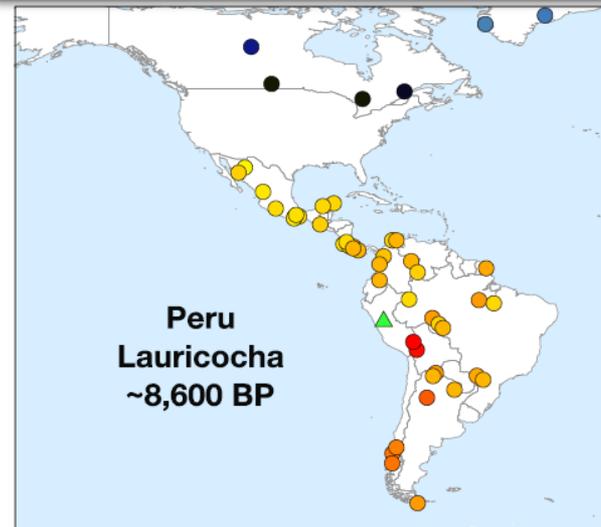
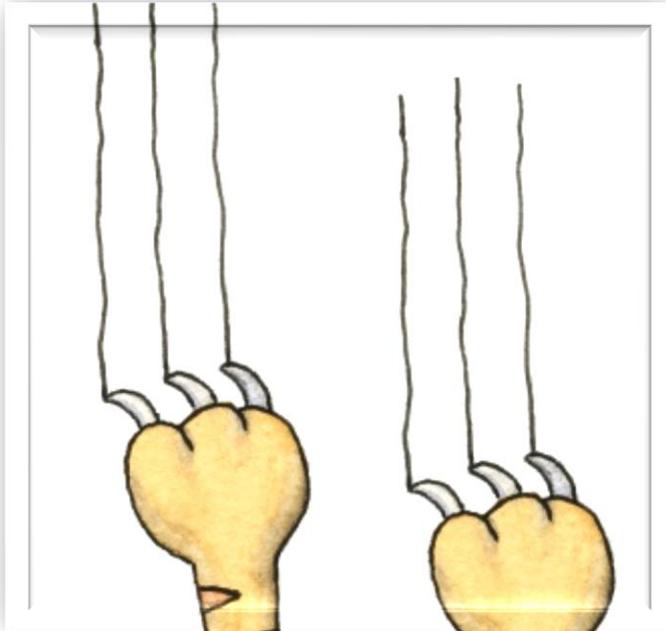
- O primeiro terço da ocupação do continente não está amostrado.
- Radiação rápida torna particularmente necessário elevado número amostral.
- No Brasil, em especial, existem áreas enormes sem amostras – antigas e presentes.
- Artigos já nascem 'obsoletos' -> imediata junção dos dados *Cell + Science*



Próximos passos...

Aumentar a amostragem genômica de populações Nativo Americanas

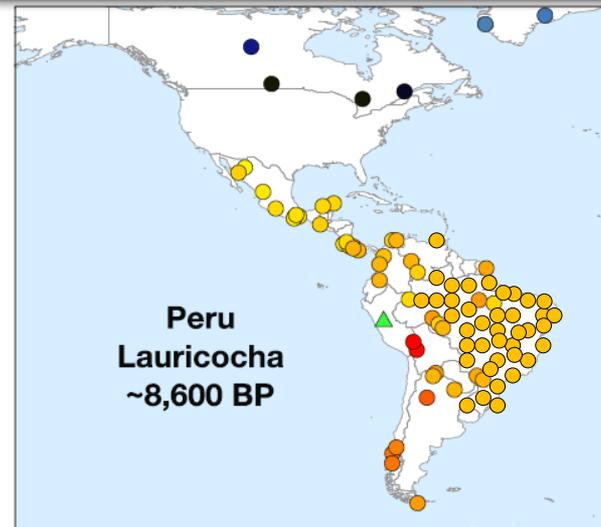
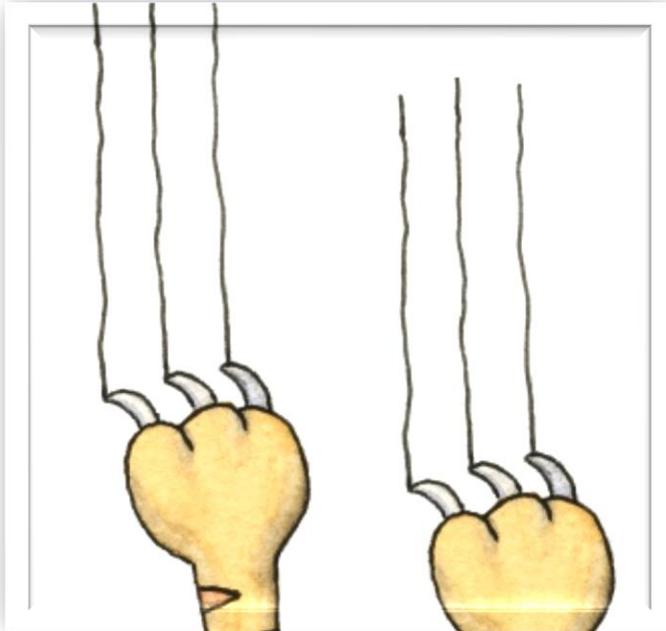
- JP-FAPESP: Diversidade Genômica dos Nativos Americanos (início 2017)
- Coordenação: Tábita Hünemeier



Próximos passos...

Aumentar a amostragem genômica de populações Nativo Americanas

- JP-FAPESP: Diversidade Genômica dos Nativos Americanos (início 2017)
- Coordenação: Tábita Hünemeier



Próximos passos... Projeto JP-FAPESP

HISTÓRIAS INDÍGENAS DE LONGA DURAÇÃO O BRASIL PRÉ-COLONIAL PELA ÓTICA DA ANTROPOLOGIA VIRTUAL E DA ARQUEOGENÉTICA.



1. Arqueogenética
2. Antropologia Virtual
3. Escavações Arqueológicas



Próximos passos... Projeto JP-FAPESP

HISTÓRIAS INDÍGENAS DE LONGA DURAÇÃO O BRASIL PRÉ-COLONIAL PELA ÓTICA DA ANTROPOLOGIA VIRTUAL E DA ARQUEOGENÉTICA.



1. Arqueogenética
2. Antropologia Virtual
3. Escavações Arqueológicas



Próximos passos... Projeto JP-FAPESP

HISTÓRIAS INDÍGENAS DE LONGA DURAÇÃO O BRASIL PRÉ-COLONIAL PELA ÓTICA DA ANTROPOLOGIA VIRTUAL E DA ARQUEOGENÉTICA.



1. Arqueogenética

2. Antropologia Virtual

3. Escavações Arqueológicas



Próximos passos... Projeto JP-FAPESP

HISTÓRIAS INDÍGENAS DE LONGA DURAÇÃO O BRASIL PRÉ-COLONIAL PELA ÓTICA DA ANTROPOLOGIA VIRTUAL E DA ARQUEOGENÉTICA.



1. Arqueogenética
2. Antropologia Virtual
3. Escavações Arqueológicas



História Populacional da América

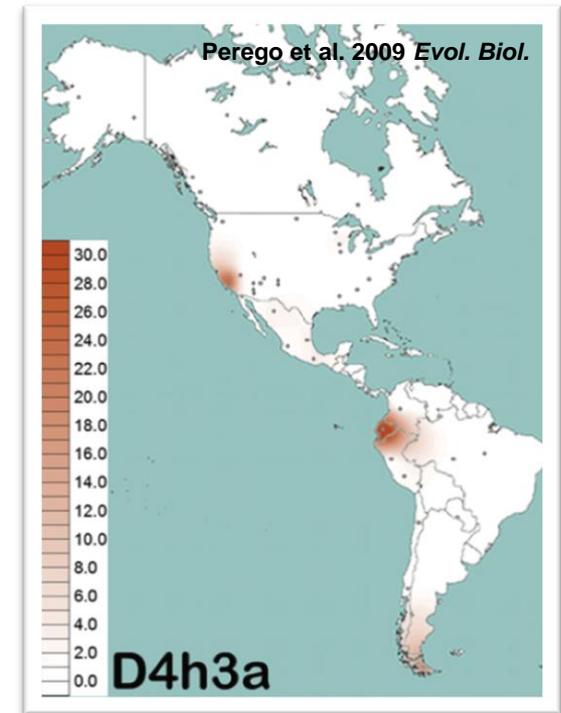
MARCADORES UNIPARENTAIS

História Populacional da América

Marcadores Uniparentais - mitogenomas

- Diversidade caracteriza Lapa do Santo (oposto para Jabuticabeira 2)
- Haplogrupo D4h3a é raro entre populações atuais. Marcador de uma expansão costeira pelo Pacífico?
 - Presença em dois indivíduos da Lapa do Santo e um de Moraes
 - Além desse estudo: Anzick (USA), 939 (Canada), Conchali (Chile), Shuka'kaa (Usa)

<u>Individual ID</u>	<u>mt Haplogrupo</u>
LapaDoSanto_Burial4	A2
LapaDoSanto_Burial15	A2
LapaDoSanto_Burial18	A2
LapaDoSanto_Burial23_Adult2	A2
LapaDoSanto_Burial17	A2
LapaDoSanto_Burial30	B2
LapaDoSanto_Burial32	B2
LapaDoSanto_Burial23_SubAdult1	B2
LapaDoSanto_Burial1	C1d1
LapaDoSanto_Burial16	D4h3a
LapaDoSanto_Burial28	D4h3a
Laranjal_LARAN2_Burial2	A2
Laranjal_LARAN4_Burial3	A2
Moraes_Burial5	D4h3a

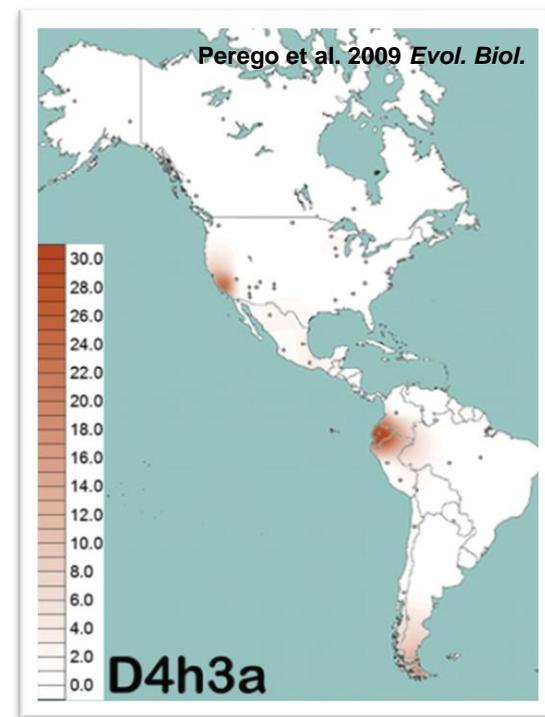


História Populacional da América

Marcadores Uniparentais - mitogenomas

- Diversidade caracteriza Lapa do Santo (oposto para Jabuticabeira 2)
- Haplogrupo D4h3a é raro entre populações atuais. Marcador de uma expansão costeira pelo Pacífico?
 - Presença em dois indivíduos da Lapa do Santo e um de Moraes
 - Além desse estudo: Anzick (USA), 939 (Canada), Conchali (Chile), Shuka'kaa (Usa)

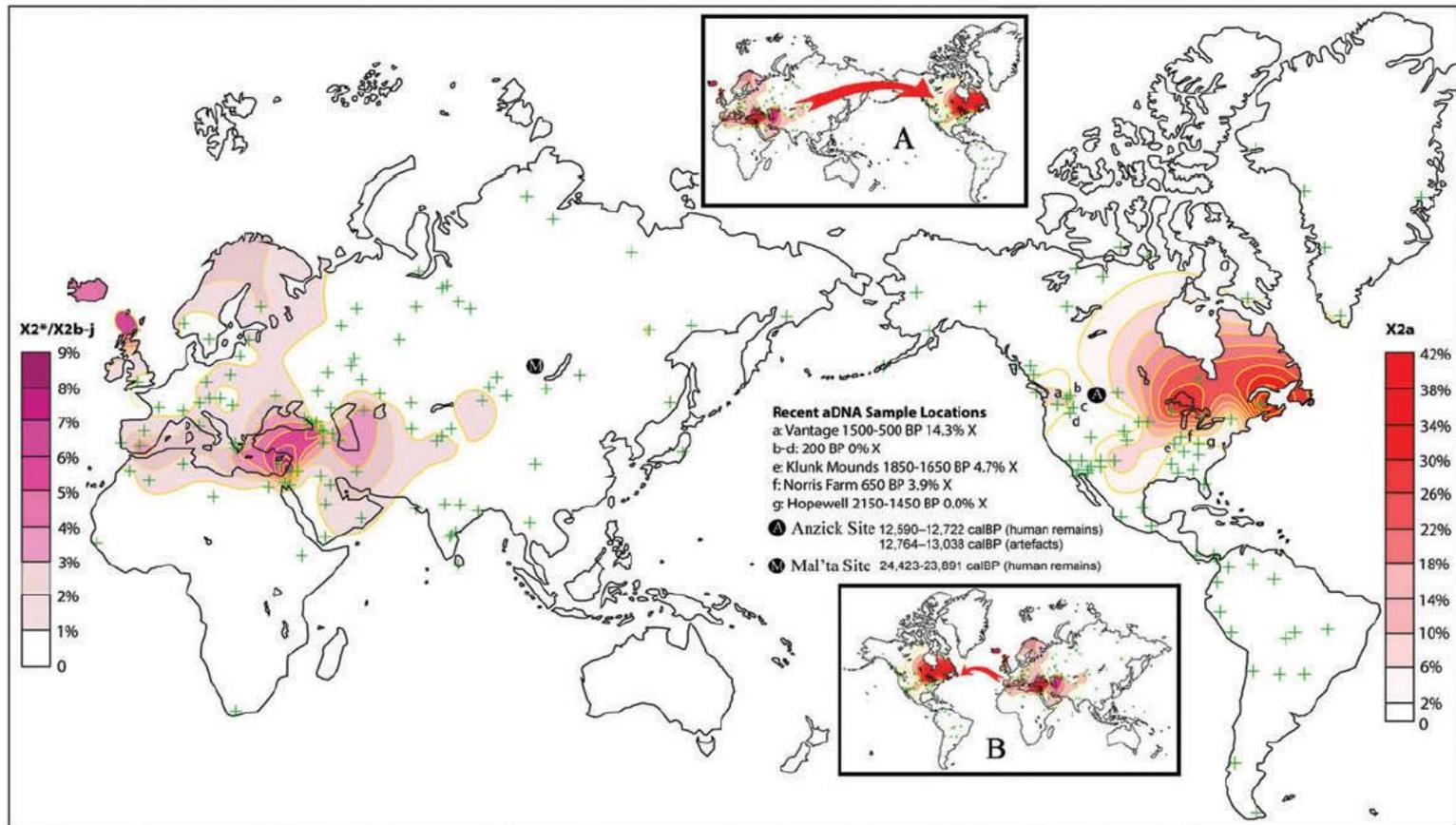
Individual ID	mt Haplogrupo
LapaDoSanto_Burial4	A2
LapaDoSanto_Burial15	A2
LapaDoSanto_Burial18	A2
LapaDoSanto_Burial23_Adult2	A2
LapaDoSanto_Burial17	A2
LapaDoSanto_Burial30	B2
LapaDoSanto_Burial32	B2
LapaDoSanto_Burial23_SubAdult1	B2
LapaDoSanto_Burial1	C1d1
LapaDoSanto_Burial16	D4h3a
LapaDoSanto_Burial28	D4h3a
Laranjal_LARAN2_Burial2	A2
Laranjal_LARAN4_Burial3	A2
Moraes_Burial5	D4h3a



História Populacional da América

Marcadores Uniparentais - mitogenomas

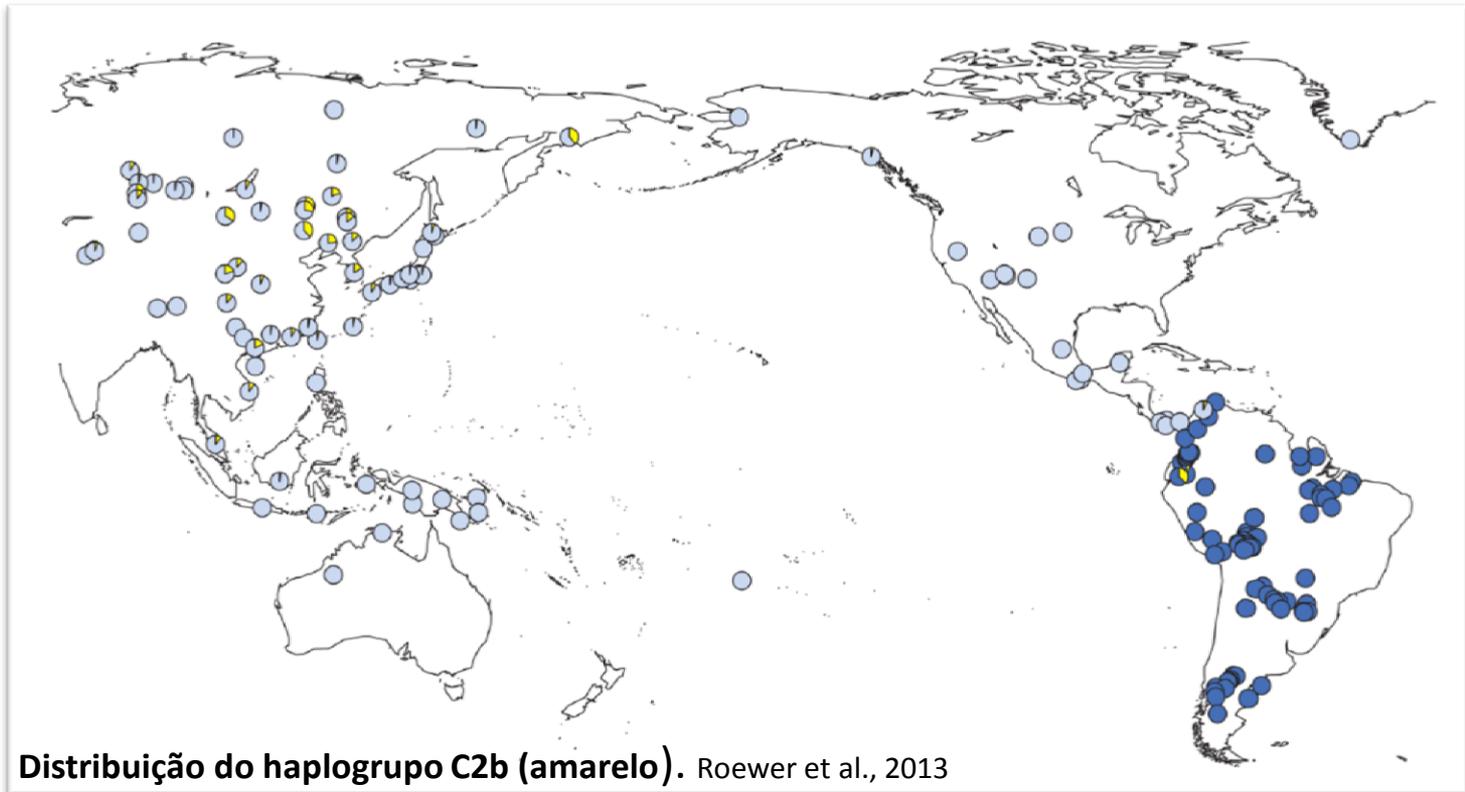
Ausência do Haplogrupo X2a



História Populacional da América

Marcadores Uniparentais – Cromossomo Y

- Haplogrupo C2b é extremamente raro: chegada ao Novo Mundo posterior a 6000 anos atrás (Roewer et al., 2013)?
- Entretanto, esse haplogrupo foi identificado em um indivíduo da Lapa do Santo.
- O haplogrupo Q1a2a1b-CTS1780 é raro atualmente mas estava presente em 1/3 das amostras analisadas nesse estudo.



America

O genoma 'Clóvis' [ca. 13,000 -12,600 cal. AP]

- Esqueleto de Anzick-1 (12,707-12,556 cal. BP). Associado (acima) de 'fardo' Clóvis?
- Origem asiática ou europeia?
- Genoma sequenciado em 14,4 X
- Anzick-1 é geneticamente mais semelhante a todos nativos Americanos atuais do que qualquer outra população vivente.
- Anzick-1 faria parte das populações diretamente ancestral a maioria das populações Nativas Americanas (- Artico Na-Dené e Inuit-Aleuta).
- Divergência profunda entre populações nativas Americanas que precede Anzick-1
- Impossibilidade de uma migração Solutreana, incompatível do MDCBP ou ocupação profunda

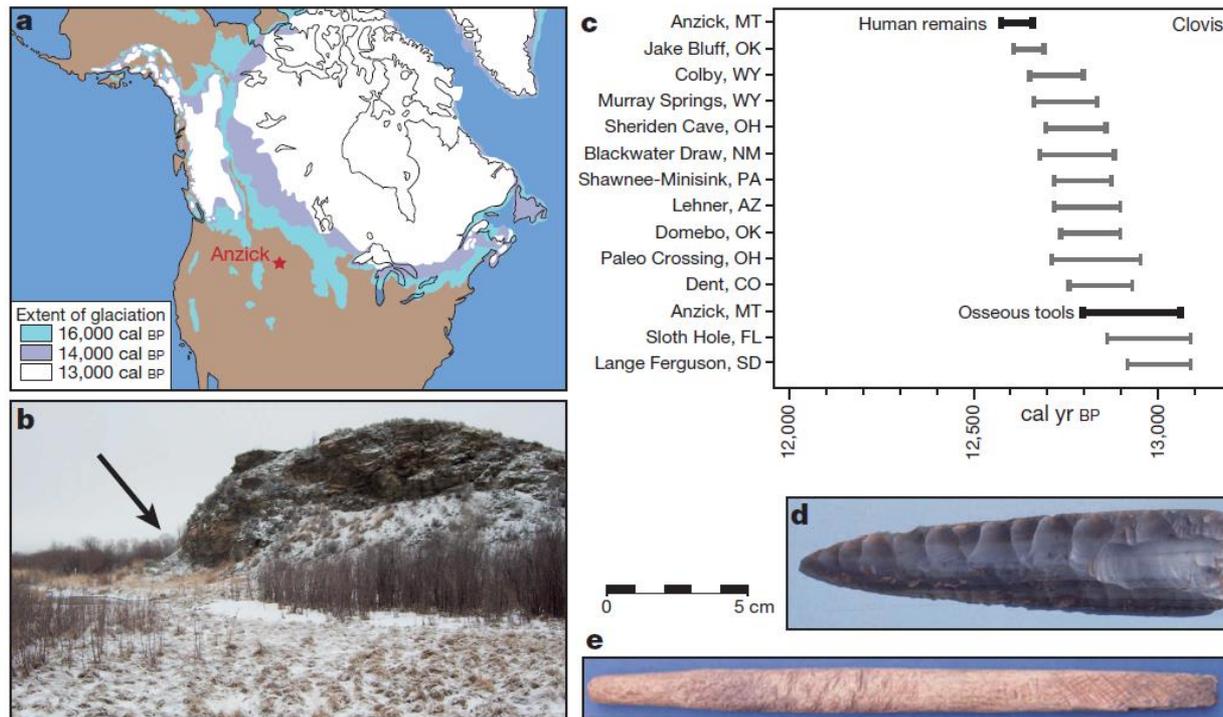


Fig 1 from Rasmussem, 2014

America

O genoma 'Clóvis' [ca. 13,000 -12,600 cal. AP]

- Esqueleto de Anzick-1 foi encontrado em 1968 próximo a Wilsall, Montana.
- Encontrado por operários e não em uma escavação profissional.
- Criança do sexo masculino encontrada em 'associação' com um conjunto de mais de 100 artefatos líticos e osso associados à cultura Clóvis.
- Datação 'complicada': 10575-9005 cal. AP e 13,490-13,265.

