

Kelly Nunes<sup>1,2</sup>  
Lilian Kimura<sup>1,2</sup>  
Carolina C. Gontijo<sup>3</sup>  
Sabrina G. Paiva<sup>3,4</sup>  
Ana Carolina Arcanjo<sup>3,5</sup>  
Regina C. Mingroni-Netto<sup>1</sup>  
Silviene F. Oliveira<sup>3,6</sup>

## **ESTUDOS DE DINÂMICA POPULACIONAL, ANCESTRALIDADE GENÉTICA E SAÚDE EM COMUNIDADES QUILOMBOLAS: RELATO DE UMA EXPERIÊNCIA**

### ***RESERACH ON POPULATION DYNAMIC, GENETIC ANCESTRY AND HEALTH IN BRAZILIAN QUILOMBOS: REPORT OF AN EXPERIENCE***

---

<sup>1</sup> Departamento de Genética e Biologia Evolutiva, Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brasil.

<sup>2</sup> Primeira autoria compartilhada.

<sup>3</sup> Departamento de Genética e Morfologia, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Brasília, Brasília, Brasil.

<sup>4</sup> Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Tocantins, Araguaína, Tocantins, Brasil.

<sup>5</sup> Colégio Marista de Brasília - Asa Sul, Brasília, Brasil.

<sup>6</sup> Autor correspondente/Corresponding Author: Silviene Fabiana de Oliveira, Instituto de Ciências Biológicas; Departamento de Genética e Morfologia, Universidade de Brasília, Campus Darcy Ribeiro, Asa Norte, Brasília, Distrito Federal, 70910-900, Brazil, Tel: +5561 3107 3079, E-mail: [silviene.oliveira@gmail.com](mailto:silviene.oliveira@gmail.com)

## RESUMO

A população brasileira é fruto de uma intensa e complexa miscigenação entre indígenas americanos, europeus e africanos. Apesar desse processo, ainda hoje encontramos em todo o país populações isoladas ou semi-isoladas, exemplos das quais são os remanescentes de quilombos. Eles estão presentes em todas as regiões brasileiras e preservam uma riqueza sociocultural e genética inestimável. Aqui, reunimos parte dos resultados obtidos em pesquisas sobre remanescentes de quilombos, de forma independente, pelos grupos de pesquisa dos Laboratórios de Genética Humana das Universidades de Brasília e de São Paulo. Ao concatenarmos dados genéticos, demográficos e de saúde buscamos construir uma visão ampla sobre quilombos de diferentes regiões, no que se refere a dinâmica populacional, ancestralidade genética e doenças como anemia falciforme e hipertensão. Esperamos trazer à tona a importância e a necessidade de que pesquisas com povos tradicionais sejam integradas e multidisciplinares. Essa integração favorecerá não apenas a comunicação entre pesquisadores em antropologia biológica e cultural, mas também permitirá a construção de panoramas mais completos para nortear a elaboração de políticas públicas de saúde que atendam as demandas dessas comunidades.

**PALAVRAS-CHAVE:** Quilombos; ancestralidade; saúde pública; trabalho de campo; genética

---

## ABSTRACT

The Brazilian population is the product of an intense and complex process of admixture encompassing mainly Indigenous Americans, Sub-Saharan Africans and Europeans. In spite of this intricate process, there are still populations that have remained isolated to some extent; examples of which are the remnants of *quilombos*. These populations are present in most Brazilian states and preserve an invaluable socio-cultural and genetic treasure. Here, we have gathered some of the results obtained over years of research about *quilombos*, independently, by the Human Genetics Laboratories in the Universities of Brasília and São Paulo. By concatenating genetic, demographic and general health data we seek to build a broad view of *quilombos* from different regions, regarding population dynamic, genetic ancestry and relevant health issues, such as sickle cell disease and hypertension. We hope to highlight the importance and need for research focused in traditional peoples to be more integrated and multidisciplinary. That would benefit not only the communication among biologists and anthropologists, but also, most importantly, the construction of panoramas to guide the elaboration of public policies in health, directed at those communities.

**KEYWORDS:** *Quilombos*; ancestry; public health; field research; genetics.

## O CONCEITO DE QUILOMBO

A população brasileira é resultado do processo de miscigenação entre três grupos parentais principais: indígenas americanos, africanos subsaarianos e europeus, em sua maioria ibéricos. Desde o início do processo de colonização, cerca de 4,5 milhões de europeus e cerca de 4,3 milhões de africanos desembarcaram no Brasil (IBGE, 2007). Há que se considerar também migrações mais recentes advindas de outras regiões, como o Oriente Médio, observável especialmente na presença libanesa no país, e Leste Asiático, refletida na grande presença japonesa. É importante ressaltar que os grupos formadores da população brasileira contribuíram para o povoamento das cinco regiões de forma heterogênea, sendo alguns grupos mais representativos em algumas regiões e ausentes em outras. Apesar da miscigenação e de migrações internas, ainda hoje vivem no Brasil populações isoladas e semi-isoladas, como populações indígenas e remanescentes de quilombos.

O entendimento comum do termo quilombo diz respeito a comunidades formadas por escravos fugidos e refugiados em locais de difícil acesso. No entanto, a definição atual das chamadas comunidades Remanescentes de Quilombos definida no Decreto 4.887, artigo 2º, de 20 de novembro de 2003 da Presidência da República é:

Consideram-se remanescentes das comunidades dos quilombos, para os fins deste Decreto, os grupos étnico-raciais, segundo critérios de autoatribuição, com trajetória histórica própria, dotados de relações territoriais específicas, com presunção de ancestralidade negra relacionada com a resistência à opressão histórica sofrida.

A definição legal é mais ampla que o entendimento comum. De acordo com a Associação Brasileira de Antropologia (2012) e O'Dwyer (1995), o termo quilombo não se refere a entidades sociais fixas ou contínuas em relação aos antigos quilombos e tampouco a resquícios arqueológicos ou continuidade material. Os quilombos não são homogêneos, nem necessariamente isolados ou constituídos a partir de movimentos de insurreição.

De acordo com a Fundação Cultural Palmares (2020), a "comunidade remanescente de quilombo é um conceito político-jurídico que tenta dar conta de uma realidade extremamente complexa e diversa, que implica na valorização de nossa memória e no reconhecimento da dívida histórica e presente que o Estado brasileiro tem com a população negra". Seguindo essa linha, Paiva e colaboradores (2020) argumentam que o conceito necessita ser ainda discutido e revisto por órgãos governamentais e de política pública para que comunidades afro-derivadas com histórias de formação distintas do entendimento comum sejam também reconhecidas como remanescentes de quilombos. Desta forma, os autores propõem a denominação quilombos de migração para comunidades fundadas a partir da migração de indivíduos ou famílias de uma região geográfica brasileira para

outra, como parte dos movimentos camponeses. Exemplos são os quilombos de Cocalinho e Pé do Morro, ambos fundados por famílias oriundas principalmente do Estado do Maranhão, que se instalaram no Estado de Tocantins.

Remanescentes de quilombos se enquadram na definição legal de *Populações Tradicionais, Povos Tradicionais* ou *Comunidades Tradicionais*. No Brasil, o decreto presidencial n.º 6.040, de 7 de fevereiro de 2007, conceitua populações tradicionais como:

Grupos culturalmente diferenciados e que se reconhecem como tais, que possuem formas próprias de organização social, que ocupam e usam territórios e recursos naturais como condição para sua reprodução cultural, social, religiosa, ancestral e econômica, utilizando conhecimentos, inovações e práticas gerados e transmitidos pela tradição.

Considerando que essas populações incluem cerca de 4,5 milhões de pessoas, como caboclos, caiçaras, extrativistas, indígenas, jangadeiros, pescadores artesanais, ribeirinhos e seringueiros, ocupando uma área equivalente a 25% do território brasileiro, as comunidades quilombolas representam uma pequena parcela desse grupo. Apesar de numerosas em todo o território brasileiro, as comunidades quilombolas não apresentam densidade demográfica significativa, e ocupam uma área correspondente a 0,12% do território nacional (IBGE, 2012).

Existem hoje registros e vestígios da presença de quilombos urbanos, periurbanos e rurais, com diferentes graus de isolamento, em todas as regiões do Brasil (Fundação Cultural Palmares, 2020), com exceção dos estados do Acre e Roraima e do Distrito Federal. Não se sabe ao certo quantos quilombos existem hoje no Brasil, mas cerca de 3.000 tiveram suas certificações emitidas e várias outras iniciaram o processo de reconhecimento (Fundação Cultural Palmares, 2020).

Comunidades quilombolas possuem histórias únicas, mas formam um grupo coeso em sua ancestralidade africana, cultura e história de luta contra a opressão, pela terra e meios de subsistência de forma livre. Em comum elas possuem também o uso compartilhado da terra por todos os seus membros da comunidade, especialmente as comunidades rurais, que representam a maioria deste grupo (Fundação Cultural Palmares, 2020). Isso se reflete diretamente em seu modo de vida e na forma principal de obtenção de recursos. Muitas comunidades dependem da agricultura de subsistência e da exploração direta de recursos naturais, o que as torna também responsáveis pela preservação dessas fontes. Dentre os quilombolas, há agricultores, pescadores, seringueiros, artesãos, além de guias turísticos que desenvolvem atividades para gerar renda dentro dos territórios das comunidades.

Apesar do relativo isolamento das populações quilombolas, registros históricos e dados genéticos revelam que elas mantiveram, ao longo do tempo,

relações comerciais e sociais com outras populações tradicionais e urbanas vizinhas (AMORIM et al, 2011; Fundação Cultural Palmares, 2020). Ainda assim, o pequeno tamanho populacional e o semi-isolamento têm reflexos nos padrões de endogamia e migração observados nas comunidades (AMORIM et al, 2011; LEMES et al, 2014). Em decorrência dos processos demográficos que caracterizam os quilombos, a ancestralidade genética dessas populações é, geralmente, distinta de cidades ou regiões próximas, com uma maior contribuição genética africana (KIMURA et al, 2013; GONTIJO et al, 2018).

Muitas comunidades quilombolas no Brasil vivem em situação de vulnerabilidade social, com acesso restrito a saneamento básico, saúde e educação (FREITAS et al, 2011). As características peculiares das populações quilombolas como padrões de endogamia e migração, proporções elevadas de ancestralidade africana e interação com o meio ambiente têm reflexos em sua condição de vida e saúde. Portanto, elas requerem estudos epidemiológicos direcionados que permitam mapear as principais enfermidades que as acometem, bem como elaborar planos de ação direcionados para a realidade social em que estão inseridas (FRANCHI et al, 2018; CARDOSO et al, 2018).

Quando os grupos de pesquisa dos Laboratórios de Genética Humana da Universidade de Brasília (UnB) e da Universidade de São Paulo (USP) iniciaram seus projetos de pesquisa com remanescentes de quilombos, cerca de 20 anos atrás, o objetivo principal era compreender o perfil genético e demográfico dessas populações para elucidar aspectos de suas histórias e origens. No entanto, a motivação da pesquisa foi ampliada devido à proximidade das pesquisadoras e coordenadoras dos grupos com a área de saúde, associada à observação das enormes demandas das comunidades e de seus perfis de saúde específicos e diferentes dos de populações urbanas. Hoje, questionamentos relativos ao binômio ancestralidade genética e desigualdade no acesso à saúde, que levaram aos estudos de investigação de determinados indicadores de saúde nessas comunidades, pautaram em grande medida a pesquisa desenvolvida pelos dois grupos.

Nesse artigo, reunimos esforços para concatenar resultados relevantes obtidos pelos dois grupos de pesquisa ao longo dos últimos anos, nos quais desenvolvemos estudos voltados a diversas comunidades quilombolas. Apesar de termos trabalhado de forma independente, existe uma convergência de temas, motivações e metodologias que permite, a partir do ponto de vista genético, traçar uma visão geral das comunidades quilombolas de diferentes regiões geográficas do Brasil. Aqui relatamos como se deu o trabalho em campo, revimos os principais resultados obtidos a partir de dados genéticos e apresentamos interpretações conjuntas à luz do que se conhece sobre a história escrita e oral dessas populações.

## QUILOMBOS: DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA NO PAÍS E IDENTIFICAÇÃO DAS COMUNIDADES ESTUDADAS.

De acordo com a Fundação Cultural Palmares, a região Norte do Brasil apresenta mais de 300 comunidades remanescentes de quilombos certificadas, situadas em quase todos os estados dessa região, com exceção do Acre e de Roraima. O Sul e o Centro-Oeste são as regiões com o menor número de comunidades certificadas até o momento (190 e mais de 160, respectivamente); apesar disso, no estado de Goiás situa-se Kalunga, a comunidade quilombola com maior número de habitantes do Brasil (estima-se cerca de 8.000 indivíduos, FERNANDES, 2015). A região Nordeste, por sua vez, é a que concentra o maior número de comunidades certificadas (cerca de 2.000). A região Sudeste apresenta o segundo maior número de comunidades remanescentes de quilombos certificadas (527 até o momento). Dados da Fundação Instituto de Terras do Estado de São Paulo (Itesp) mostram que a maior parte das comunidades do estado se concentra na região do Vale do Ribeira, ao sul.

Os estudos do grupo de pesquisa da UnB incluíram as comunidades Cocalinho e Pé do Morro (Tocantins), Kalunga (Goiás), Mocambo (Sergipe), Rio das Rãs e Sacutiaba (ambas na Bahia). Os estudos do grupo de pesquisa da USP incluíram as comunidades Ivaporunduva, Maria Rosa, Pedro Cubas, Pilões, São Pedro, Galvão, Abobral Margem Esquerda (Abobral ME), Abobral Margem Direita (Abobral MD), Poça, André Lopes, Nhunguara, Sapatu e Reginaldo, todas localizadas no Vale do Ribeira (São Paulo). Na Tabela 01, resumimos informações sobre as principais comunidades investigadas em nossos estudos.

Cabe ressaltar que as estimativas do número de habitantes de cada comunidade provêm de fontes diversas, uma vez que esses dados ainda não constam no censo demográfico do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE), previsto para acontecer em 2021.

Tabela 1 – Descrição geral das comunidades quilombolas que foram incluídas nos estudos dos grupos de pesquisa da UnB e da USP. Comunidades com situação classificada como certificada na Tabela são aquelas que são reconhecidas, mas não tituladas. N: número de indivíduos amostrados. Abobral ME: Abobral Margem Esquerda. Abobral MD: Abobral Margem Direita.

Comunidade	Estado	Município	Situação	Nº estimado de habitantes*	N	Porcentagem de cobertura (%)
Abobral ME	SP	Eldorado	Certificada	400 <sup>A</sup>	155	38,8
Abobral MD	SP	Eldorado	Em processo de reconhecimento	180 <sup>A</sup>	53	29,4
Galvão	SP	Eldorado / Iporanga	Parcialmente titulada	115 <sup>B</sup>	63	54,8
São Pedro	SP	Eldorado / Iporanga	Parcialmente titulada	120 <sup>B</sup>	65	54,2
Pilões	SP	Iporanga	Parcialmente titulada	90 <sup>B</sup>	50	55,6

Maria Rosa	SP	Iporanga	Parcialmente titulada	50 <sup>B</sup>	22	44,0
Pedro Cubas	SP	Eldorado	Parcialmente titulada	280 <sup>B</sup>	145	51,8
André Lopes	SP	Eldorado	Certificada	300 <sup>B</sup>	131	43,7
Nhunguara	SP	Eldorado	Certificada	460 <sup>B</sup>	129	28,0
Sapatu	SP	Eldorado	Certificada	295 <sup>B</sup>	102	34,6
Ivaporun- duva	SP	Eldorado	Titulada	320 <sup>B</sup>	143	44,7
Poça	SP	Eldorado	Certificada	150 <sup>C</sup>	51	34,0
Reginaldo	SP	Barra do Turvo	Certificada	250 <sup>D</sup>	59	23,6
Kalunga	GO	Cavalcante / Monte Alegre de Goiás / Teresina de Goiás	Parcialmente titulada	8000 <sup>E</sup>	208	2,6
Cocalinho	TO	Santa Fé do Araguaia	Certificada	270 <sup>F</sup>	70	25,9
Pé do Morro	TO	Aragominas	Certificada	400 <sup>F</sup>	63	15,8
Mocambo	SE	Porto da Folha	Parcialmente titulada	500 <sup>G</sup>	171	34,2
Rio das Rãs	BA	Bom Jesus da Lapa / Malha- da / Riacho de Santana	Certificada	4000 <sup>G</sup>	276	6,9
Sacutiaba	BA	Wanderley	Certificada	200 <sup>G</sup>	69	34,5

\* Os números estimados de habitantes foram obtidos (A) pelo grupo de pesquisa da USP (dados não publicados); (B) em Pedroso-Junior, 2008; (C) no relatório técnico-científico sobre a comunidade de quilombo da Poça; (D) por comunicação pessoal com membros da Associação dos Remanescentes de Quilombo do Bairro Reginaldo; (E) Fernandes, 2015; (F) Paiva, 2017 e (G) em Pedrosa, 2006.

## COMO SE DESENVOLVEU O TRABALHO NO CAMPO E A DEVOLUTIVA DOS RESULTADOS DA PESQUISA

### Aspectos éticos

Todo trabalho com a participação de humanos como participante de pesquisa no Brasil demanda aprovação pelo sistema CEP/CONEP (Comitê de Ética em Pesquisa/Comissão Nacional de Ética em Pesquisa). Portanto, antes de iniciar qualquer projeto necessitamos da aprovação dos comitês. Os projetos de pesquisa que realizamos foram avaliados pelos CEP locais, que são comitês geralmente estabelecidos nas Unidades, como Faculdades e Institutos das Universidades. Em

determinados casos, como em pesquisas que demandam a saída de material biológico para genotipagem no exterior e a constituição de biorrepositórios, esses projetos podem necessitar ser também encaminhados para avaliação na CONEP, além dos CEPs locais.

Antes da submissão dos projetos aos CEPs, entramos em contato com representantes das comunidades, em geral as Associações Quilombolas, para verificar o interesse e disponibilidade da comunidade em participar do projeto, bem como para avaliar a viabilidade técnica para a sua execução, como as condições de espaço físico, materiais e logística, necessários para as ações. Além disso, para a submissão aos CEPs, atualmente, é necessária a inclusão de determinados documentos das comunidades, tais como a Certificação de Auto-Reconhecimento das comunidades quilombolas estudados emitido pela Fundação Cultural Palmares e o Termo de Concordância na participação da pesquisa proposta emitido pelo presidente da Associação Quilombola participante.

Após aprovação dos projetos pelos CEPs, os pesquisadores entraram novamente em contato com as comunidades e agendaram as datas para o desenvolvimento das ações. A cada participante, foi explicado o objetivo da pesquisa e obtida autorização para o uso das informações e dados coletados por meio da assinatura do Termo de Consentimento Livre e Esclarecido (TCLE). No TCLE pode ser solicitada a autorização para a possível divulgação de imagens (fotos) e para o armazenamento de amostras biológicas de sangue para estudos futuros alinhados ao projeto de pesquisa (formação de biorrepositório). O número de participantes recrutados depende do interesse dos indivíduos da comunidade em colaborar com o projeto, bem como dos recursos financeiros e logísticos disponíveis para a realização do projeto.

## **Expedições às comunidades**

Cada expedição de coleta de dados teve duração de um a cinco dias, aproximadamente. Essa duração pode ser maior nos casos em que exista maior dificuldade de deslocamento até o local, como nos casos de comunidades mais isoladas. Nos dias agendados as equipes (compostas por pesquisadores, médicos e/ou profissionais da área da saúde e estudantes) compareceram ao local previamente combinado (na maior parte em escolas, igrejas ou centros comunitários) com todo o material necessário para a realização de seus trabalhos. No caso de Kalunga especificamente, para a qual já foram realizadas três expedições, foram registradas diferentes experiências. A área titulada é vasta e com relevo variado. O acesso é difícil e requer transporte adequado, mesmo às aglomerações mais próximas à cidade de Cavalcante (no estado de Goiás). Por isso, depois das primeiras visitas em que a equipe da UnB acampou na área quilombola, foi organizado um ponto de atendimento na sede da Associação de Moradores na cidade de Cavalcante. Nesse caso a equipe de pesquisa, ao invés de levar os pesquisadores ao campo,

custeou para os pesquisados o transporte da comunidade para a cidade, bem como a sua alimentação no período. Essa mudança de procedimento possibilitou a realização de determinados exames laboratoriais, como análises de urina e fezes e testes bioquímicos que demandam curto tempo entre coleta e análise e que são inviáveis quando o trabalho ocorre nas áreas mais isoladas da comunidade.

Em geral, em um primeiro momento foi aplicado um questionário ajustado aos objetivos da pesquisa. Determinados elementos do questionário foram comuns a todas as pesquisas por fazerem parte da identificação do voluntário, tais como seus dados pessoais (nome, filiação, data de nascimento), bem como perguntas sobre as relações de parentesco com outros membros da comunidade, o histórico de doenças e os hábitos de vida relacionados à saúde.

Foi comum nesses trabalhos de campo a obtenção de dados relacionados à pressão arterial e os antropométricos, ou seja, medidas físicas dos participantes como altura, peso, circunferência abdominal, dos quadris e dos punhos, além de outros parâmetros pertinentes e, em alguns casos eventuais, também foi realizado o registro fotográfico. Cada um dos grupos de pesquisa (UnB e USP) construiu bancos de dados a partir das informações anotadas nos questionários que foram utilizados nas pesquisas apresentadas no presente trabalho e ainda serão utilizados em estudos futuros ou em andamento. Os questionários para obtenção de dados relacionados à saúde são, em geral, orientados por diretrizes, tais como aquelas publicadas pela Sociedade Brasileira de Cardiologia e Sociedade Brasileira de Endocrinologia e Metabologia (VI Diretrizes Brasileiras de Hipertensão, 2010; Diretrizes Brasileiras de Obesidade, 2009). Em nossos estudos a construção desses instrumentos foi baseada na Pesquisa Nacional de Saúde (PNS), uma pesquisa de base domiciliar, de âmbito nacional, resultado da parceria entre a Secretaria de Vigilância em Saúde do Ministério da Saúde (SVS/MS), a Fundação Oswaldo Cruz (Fiocruz) e o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE) (SOUZA-JÚNIOR et al, 2015). A PNS concentra-se principalmente em morbidade, estilo de vida e uso de serviços de saúde, primordialmente em âmbito urbano. O grupo de pesquisa da USP contou também com a colaboração do médico Dr. Alexandre da Costa Pereira, do Laboratório de Genética e Cardiologia Molecular – InCor, da Faculdade de Medicina da USP, para a elaboração do questionário. Assim, diversas adaptações das entrevistas/questionários foram realizadas levando em consideração as particularidades ambientais (meio rural) e culturais dessas comunidades.

Ao médico da equipe ou a outro profissional de saúde habilitado (biomédico, bioquímico e/ou enfermeiro) ficou a responsabilidade de aferir duas vezes a pressão arterial: uma logo que o participante chegava à sala de atendimento, depois de pelo menos 15 minutos de repouso, e outra após um intervalo de cerca de 5 minutos. Também competia ao médico dar orientações gerais sobre saúde e controle da pressão arterial, entre outras, caso fossem solicitadas pelo participante. Nos casos em que os parâmetros avaliados foram considerados indicativos de doença, o médico recomendou ao próprio participante ou ao agente comunitário

de saúde o acompanhamento mais aprofundado do caso pelas equipes do PSF (Programa Saúde da Família).

## Coleta e processamento do material biológico

O material biológico coletado consistiu em sangue, urina, fezes e, em alguns casos específicos, também saliva/esfregaço bucal. Sangue, urina e fezes foram utilizados para estudos bioquímicos e pesquisa de parasitoses. O sangue e a saliva/esfregaço bucal também foram utilizados para a obtenção do material genético (DNA). Antes da coleta, todos os frascos de acondicionamento foram previamente identificados com um código atribuído a cada participante. As amostras de saliva, urina e fezes foram coletadas pelo próprio participante. A coleta de sangue foi realizada pela equipe (pelo médico ou por outro profissional habilitado da área da saúde). Apresentamos de forma resumida no Quadro 1 quais foram os materiais biológicos coletados e quais as análises e exames realizados por cada uma das equipes (UnB e USP).

Quadro 1 – Tipo de material biológico coletado e exames/análise realizados pelos dois grupos de pesquisa.

	UnB	USP
Material biológico coletado		
Sangue	sim	sim
Urina	sim	sim
Fezes	sim	não
Saliva ou esfregaço bucal	sim	sim
Exames rápidos realizados no local		
Grupo sanguíneo e Fator Rh	não	sim
Taxa de glicose	não	sim
Taxa de hemoglobina	não	sim
Exames laboratoriais <sup>1</sup>		
Hemograma	sim	não
Grupo sanguíneo e Fator Rh	sim	não
Pesquisa de falcização de hemácias	sim	não
Perfil Lipídico	sim	não
Transaminase oxalacética TGO (AST)	sim	não
Transaminase oxalacética pirúvica TGP (ALT)	sim	não
Creatinina	sim	não
Glicemia em jejum	sim	não
Eletroforese de hemoglobina	sim	não
Rotina de urina (EAS)	sim	não
Parasitológico de fezes	sim	não
Análise genética para detecção da anemia falciforme/traço falcêmico	sim	sim

<sup>1</sup> Apenas para as comunidades Kalunga, Cocalinho e Pé do Morro.

Para as populações do estado de São Paulo, foram realizados testes rápidos de triagem para taxas de glicemia e hemoglobina, além da determinação dos grupos sanguíneos, utilizando uma pequena fração do sangue coletado. O restante do material foi distribuído em frascos apropriados, pré-processados quando pertinente (centrifugados para separação de soro e plasma) ou apenas acondicionado em frascos com anticoagulante EDTA (para a obtenção de DNA). Quando a coleta de sangue não era possível, optou-se pela coleta de saliva/esfregaço bucal

realizada pelo próprio participante. As amostras de saliva foram coletadas com o auxílio do kit Oragene® (DNA Genotek, Ottawa, CAN).

Das populações do Nordeste (Mocambo, Rio das Rãs e Sacutiaba), foram coletadas amostras de sangue periférico para a obtenção de DNA. Das populações de Kalunga, Cocalinho e Pé do Morro, além das amostras de sangue para obtenção de DNA, foram coletadas e enviadas amostras biológicas frescas ao Núcleo de Apoio à Pesquisa do Laboratório Sabin (filiais localizadas em Palmas, Tocantins e Distrito Federal), onde foram feitas análises laboratoriais hematológicas e bioquímicas. Essas análises foram processadas de forma gratuita, por meio de um acordo entre a UnB e o Laboratório Sabin.

Todas as amostras de material biológico foram acondicionadas em isopor com gelo artificial reutilizável até o momento em que foram transportadas para as Universidades responsáveis, onde foram devidamente armazenadas sob refrigeração (8-10°C para as amostras de saliva e a alíquota de sangue destinada à obtenção de amostras de DNA) ou congeladas (freezer -80°C, no caso das amostras de urina, soro e plasma). A extração de DNA foi realizada nos dias posteriores à chegada do material nas Universidades responsáveis.

## **Devolutiva para as comunidades**

Após a conclusão dos projetos de pesquisa, foram redigidos relatórios individuais para cada participante contendo os resultados das medidas da pressão arterial e de todos os exames laboratoriais, como os hematológicos, de determinação de grupos sanguíneos e os resultados dos testes moleculares para a detecção da anemia falciforme/traço falcêmico, que foram entregues aos participantes em expedições posteriores. Para os indivíduos ou famílias com resultado positivo para o traço falcêmico foi realizado o aconselhamento genético, por meio do qual os pesquisadores explicaram o que é a anemia falciforme e quais as chances de um casal com traço falcêmico vir a ter um filho com anemia falciforme ou com o traço. Também foram realizadas reuniões e palestras com as comunidades que expressaram desejo de conhecer os resultados do trabalho e discuti-los de uma forma mais ampla, nas quais foram apresentados dados populacionais sobre saúde, ancestralidade genética e história demográfica.

## **PRINCIPAIS RESULTADOS OBTIDOS COM BASE EM ANÁLISES GENÉTICAS**

A seguir, faremos uma revisão dos nossos estudos previamente publicados, na qual buscamos reunir nossos principais resultados genéticos, frutos da pesquisa independente dos grupos de pesquisa da UnB e USP. O principal objetivo é exemplificar como esses dados coletados foram aplicados e buscar, pela primeira vez, interpretá-los de forma conjunta visando identificar padrões gerais

e peculiaridades das comunidades quilombolas analisadas.

A genética é a ciência que estuda a hereditariedade, a estrutura e função dos genes e a variação particular ou compartilhada entre os indivíduos. Neste sentido, os estudos genéticos podem abranger desde a compreensão da interação entre moléculas até a análise da variabilidade genética nas populações. O DNA (ácido desoxirribonucléico), molécula que é o material genético dos seres vivos, é transmitido de uma geração para a outra e o estudo dos padrões de variação nas sequências de nucleotídeos, subunidades da molécula de DNA, têm identificado assinaturas genéticas que permitem detectar desde cenários demográficos (formação da população, expansões e retrações populacionais; por exemplo: BALARESQUE et al, 2007; ROSENBERG & KANG, 2015) até associação com determinadas doenças (por meio da identificação de variantes genéticas que sozinhas ou em interação com outras variantes e o ambiente podem levar a determinada doença).

Nos tópicos seguintes, apresentaremos como as informações genéticas têm contribuído para a compreensão da história e dinâmica das populações quilombolas, bem como para a identificação de fatores de risco relevantes para a saúde dessas populações.

## **DEMOGRAFIA: PADRÕES DE ENDOCRUZAMENTO E MIGRAÇÕES**

Durante o processo de formação dos primeiros quilombos no Brasil era comum a busca de localidades em áreas rurais de difícil acesso. O estabelecimento do quilombo a uma distância considerável dos centros urbanos ou das grandes fazendas fazia parte da estratégia de sobrevivência e resistência à escravidão durante o período colonial brasileiro (GOMES, 2019). Esse costume acarretou isolamento e limitação do tamanho populacional, o que frequentemente resultou na prática de casamentos consanguíneos. Entretanto, como discutido previamente, nos dias de hoje as comunidades quilombolas são muito heterogêneas: algumas continuam isoladas ou semi-isoladas, enquanto outras encontram-se em áreas urbanas com aparente alta taxa de migração. Portanto, identificar os padrões de endocruzamento e os movimentos migratórios nos ajuda a compreender como essas comunidades têm evoluído ao longo do tempo e sua dinâmica de interação com outras comunidades ou grupos não quilombolas.

No Vale do Ribeira (São Paulo), com base nas entrevistas realizadas em campo, foi possível obter informações sobre a relação de parentesco entre os participantes da pesquisa que permitiram construir genealogias, as quais conectam a maior parte dos indivíduos que fazem parte das comunidades. Durante o processo de construção dessas genealogias, três observações importantes chamaram a atenção: (i) a ocorrência frequente de casamentos consanguíneos, principalmen-

te entre primos de primeiro e segundo grau; (ii) a presença de algum tipo de relação de parentesco entre quase todos os indivíduos, ainda que essa relação fosse distante; (iii) em alguns casos, foi possível identificar indivíduos que pertencem à genealogia de mais de uma comunidade, conectando-as (ex. São Pedro e Galvão, Pilões e Maria Rosa, André Lopes e Nhunguara).

Com base nessas evidências de relações de parentesco, foi desenvolvido um estudo no qual partimos de dados genealógicos e moleculares (utilizando 30 marcadores genômicos, dos quais 14 são SNPs e 16 são microssatélites) para estimar o coeficiente de endocruzamento populacional ( $F$ ) em 10 comunidades quilombolas - Abobral (para esse trabalho consideramos Abobral Margem Esquerda e Direita como um única comunidade, dado o elevado grau de parentesco entre ambas), Maria Rosa, Pilões, Galvão, São Pedro, Pedro Cubas, Ivaporanduva, Sapatu, André Lopes e Nhunguara, localizadas no Vale do Ribeira - SP (LEMES et al, 2014). O coeficiente de endocruzamento é uma medida que permite identificar o quanto os indivíduos da população são descendentes de casamentos consanguíneos (ocorridos há uma ou mais gerações no passado). Por meio deste estudo foi possível detectar que, em média, as comunidades quilombolas do Vale do Ribeira apresentam um coeficiente de endocruzamento três vezes superior ao observado em populações urbanas, como a da cidade de São Paulo ( $F=0,0025$  e  $F=0,00067$ , respectivamente); porém, o valor do coeficiente de endocruzamento é menor que o observado para outras comunidades isoladas do Brasil (ex. Quilombo de Valongo em Santa Catarina  $F=0,0477$ ). Outro aspecto interessante foi a observação de que o índice de estruturação populacional é baixo (expresso por um índice de diferenciação populacional chamado de  $F_{ST}$ , que foi estimado em 0,0272), sugerindo que os níveis de diferenciação genética entre as comunidades são muito pequenos. Uma interpretação possível para esses resultados é que a proximidade geográfica propicia um alto grau de fluxo gênico (migração) entre as comunidades do Vale do Ribeira, o que faz com que possam ser consideradas como um único grupo populacional (LEMES et al, 2014). Este estudo indicou que o pequeno tamanho populacional (cada comunidade estudada tem entre 100 e 500 indivíduos) facilita a ocorrência de casamentos consanguíneos; porém, as comunidades não são completamente isoladas e há de moderada a intensa migração de indivíduos entre as 10 comunidades estudadas no Vale do Ribeira.

Amorim e colaboradores (2011), adotaram uma estratégia diferente e usaram informações obtidas por meio de questionários para estimar a proporção de migrantes nas comunidades de Mocambo (Sergipe), Rio das Rãs (Bahia) e Sacutiaba (Bahia). O estudo revelou que, na geração de estudo em Mocambo, 16,1% dos casamentos ocorrem entre casais em que ambos os cônjuges não são nascidos na comunidade - os chamados migrantes. Em Rio das Rãs os casamentos em que ambos os cônjuges são migrantes ocorrem em 20,2% e em Sacutiaba 30% dos casamentos são desse tipo. Também foi observado que dentre os casamentos envolvendo um cônjuge nascido na comunidade e outro não (casamentos exo-

gâmicos, como definido por Woortmann (1995); correspondendo a 15,4%, 42,4%, 10,5%, respectivamente), as mulheres, em geral, não são da comunidade (60,7%, 63,5%, e 66,7%, respectivamente). Além disso, a análise de pirâmide de idades revelou proporção menor que a esperada de homens entre 20 e 30 anos. Para explicar esses resultados os autores relatam a observação de que é frequente que os homens deixem de viver nas comunidades quilombolas por volta dos 20 anos de idade para trabalhar e morar em outras localidades/cidades. Quando eles retornam para viver nas comunidades, por volta dos 30 anos de idade, muitas vezes estão casados com mulheres que nasceram fora das comunidades. Esse comportamento migratório foi denominado por Woortmann (1990) como migração do tipo viagem.

Esses estudos revelam que, apesar de no passado muito quilombos terem vivido isolados, hoje em dia observam-se movimentos migratórios entre comunidades quilombolas próximas e até mesmo entre não quilombolas. Muitas comunidades quilombolas mantêm relações sociais e econômicas com proprietários rurais da região e/ou com núcleos urbanos regionais. Ou seja, as comunidades não vivem descontextualizadas e têm a produção agrícola como fator fundamental de interação com outros grupos, uma vez que os quilombolas atuam como pequenos produtores, fornecedores, meeiros ou empregados em fazendas da região em que se encontram (Agenda Socioambiental, 2008). Por outro lado, diversos quilombolas relatam que, devido a pressões socioeconômicas e a busca por melhores condições de vida, muitos passam a trabalhar em pequenos núcleos urbanos próximos ou até mesmo deixam as comunidades e passam a viver em grandes cidades. Entretanto, é comum que muitos desses indivíduos retornem para sua comunidade de origem e engajem-se em papéis sociais ou de lideranças para auxiliar nos interesses quilombolas. É interessante notar que, apesar desses movimentos de integração com os demais grupos regionais/urbanos, o cerne das comunidades quilombolas e suas tradições são mantidos, sendo possível identificar núcleos familiares que remetem aos fundadores das comunidades, relações de consanguinidade entre seus descendentes e de relações de parentesco, mesmo remotas, entre os membros mais antigos das comunidades.

## ANCESTRALIDADE GENÉTICA

A ancestralidade é um termo amplamente utilizado, tendo significado cultural, religioso ou político, que impacta diretamente em como as pessoas se identificam (MATHIESON & SCALLY, 2020). Neste sentido, definir ancestralidade é fundamental para evitar possíveis interpretações equivocadas do termo. Do ponto de vista científico, o termo ancestralidade refere-se à origem de um indivíduo ou de seus ascendentes (ROYAL et al, 2010; MATHIESON & SCALLY, 2020). A origem pode ser o local de nascimento de uma pessoa, de seus pais ou, ainda, de seus antepassados mais distantes (dezenas ou centenas de gerações no passado).

A história evolutiva das populações humanas modernas se conecta por meio de um grupo de ancestrais comuns que viveram no continente africano há centena de milhares de anos. Cada população ou grupo populacional que existe nos dias de hoje passou por processos evolutivos distintos de deriva genética e seleção natural, o que levou à diferenciação genética entre as populações atuais. Hoje é possível verificar no genoma das populações humanas assinaturas de eventos demográficos (gargalos e expansões populacionais, migrações, dentre outros) e seletivos (resistência a patógenos, resistência a condições ambientais extremas, melhor aproveitamento energético de um dado alimento). Para detalhes recomendamos consultar as revisões de Balaesque, Ballereau e Jobling (2007); Rosenberg & Kang (2015); Tishkoff (2015). O grau de compartilhamento dessas assinaturas genéticas também permite fazer inferências sobre a ancestralidade genética dos indivíduos.

A ancestralidade genética pode ser inferida a partir de diferentes tipos de marcadores moleculares, principalmente SNPs (polimorfismos de base única - SNPs - do inglês *single nucleotide polymorphism*), INDELs (inserções ou deleções de uma ou mais bases nucleotídicas) e STRs (do inglês *short tandem repeats*, os microssatélites - sequências curtas de nucleotídeos repetidas em tandem que variam muito em número entre os indivíduos). Duas abordagens principais são utilizadas para inferir a ancestralidade genética: (i) seleção de um conjunto de marcadores informativos de ancestralidade (AIMs, do inglês *Ancestry Informative Marker*), que são marcadores genéticos cujos alelos apresentam frequências significativamente diferentes entre os grupos populacionais continentais; (ii) uso de marcadores genômicos em larga escala: centenas de milhares de marcadores genéticos espalhados ao longo do genoma que, analisados com métodos estatísticos apropriados, permitem maximizar e revelar padrões de diferenças genéticas entre os grandes grupos continentais ou até mesmo entre regiões subcontinentais.

Os marcadores genéticos podem estar localizados nos cromossomos autossômicos, definidos como os cromossomos que não sejam os sexuais e que tenham herança biparental, ou seja, um é herdado do lado materno e o outro, do lado paterno. Na espécie humana, os cromossomos sexuais são denominados X e Y, sendo que o Y tem herança uniparental, isso é sempre herdado de um dos pais, no caso com origem paterna. Podem estar também localizados no DNA mitocondrial, que apresenta herança uniparental materna.

Royal e col. (2010) enfatizam a importância de deixar clara qual escala geográfica a que a ancestralidade genética estimada se refere e qual o grau de parentesco entre os indivíduos envolvidos nas análises. Segundo os autores, a ancestralidade inferida a partir de dados genéticos pode ser definida em escala continental, biogeográfica ou subcontinental, ou ainda pode se referir a uma linhagem genética ou histórica de uma família. A ancestralidade continental se refere à atribuição de origem ancestral aos cinco maiores grupos parentais po-

pulacionais espalhados pelos cinco continentes (África, Europa, Ásia, Oceania e América). Ancestralidade biogeográfica ou subcontinental configura a origem do indivíduo associada a uma dada localidade geográfica (região subcontinental, um país ou mesmo regiões dentro de um país). Por fim, a ancestralidade familiar pode se referir a uma linhagem ou uma história de família na qual a narrativa da relação entre os indivíduos e suas linhagens de descendentes e/ou ancestrais maternos e paternos são representados por meio de genealogias.

Ao longo dos anos diversos estudos foram realizados com o intuito de caracterizar a ancestralidade genética continental das comunidades quilombolas (BORTOLINI et al, 1999; ABE-SANDES et al, 2004; RIBEIRO-DOS-SANTOS et al, 2002; SOUZA & CUPI, 2005; SILVA et al, 2006; CARVALHO et al, 2008). Apesar do esperado vínculo quilombola com a ancestralidade africana, a heterogeneidade na origem dos quilombos, discutida anteriormente, levanta a questão se a proporção de ancestralidade genética africana é similar ou distinta entre comunidades com diferentes histórias e de diferentes regiões geográficas do país.

Para traçarmos uma linha de comparação, apresentamos a seguir parte dos resultados dos nossos grupos para os quais há dados sobre marcadores genéticos uni e biparentais (Tabela 02). Apesar dos marcadores empregados não serem os mesmos, as estimativas apresentadas são aproximações que vem sendo confirmadas, ao longo dos anos, com a utilização de diferentes conjuntos de marcadores. Análises de ancestralidade genética com base em marcadores autossômicos do tipo INDEL revelaram que a comunidade de Kalunga, no Centro-Oeste, apresenta maior proporção do componente genético africano (67,3%); Mocambo, no Nordeste, a maior proporção do componente europeu (44,9%); e as comunidades quilombolas do Vale do Ribeira, no Sudeste, apresentam a maior contribuição do componente indígena americano (21,3%) em comparação com as demais.

Os resultados com marcadores autossômicos confirmam a hipótese de que as proporções de ancestralidade genética variam entre as comunidades e as regiões geográficas brasileiras. Gontijo e col. (2018) discutem que há uma correlação entre o nível de isolamento dos quilombos e o grau de miscigenação. Neste sentido, Kalunga, como uma das populações quilombolas mais isoladas, apresenta maior proporção do componente genético africano. Mocambo, por sua vez, tem uma taxa de migração maior que Rio das Rãs (AMORIM et al, 2011) e está localizada ao lado de uma reserva indígena, justificando o maior componente indígena americano em relação a Rio das Rãs. Outro aspecto que deve ser considerado é que muitos quilombos foram formados por escravos fugidos que já haviam nascido no Brasil. Neste sentido, de acordo com relatos históricos, muitos deles eram filhos dos fazendeiros de origem europeia. Ou seja, os processos de miscigenação iniciaram ainda antes da formação dos quilombos.

Corroborando esse argumento, as análises baseadas em marcadores uniparentais apresentam um padrão muito marcante: em todas as comunida-

des é observada elevada proporção de ancestralidade europeia do cromossomo Y, quando comparada às estimativas baseadas nos autossomos (Tabela 02), enquanto o componente europeu é praticamente inexistente ou ocorre em baixa frequência (1,5%) na análise do DNA mitocondrial. Esses dados indicam uma contribuição europeia oriunda quase que exclusivamente de homens e uma contribuição quase nula de mulheres de origem europeia na constituição genética dos quilombos.

Tabela 02 – Proporção (em %) dos componentes de ancestralidade (africano, europeu e indígena americano) inferido a partir de marcadores autossômicos, no cromossomo Y e no DNA mitocondrial.

	Africano	Europeu	Indígena Americano	Referências
Autossomos				
Kalunga	66,3	27,0	6,7	Gontijo et al., 2019
Mocambo	42,6	44,9	12,5	Gontijo et al., 2018
Rio das Rãs	60,6	30,8	8,6	Pedrosa, 2006
Vale do Ribeira	38,7	39,0	21,3	Kimura et al., 2013
Cromossomo Y				
Kalunga	44,8	52,6	2,6	Ribeiro et al., 2010
Mocambo	22,8	45,4	4,5	Ribeiro et al., 2010
Rio das Rãs	36,8	47,6	10,5	Ribeiro et al., 2010
Vale do Ribeira	32,9	60,9	6,2	Kimura et al., 2017
DNA mitocondrial				
Kalunga	86,7	-	13,3	Ferreira, 2006
Mocambo	78,6	-	21,4	Ferreira, 2006
Rio das Rãs	86,0	-	14,0	Ferreira, 2006
Vale do Ribeira	49,2	1,5	49,3	Rincon, 2009

Essas informações revelam muito sobre a dinâmica de formação das populações quilombolas. Historicamente, sabe-se que a maioria dos quilombos foi formada entre os séculos XVI e XVIII (GOMES, 2019). Nesta época vieram para o Brasil homens europeus que tiveram filhos com mulheres africanas escravizadas e, mais tarde, parte desses filhos devem ter integrado grupos fundadores de quilombos. Para investigar mais a fundo essa questão, Kimura e col. (2017) usaram dados genealógicos e marcadores moleculares no cromossomo Y para identificar a ancestralidade genética dos principais fundadores das comunidades do Vale do Ribeira. O estudo buscou avaliar a ancestralidade do cromossomo Y dos descendentes dos homens fundadores dessas populações e permitiu identificar cinco fundadores principais, que viveram entre cinco e sete gerações atrás. Dentre os fundadores, foi inferido que dois apresentaram cromossomo Y de origem africana e três, de origem europeia. Em contrapartida, reduzida contribuição global indígena foi observada considerando o cromossomo Y nessas populações. Já a análise da origem do DNA mitocondrial revelou estimativa elevada de ancestralidade indígena americana. No Vale do Ribeira é comum o relato de que mulheres indígenas eram “pegas no laço” e passavam a integrar as comunidades quilombolas. Essa prática de casamentos direcionais, normalmente imposta, que ocorreu

principalmente durante o processo de formação da população brasileira explica as contribuições assimétricas dos componentes de ancestralidade observadas atualmente nas comunidades quilombolas. Resultados muito similares foram observados para as comunidades do nordeste e centro-oeste, assim como os mesmos relatos de incorporação de mulheres indígenas “pegas no cachorro” ou “no laço”, descritas por membros das comunidades. Aparentemente as comunidades quilombolas tradicionais foram fundadas principalmente por homens (FERREIRA, 2006; RIBEIRO et al, 2010).

Por fim, também é importante salientar que as comunidades quilombolas analisadas apresentam um perfil de ancestralidade genética muito diferente daquelas estimadas para as outras populações das mesmas regiões geográficas a que elas pertencem. Segundo Manta e col. (2013), no Centro-Oeste foram estimadas 26% de ancestralidade genética africana, 58% europeia e 16% indígena americana; no Nordeste temos 28% africana, 56% europeia e 16% indígena americana e no Sudeste do Brasil há 27% africana, 61% europeia e 12% indígena americana. Esses dados revelam que apesar de haver miscigenação com outros componentes de ancestralidade (europeu e indígena americano), as comunidades quilombolas apresentam maior proporção do componente africano quando comparadas à região geográfica brasileira em que se localizam.

Esses estudos indicam que a análise de ancestralidade genética pode ser uma importante aliada para revelar aspectos históricos da dinâmica e da formação das populações. Para tanto, é essencial que haja um trabalho integrativo entre os pesquisadores, as comunidades e as lideranças quilombolas. Nossa experiência tem mostrado que, ao mesmo tempo em que os dados genéticos corroboram as histórias ainda vivas na memória das comunidades, eles também revelam eventos do passado sem registro oral ou escrito. Além disso, ouvir os relatos quilombolas sobre suas origens e os princípios que regeram a formação os quilombos são fundamentais para a interpretação dos dados genéticos.

## SAÚDE E EPIDEMIOLOGIA

Segundo a Organização Mundial da Saúde (2008), o termo saúde é definido como “um estado de completo bem-estar físico, mental e social e não apenas a ausência de doenças ou enfermidade”. Freitas e col. (2011) trazem a reflexão de que a saúde está relacionada à conjuntura social, econômica, política e cultural e, portanto, pode variar de acordo com a época, o local e a classe social. Neste contexto, o Ministério da Saúde elaborou um plano que está dentro da Agenda Nacional de Prioridades de Pesquisa em Saúde (Organização Mundial da Saúde, 2008) e entre as metas estão: a investigação da situação de saúde das populações auto classificadas negras vivendo em remanescentes dos antigos quilombos; a obtenção de informação estatística do quesito cor e de outras variáveis importantes para o monitoramento da equidade em saúde; a análise epidemiológica da morbimortalidade por

doenças genéticas e por doenças agravadas pelas condições de vida; a revisão sistemática sobre saúde da população negra, doenças, agravos e condições da população negra; hemoglobinopatias, hipertensão, diabetes mellitus e seus agravos. Deste modo, o estudo das populações quilombolas propicia a compreensão de como seu modo de vida e origens influenciam nas suas condições de vida e saúde (BARATA et al, 2007; PAIVA, 2017; FRANCHI et al, 2018).

Na maior parte das comunidades quilombolas observa-se falta de saneamento básico, e restrição ou falta de acesso aos serviços públicos de saúde e educação, acarretando numa condição de vulnerabilidade social e agravos à saúde (FREITAS et al, 2011; PAIVA, 2017; FRANCHI et al, 2018; CARDOSO et al, 2018). A Fundação Nacional de Saúde (FUNASA), vinculada ao Ministério da Saúde do governo brasileiro, tem estimulado estudos concernentes ao cuidado com a saúde das comunidades quilombolas, principalmente programas de prevenção. Entre as políticas, destaca-se a Política Nacional de Saúde Integral da População Negra, instituída pela Portaria nº 992, de 13 de maio de 2009.

Nesta perspectiva, os estudos epidemiológicos têm sido um importante instrumento para o mapeamento das principais enfermidades que acometem as populações quilombolas. Esses estudos revelam uma alta taxa de doenças infecciosas, mortalidade infantil e desvios nutricionais, bem como uma alta prevalência de doenças crônico-degenerativas como hipertensão, obesidade e diabetes (ver revisão em CARDOSO et al, 2018). O Brasil atravessa na atualidade um período de transição epidemiológica, com destaque para a modificação dos padrões de saúde e doença que interagem com fatores demográficos, econômicos, sociais, culturais e ambientais (SZWARCWALD et al, 2010), e não seria diferente nas comunidades quilombolas (KIMURA et al, 2012; BEZERRA et al, 2013; SOARES & BARRETO, 2014; PAIVA, 2017).

Esse processo de transição epidemiológica, em que doenças crônicas não transmissíveis (como é o caso da hipertensão e diabetes) ganham expressividade em relação às doenças transmissíveis (doenças infecciosas), está diretamente relacionado a mudanças demográficas (aumento dos tamanhos populacionais) e nutricionais de cada comunidade. Com base em relatos obtidos durante as entrevistas com as comunidades do Vale do Ribeira, é possível observar a introdução recente (nos últimos 30 anos) de alimentos industrializados ricos em sódio, açúcar e gordura na dieta. Parte dessa transição está relacionada à maior interação com as populações urbanas e, em parte, às restrições à caça, pesca e roças na região do Vale do Ribeira. Como consequência, observa-se a adoção de alimentação semelhante à das populações urbanas de baixa renda (KIMURA, 2010). Atrelado ao componente ambiental, também existe a predisposição genética associada à origem geográfica dos indivíduos, sendo reconhecido que populações afrodescendentes têm frequência mais elevada dos alelos que causam a doença falciforme e são mais susceptíveis a doenças de caráter multifatorial como a hipertensão.

Ressalta-se que a ancestralidade genética nas pesquisas em saúde está entre os temas mais debatidos, principalmente quando o assunto são as populações miscigenadas. Porém, grande parte dos estudos que buscam investigar a influência da ancestralidade genética na saúde foram ou são conduzidos em populações norte-americanas e têm mostrado maior prevalência de doenças cardiovasculares em indivíduos afrodescendentes quando comparados a descendentes de europeus (ZHU et al, 2011; SCHUSTER et al, 2012; SHETTY et al, 2012; QI et al, 2013; SALFATI et al, 2015; KLIMENTIDIS et al, 2016). De fato, a maior susceptibilidade a uma doença com influência genética, como é o caso da hipertensão e outras doenças cardiovasculares, é explicada pelo compartilhamento de regiões do genoma e, conseqüentemente, a ancestralidade geográfica comum pode aumentar a probabilidade desse compartilhamento. Já a influência ambiental sobre o risco de ocorrer uma doença decorre do compartilhamento de práticas culturais, do nível de estresse, da escolaridade e do acesso a serviços de saúde (DRESSLER et al, 2008; KUZAWA & SWEET, 2009; ALBUQUERQUE et al, 2015).

A seguir, apresentaremos de que modo doenças como a doença falciforme e a hipertensão foram avaliadas pelos nossos grupos de pesquisa em diferentes comunidades quilombolas do Brasil.

## ANEMIA FALCIFORME

A anemia falciforme ou doença falciforme é uma doença hereditária de origem Africana. Ela é caracterizada por uma alteração nucleotídica, uma substituição de bases, no códon 6 do gene *HBB* (c.20A>T; p.Glu7Val; rs334), que codifica a globina beta. A globina beta é um dos dois tipos de molécula que compõem a hemoglobina, uma proteína presente no interior das hemácias (glóbulos vermelhos) e que tem como principal função o transporte de oxigênio no sangue. A hemoglobina é formada por quatro subunidades, sendo duas de globina alfa e duas de globina beta. Essa mutação na globina beta (*HBB*\*S) provoca uma alteração estrutural da molécula que, em condições de baixo oxigênio, pode levar a uma polimerização das globinas com a falcização das hemácias, ou seja, a hemácia adquire um formato de foice. Nesta situação, a hemácia se torna menos flexível, o que leva à vaso-oclusão e episódios de dor e lesão em vários órgãos. As manifestações clínicas são heterogêneas, variando desde casos mais graves, nos quais o paciente está sujeito a inúmeras complicações e internações hospitalares, a outros com evolução mais benigna e, em alguns casos, assintomáticos (revisão em SARAF et al, 2014).

A presença em homozigose do alelo mutado da beta globina (*HBB*\*S/*HBB*\*S, situação em que a pessoa carrega dois alelos igualmente mutados) resulta na anemia falciforme. Já a sua presença em heterozigose (*HBB*\*A/*HBB*\*S, situação em que a pessoa carrega um alelo mutado e o outro não) resulta no traço falcêmico, o qual não acarreta manifestações clínicas evidentes; porém, quem apresenta

o traço tem a probabilidade de transmitir o alelo mutado à metade de seus descendentes (BAIN et al, 2020). Se tiver filho(a) com outro indivíduo com o traço, a probabilidade de nascer uma criança com o genótipo *HBB\*S/HBB\*S*, com a doença falciforme, é de 25%.

A mutação *HBB\*S* não é a única que ocorre no gene da globina beta. Outra mutação comum em populações de origem africana é o chamado alelo *HBB\*C*, que se caracteriza por uma troca de nucleotídeo no mesmo códon da mutação *HBB\*S*, que gera uma substituição diferente de aminoácido (c.19G>A; p.Glu7Lys; rs33930165). A *HBB\*C* também provoca mudanças estruturais na conformação da hemoglobina, reduzindo a solubilidade das hemácias e levando à formação de cristais que causam um quadro clínico de anemia hemolítica moderada. A manifestação clínica ocorre apenas em homozigose (*HBB\*C/HBB\*C*), sendo os indivíduos heterozigotos (*HBB\*A/HBB\*C*) assintomáticos (CHARACHE et al, 1967). Contudo, a combinação de *HBB\*C* com *HBB\*S* num mesmo indivíduo (*HBB\*C/HBB\*S*) causa anemia hemolítica crônica, menos severa que a doença falciforme, mas que pode apresentar complicações e requer cuidados ao paciente (BAIN et al, 2020).

A anemia falciforme é a hemoglobinopatia mais comumente herdada. Estima-se que no mundo existam mais de 13 milhões de pessoas afetadas (PIEL et al, 2017); no Brasil, estima-se que entre 25.000 e 30.000 pessoas tenham anemia falciforme e cerca de 7 milhões tenham o traço falcêmico. Cerca de 1 a cada 3500 nascidos por ano terão a doença no país e essa prevalência elevada coloca a doença falciforme como a doença hereditária monogênica mais frequente do Brasil (CANÇADO e JESUS, 2007).

Diversos estudos mostraram que as mutações causadoras da doença falciforme (*HBB\*S*) e anemia hemolítica (*HBB\*C*) têm sua origem no continente africano (KAN & DOZY, 1980; SHRINER & ROTIMI, 2018). No entanto, apesar de essas doenças terem características graves e levarem muitos indivíduos à morte antes da idade reprodutiva, a frequência dos alelos mutados é expressiva no continente africano (*HBB\*S* - 12.1%; *HBB\*C* - 0.7%; 1000 Genome Project Phase III), em especial nas regiões endêmicas da malária. A hipótese mais difundida para explicar essa frequência elevada é a de que o agente causador da malária (*Plasmodium falciparum*) não é capaz de infectar hemácias com baixas concentrações de oxigênio e alterações estruturais (ARCHER et al, 2018). Deste modo, os indivíduos heterozigotos apresentam uma vantagem seletiva ao não apresentarem as complicações clínicas, nem serem infectados (ou serem, mas em menor intensidade) pelo *Plasmodium falciparum*. Por isso, os alelos *HBB\*S* e *HBB\*C* da globina beta não são eliminados das populações e mantêm-se numa frequência maior que a esperada para alelos causadores de doenças (HALDANE et al, 1949; PIEL et al, 2010).

Considerando a frequência dos alelos mutados da globina beta (*HBB\*S* e *HBB\*C*) nas populações africanas, é esperado que populações afrodescendentes, em especial as populações quilombolas, também apresentem indivíduos com

anemia falciforme, hemolítica ou com o traço falcêmico. Mapear a frequência em que essas doenças ocorrem é um passo importante para o planejamento e o desenvolvimento de políticas de saúde pública voltadas para as comunidades quilombolas.

Para compreender como os alelos *HBB\*S* e *HBB\*C* estão distribuídos em populações afrodescendentes no Brasil, a equipe da UnB desenvolveu um estudo concatenando dados por ela obtidos (11 comunidades quilombolas) com dados da literatura (15 comunidades quilombolas), totalizando a avaliação de 2.601 indivíduos de quilombos localizados nas cinco regiões geográficas brasileiras (OLIVEIRA et al, 2002). O estudo mostra que o alelo *HBB\*S* está presente em todas as comunidades quilombolas analisadas, tendo a frequência média de 3,7% (3,6% no Norte, 4,1% Nordeste, 1,3% Centro Oeste, 3,7% Sudeste e 0,5% no Sul). Também foi possível constatar que o alelo *HBB\*C* é menos frequente (0,9%) e não foi observado na amostra do Sudeste (1,3% no Norte, 0,9% no Nordeste, 0,7% no Centro-Oeste, 0% no Sudeste e 1,2% no Sul).

Nos estudos realizados pelo grupo de pesquisadores da USP foi avaliada a ocorrência das mutações *HBB\*S* e *HBB\*C* em cerca de 1.100 indivíduos de 12 comunidades do Vale do Ribeira no estado de São Paulo (Abobral Margem Direita, Abobral Margem Esquerda, Galvão, São Pedro, Pedro Cubas, Pilões, Maria Rosa, André Lopes, Nhunguara, Sapatu, Ivaporanduva e Poça) (DE MELLO-AURICCHIO et al, 2007; MINGRONI-NETTO et al, 2009). A frequência alélica média observada para o alelo *HBB\*S* foi de 4,28%. Os estudos também reportaram a frequência média de indivíduos com o traço falcêmico em 8,0% (*HBB\*A/HBB\*S*), porém a frequência é variável entre as comunidades (sendo nula em Pilões e Maria Rosa até 17,6% em Poça). As únicas comunidades que apresentaram indivíduos com anemia falciforme foram Abobral Margem Esquerda (1,3%) e Abobral Margem Direita (1,9%). A frequência alélica média do *HBB\*C* foi de 0,18%, sendo que o alelo foi observado apenas em heterozigose (0,3% Ivaporanduva e 2% em Pilões) (MINGRONI-NETTO et al, 2009).

As diferenças nas frequências alélicas entre as comunidades quilombolas refletem aspectos importantes da história demográfica dessas populações: (i) as populações foram fundadas por grupos pequenos de indivíduos cujas frequências dos alelos mutados da globina beta eram variáveis; (ii) o pequeno tamanho populacional fez com que, pela ação do acaso (deriva genética), as frequências tenham sofrido maior oscilação, causando aumento ou diminuição das frequências alélicas; (iii) a presença do *HBB\*C* nas comunidades reforça a contribuição de ancestrais oriundo da região oeste da África, uma vez que esse alelo é praticamente inexistente em populações do leste da África.

Caracterizar a distribuição dos indivíduos com doença falciforme e com traço falcêmico tem impacto direto em ações de políticas públicas. Por isso, é fundamental prestar esclarecimentos à comunidade sobre a doença falciforme e a

anemia hemolítica, além de conscientizar os casais, em que ambos possuem o traço de que a chance de gerarem uma criança com a doença é de 25%, o que requer uma atenção especial tanto o ponto de vista do planejamento familiar como da saúde dos recém-nascidos.

## HIPERTENSÃO

Hipertensão é caracterizada pela elevação da pressão arterial de forma crônica e com caráter patológico. Um indivíduo é diagnosticado com hipertensão arterial quando os valores das pressões máxima (sistólica) e mínima (diastólica) são iguais ou maiores que 140/90 mmHg (14 por 9). A hipertensão é também chamada de “assassina silenciosa”, já que em boa parte dos casos não acarreta sintomas visíveis. Segundo a Organização Mundial da Saúde (OMS), ela é o principal fator de risco para doenças cardíacas, vasculares, cerebrais e renais, representando a maior causa de mortes prematuras no mundo todo.

Ainda de acordo com a OMS, mais de um bilhão de pessoas são hipertensas e dois terços delas vivem em países menos desenvolvidos. No Brasil, estima-se que 36 milhões (32,5%) de adultos sofram com o distúrbio (MALACHIAS et al, 2016), mas esse número possivelmente está subestimado, uma vez que a maior parte dos dados disponíveis advém de estudos com abordagem local ou de inquéritos populacionais que utilizam questionários para a obtenção de informações autorreferidas, não havendo aferição da pressão (MALTA et al, 2018).

Diversos estudos têm demonstrado que as populações afrodescendentes apresentam maior prevalência de hipertensão do que outros grupos populacionais (CAULFIELD et al, 1995; COOPER & ROTIMI, 1997; CHOBANIAN et al, 2003; revisão em AGYEMANG & BHOPAL, 2003; SWIFT & MACGREGOR, 2004; YOUNG et al, 2005; CAMPBELL & TISHKOFF, 2008; FRANCESCHINI et al, 2014). Apesar de não haver uma estatística robusta especificamente em relação às comunidades quilombolas, o cenário que observamos não é muito diferente nas nossas pesquisas. A prevalência de hipertensão é via de regra elevada, o que se torna mais evidente quando comparamos esses dados com as prevalências nos estados onde as comunidades estão inseridas. Para efeito de comparação, utilizamos dados do estudo transversal de Malta e col. (2018) que avaliou as informações da Pesquisa Nacional de Saúde de 2013, com uma amostragem de 60.202 pessoas. As prevalências de hipertensão foram estimadas de acordo com três critérios diagnósticos: (i) pressão alta autorreferida, (ii) aferida por instrumento e (iii) aferida por instrumento e/ou quando se fazia uso de medicamento anti-hipertensivo.

Nas comunidades quilombolas do Vale do Ribeira foram classificados como hipertensos os participantes que apresentaram a média aritmética de duas medidas de pressão igual ou superior a 140/90mmHg e/ou que faziam uso de medicamento anti-hipertensivo regularmente (KIMURA, 2010). Foi encontrada

uma elevada prevalência de hipertensos de 41,0% (KIMURA et al, 2012), enquanto o estado de São Paulo, pelo mesmo critério diagnóstico (aferição da pressão por instrumento e/ou uso de medicamento anti-hipertensivo), apresentou prevalência de 34,8%. No entanto, deve ser comentado que o levantamento não foi realizado por amostragem epidemiológica e sim por adesão, o que pode acarretar imprecisão nas estimativas.

Para as comunidades de Cocalinho, Pé do Morro e Kalunga, a classificação dos hipertensos seguiu praticamente os mesmos critérios utilizados para as populações de São Paulo, exceto que a média foi calculada a partir de três aferições. Foram observadas prevalências de 37,7% e 50,1% para as comunidades de Cocalinho e Pé do Morro, respectivamente (PAIVA, 2017), estimativas muito elevadas quando comparadas às do estado de Tocantins (25,7%). Em Kalunga foi observada uma prevalência de 30,2% para hipertensão arterial (PAIVA, 2017), valor muito semelhante à estimativa obtida para o estado de Goiás (30,9%).

Embora não disponhamos de dados individualizados a respeito da pressão arterial na população de Mocambo, um estudo realizado com comunidades quilombolas de Sergipe, incluindo Mocambo (SANTOS et al., 2019), encontrou uma prevalência de hipertensão (26,0%) maior do que a estimativa do estado (22,7%), comparando-as pelo mesmo critério diagnóstico (aferição das medidas de pressão por instrumento). Também não dispomos de dados epidemiológicos das comunidades de Rio das Rãs e Sacutiaba, mas um estudo realizado em outros quilombos da Bahia revelou que 52% dos participantes da pesquisa apresentavam a condição (BEZERRA et al, 2013), enquanto o estado apresentou uma prevalência de 30,3%, considerando aferição da pressão por instrumento e/ou uso de medicamento anti-hipertensivo como critério diagnóstico.

A partir da análise de parâmetros socioeconômicos, antropométricos e bioquímicos, o grupo de pesquisadores da UnB encontrou alterações significativas no perfil epidemiológico nas comunidades estudadas (Pé do Morro, Cocalinho e Kalunga), com elevadas prevalências de fatores de risco cardiometabólicos (por exemplo, alterações no perfil lipídico e a obesidade), especialmente nas comunidades urbana e rural não-isolada - Pé do Morro e Cocalinho, respectivamente (PAIVA, 2017). Esse quadro é muito similar ao encontrado em estudos realizados com outras comunidades quilombolas e populações ribeirinhas, indígenas brasileiras, rurais não tradicionais e também populações africanas vivendo na própria África (PIPERATA et al, 2011; SILVA et al, 2016; SOARES et al, 2015; ALMEIDA et al, 2016, FELISBINO-MENDES et al, 2014; PENA et al, 2016, OKOP et al, 2014; CHOUKEM et al, 2017). Tal cenário indica um processo de transição nutricional e epidemiológica, caracterizado por mudanças socioeconômicas e demográficas, rápida alteração nos padrões dietéticos e de atividade física, bem como o aumento da prevalência de doenças crônicas não transmissíveis. Porém, os ambientes nos quais estão inseridas essas comunidades são diferentes e possivelmente condicionam pressões de caráter médico-epidemiológico também diferenciados.

A pressão arterial é uma característica classificada pelos geneticistas como um distúrbio de herança complexa, pois é definida a partir da atividade ou inatividade de múltiplos alelos de inúmeros diretamente relacionada com o meio ambiente. A hipertensão é uma condição que tem como causa uma série de fatores, tais como idade, sexo, ingestão crônica de bebidas alcoólicas, o excesso de peso, o sedentarismo, a ingestão excessiva de sal, e até influência de fatores socioeconômicos, como a escolaridade (MALACHIAS et al, 2016).

A herdabilidade é um índice que expressa o quanto a variação de uma determinada característica pode ser atribuída aos efeitos das variantes genéticas. Estudos que estimaram a herdabilidade da pressão arterial sistólica e diastólica sugerem que 34-67% da variação dessas características podem ser atribuídas a fatores genéticos (KOKUBO et al, 2019); assim, podemos dizer que a pressão arterial é uma característica hereditária. Nas comunidades remanescentes de quilombos do Vale do Ribeira obtivemos estimativas de herdabilidade consistentes com esse cenário - 36,1% para a pressão arterial sistólica e 42,9% para a pressão arterial diastólica (KIMURA, 2010), o que nos motivou a investigar as bases genéticas da hipertensão nessas populações.

No entanto, mesmo observando que a variação da pressão arterial e o risco de desenvolver hipertensão são modulados por fatores genéticos, investigá-los não é tão trivial. O imenso número de trabalhos publicados com diferentes estratégias de estudo tem mostrado associações de centenas de variantes genéticas com a hipertensão, mas com resultados controversos entre as diferentes populações, revelando a complexidade da arquitetura genética por trás da variação da pressão arterial. Os estudos com as populações do Vale do Ribeira, até o momento, mostraram resultados modestos de associação entre determinadas variantes genéticas com a hipertensão (KIMURA et al, 2012), impulsionando o grupo a continuar a busca pela "herdabilidade perdida" do fenótipo, agora com novas estratégias de investigação.

Seria essa exaustiva busca justificada? Pensando que temos tomado um rumo praticamente irreversível no que diz respeito à busca da medicina de precisão, torna-se cada vez mais compreensível a necessidade de conhecer mais a respeito dos nossos genes e como estes atuam no delicado equilíbrio da nossa fisiologia. Ainda, se considerarmos que a hipertensão representa um dos mais importantes problemas de saúde pública no mundo e que apresenta discrepâncias relevantes em relação às suas prevalências e as possíveis causas entre os diferentes grupos populacionais, acometendo especialmente populações vulneráveis e muitas vezes sem acesso a tratamento adequado, essa busca se torna mais do que justificada. A compreensão dos fatores genéticos por trás do desenvolvimento dessa patologia pode vir ajudar, em futuro próximo, os clínicos a efetuarem a escolha dos medicamentos mais adequados para cada tipo de população ou mesmo de indivíduo. A médio prazo, esse conhecimento, com certeza, também vai contribuir para o desenvolvimento de novos tipos de tratamentos ou fármacos, mais adequados às populações afrodescendentes.

## CONSIDERAÇÕES FINAIS

Ao longo dos últimos 20 anos, os grupos de pesquisa dos laboratórios de Genética Humana da UnB e USP realizaram diversos estudos com comunidades quilombolas das regiões Centro-Oeste, Nordeste e Sudeste do Brasil. Apesar de os dois grupos de pesquisa trabalharem de modo independente, tem sido buscada uma maior integração entre os resultados das pesquisas, para assim se obter uma visão mais ampla e menos regional sobre as comunidades quilombolas do país.

Nossos estudos revelam a heterogeneidade entre as comunidades quilombolas quanto a grau de isolamento/integração, padrões de miscigenação e proporção dos componentes de ancestralidade genética. Contudo, também mostram um padrão de formação comum às comunidades com contribuição maior de homens de origem europeia e de mulheres de origem africana e indígenas americanas.

As características específicas das populações quilombolas (pequenos tamanhos populacionais, padrões de migração e endogamia, alta contribuição do componente ancestral africano) atrelados à maior vulnerabilidade social a que estão sujeitas (falta de saneamento básico, acesso a saúde e educação), requerem atenção especial para questões de saúde pública inerentes a esses grupos. Nossos estudos mostram a ocorrência de anemia falciforme e anemia hemolítica (e dos traços) em todas as comunidades avaliadas em frequência mais elevada que a média da população brasileira. O único tratamento com resultados a longo prazo disponível neste momento consiste no transplante de medula óssea. Desde 2015 o Sistema Único de Saúde (SUS) oferece esse procedimento. Contudo, vários fatores clínicos, em conjunto com a chance de encontrar um doador compatível, fazem com que apenas uma pequena parcela dos indivíduos afetados tenha acesso a esse procedimento. Por isso, a identificação de indivíduos com anemia falciforme e com o traço falcêmico, assim como a conscientização das comunidades por meio de palestras sobre o quadro clínico da doença, a necessidade da busca por auxílio médico durante as crises e as chances de nascerem crianças com a doença são de extrema relevância. Em 2001 a triagem para anemia falciforme em crianças recém-nascidas (teste do pezinho) tornou-se obrigatório a partir de uma portaria do Ministério da Saúde (Portaria n. 882; 6 de junho de 2001), porém essa ainda não é uma realidade nos remanescentes de quilombo.

No que diz respeito à hipertensão, a ancestralidade africana tem sido apontada como um fator que influencia a sua ocorrência, a probabilidade de diagnóstico, o prognóstico e o tratamento. No entanto, grande parte desse conhecimento é resultado de estudos realizados em populações não-miscigenadas. Nossos estudos com populações quilombolas, que têm ancestralidade complexa, mostraram heterogeneidade na prevalência de hipertensão, ainda que sempre em média mais elevada que as observadas em outras populações brasileiras. Seria esperado que um estilo de vida rural tradicional contribuísse para uma menor prevalência

de doenças cardiovasculares quando comparado ao estilo de vida mais urbanizado. Porém, nos quilombos a transição demográfica entre esses dois estilos de vida e a consequente transição epidemiológica deve estar modificando a incidência dessas condições. Por este motivo, estudos sobre populações tradicionais, como as comunidades quilombolas, que se encontram em diferentes estágios dessa transição, geram informação particularmente relevante para cada população em estudo, mas também conhecimento geral sobre a etiologia de condições que acometem diferentes grupos populacionais.

Os resultados das pesquisas desenvolvidas pelos dois grupos convergem em demonstrar a heterogeneidade genética e epidemiológica, tanto em relação a doenças genéticas monogênicas (anemia falciforme), como às complexas (como a hipertensão) em diferentes comunidades quilombolas brasileiras. A comparação dos resultados obtidos pelos nossos grupos de pesquisa atrelados à descrição do cenário antropológico, socioeconômico e cultural, está também permitindo identificar a contribuição de fatores não-genéticos no desenvolvimento da hipertensão. Por último, a carência de acesso dessas comunidades a serviços de saúde, incluindo os de saúde básico e mesmo ao teste do pezinho, torna os estudos ainda mais necessários considerando que podemos chamar a atenção para a situação das comunidades tradicionais.

Esperamos que este estudo possa chamar a atenção para a necessidade de diferentes grupos de pesquisa realizarem pesquisas multi e transdisciplinares com comunidades tradicionais, como os quilombos. Pesquisas integradas são fundamentais para melhorar a comunicação entre cientistas das áreas biológicas e antropológicas, além de auxiliar na construção de panoramas que permitem formular políticas públicas e de saúde direcionadas às comunidades quilombolas.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABE-SANDES, Kyoko.; SILVA, Wilson A., and ZAGO, Marco. A. Heterogeneity of the Y chromosome in Afro-Brazilian populations. **Human Biology**, n.76, p.77–86, 2004.

Agenda socioambiental de comunidades quilombolas do Vale do Ribeira. Kátia M. Pacheco dos Santos, Nilto Tatto (Editores). Instituto Socioambiental, 2008.

AGYEMANG, Charles; BHOPAL Raj. Is the blood pressure of people from African origin adults in the UK higher or lower than that in European origin white people? A review of cross-sectional data. **Journal of Human Hypertension**. V.17, n.8, p.523-534, 2003.

ALBUQUERQUE, David; STICE, Eric; RODRIGUEZ-LOPEZ, Raquel; MANCO, Licínio; NOBREGA, Clévio. Current review of genetics of human obesity: from molecular mechanisms to an evolutionary perspective. **Molecular Genetics Genomics**, v.290, n.4, p.1191-1221, 2015.

ALMEIDA, Juliana B.; KIAN, Kauhana O.; LIMA, Rosangela C.; SOUZA, Maria Cristina C. Total and Abdominal Adiposity and Hypertension in Indigenous Women in Midwest Brazil. **PLoS One**, v. 11, n.6, e0155528, 2016.

AMORIM, Carlos Eduardo; GONTIJO, Carolina C.; FALCÃO-ALENCAR, Gabriel; GODINHO, Neide M. O.; TOLEDO, Rafaela C.P., PEDROSA, Maria Angélica, F.; LUIZON, Marcelo R.; SIMÕES, Aguinaldo L.; KLAUTAU-GUIMÃRES, Maria N.; OLIVEIRA, Silviene F. Migration in Afro-Brazilian rural communities: crossing demographic and genetic data. **Human Biology**, v.83, n.4, p.509-521, 2009.

ARCHER, Natasha M.; PETERSEN, Nicole; CLARK, Martha A.; BUCKEE, Caroline O.; CHILDS, Laure M.; DURAISINGH, Manoj T. Resistance to Plasmodium falciparum in sickle cell trait erythrocytes is driven by oxygen-dependent growth inhibition. **Proc Natl Acad Sci U S A**, v.10, n.115(28), p.7350-7355, 2018.

BALARESQUE, Patricia L.; BALLEREAU, Stéphane J.; JOBLING, Mark A. Challenges in human genetic diversity: demographic history and adaptation. **Human Molecular Genetics**, v.15, n.16, 2007.

BAIN, Barbara. J. Haemoglobin and the Genetics of Haemoglobin Synthesis. In: BAIN, Barbara J. (Editor). **Haemoglobinopathy Diagnosis**. 3ed., Blackwell Publishing Ltd, 2020. p.1-25.

BARATA, Rita B.; ALMEIDA, Márcia F.; MONTERO, Cláudia V.; SILVA, Zilda P. Health inequalities based on ethnicity in individuals aged 15 to 64, Brazil, 1998. **Cadernos de Saúde Pública**, v. 23, n. 2, p. 305-313, 2007.

BEZERRA, Vanessa M.; ANDRADE, Amanda C.S.; CÉSAR, Cibele C.; CAIAFFA, Waleska T. Comunidades quilombolas de Vitória da Conquista, Bahia, Brasil: hipertensão arterial e fatores associados. **Cadernos de Saúde Pública**, v. 29, n. 9, p. 1889-1902, 2013.

BORTOLINI, Maria C.; DA SILVA, Wilson A.; Jr., DE GUERRA, Dinorah C.; REMONATTO, G.; MIRANDOLA, Rosana; HUTZ, Mara H.; WEIMER, Tania A.; SILVA, Maria C.B.O.S.; ZAGO, Marco A.; SALZANO, Francisco M. African-derived South American populations: a history of symmetrical and asymmetrical matings according to sex revealed by bi- and uni-parental genetic markers. **American Journal of Human Biology**, n. 11, p. 551–63, 1999.

CAMPBELL, Michael C.; TISHKOFF, Sarah A. African genetic diversity: implications for human demographic history, modern human origins, and complex disease

mapping. **Annual Review of Genomics and Human Genetics**, v.9, p.403-433, 2008.

CANÇADO, Rodolfo D & JESUS, Joice A. Sickle cell in Brazil. **Brazilian Journal of Hematology and Hemotherapy**, v. 29, p. 204–206, 2007.

CARDOSO, Clarissiane S.; MELO, Leticia O.; FREITAS, Daniel A. Condições de saúde nas comunidades quilombolas. **Revista de Enfermagem UFPE on line**, Recife, v. 12, n. 4, p.1037-45, 2018.

CARVALHO, Bruno M.; BORTOLINI, Maria C.; SANTOS, Sidney E.B.; RIBEIRO-DOS-SANTOS, Andrea K.C. Mitochondrial DNA mapping of social-biological interactions in Brazilian Amazonian African-descendant populations. **Genetics and Molecular Biology**, v. 31, n.1, p.12–22, 2008.

CAULFIELD, Mark; LAVENDER, Paul; NEWELL-PRICE, John; FARRALL, Martin; KAMDAR, Sejal; DANIEL, Harold; LAWSON, Mary; DE FREITAS, Perry; FOGARTY, Paul; CLARK, Adrian J. Linkage of the angiotensinogen gene locus to human essential hypertension in African Caribbeans. **Journal of Clinical Investigation**, v. 96, n.2, p.687-692, 1995.

CHOBANIAN, Aram V.; BAKRIS, George L.; BLACK, Henry R.; CUSHMAN, Willian C.; GREEN, Lee A.; IZZO, Joseph L. Jr; JONES, Daniel W.; MATERSON, Barry J.; OPARIL, Suzanne; WRIGHT, Jackson T. Jr; ROCCELLA, Edward J.; JOINT NATIONAL COMMITTEE ON PREVENTION, DETECTION, EVALUATION, AND TREATMENT OF HIGH BLOOD PRESSURE. NATIONAL HEART, LUNG, AND BLOOD INSTITUTE; NATIONAL HIGH BLOOD PRESSURE EDUCATION PROGRAM COORDINATING COMMITTEE. Seventh report of the Joint National Committee on Prevention, Detection, Evaluation, and Treatment of High Blood Pressure. **Hypertension**, v. 42, n. 6, p.1206-52, 2003.

CHOUKEM, Simeon-Pierre; KAMDEU-CHEDEU, Josiane; LEARY, Sam D.; MBOUE-DJIEKA, Yannick; NEBONGO, Daniel N.; AKAZONG, Christoph; MAPOURE, Yacouba N.; HAMILTON-SHIELD, Julian P.; GAUTIER, Jean-François; MBANYA, Jean C. Overweight and obesity in children aged 3–13 years in urban Cameroon: a cross-sectional study of prevalence and association with socioeconomic status. **BMC obesity**, v. 4, n. 7, p. 1-8, 2017.

CHARACHE, Samuel; CONLEY, L.; WAUGH, David, F.; UGORETZ, Richard J.; SPURRELL J.Richard. Pathogenesis of hemolytic anemia in homozygous hemoglobin C disease. **Journal of Clinical Investigation**, v. 46, n. 11, p. 1795-811, 1967.

COOPER, Richard; ROTIMI, Charles. Hypertension in blacks. **American Journal of Hypertension**, v.10, n. 7, p.804-12, 1997.

DE MELLO AURICCHIO, Maria T.; VICENTE, João P.; MEYER Diogo; MINGRONI-NETTO, Regina C. Frequency and origins of hemoglobin S mutation in African-derived Brazilian populations. **Human Biology**, v.79, n.6, p.667-77, 2007.

DRESSLER, Willian W.; OTHS, Kathryn S.; RIBEIRO, Rosane P.; BALIEIRO, Mauro C; DOS SANTOS, José E. Cultural consonance and adult body composition in urban Brazil. **American Journal of Human Biology**, v. 20, n. 1, p. 15-22, 2008.

FERNANDES, Cecilia R. O que queriam os Kalungas? A transformação do olhar acadêmico sobre as demandas quilombolas do nordeste de Goiás. **Interações - Campo Grande**, v. 16, n. 2, p. 421-431, 2015.

FERREIRA, Lusitano B. **Diversidade do DNA Mitocondrial de Populações Brasileiras Ameríndias e Afrodescendentes**. 2006. 200f. Tese (Doutorado em Genética) - Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, SP, 2006.

FELISBINO-MENDES, Mariana S.; JANSEN, Ann K.; GOMES, Crizian S.; VELÁSQUEZ-MELÉNDEZ, Gustavo. Avaliação dos fatores de risco cardiovasculares em uma população rural brasileira. **Cadernos de Saúde Pública**, v.30, n.6, p.1183- 1194, 2014.

FRANCESCHINI, Nora; CHASMAN, Daniel I.; COOPER-DEHOFF, Rhonda M.; ARNETT Donna K. Genetics, ancestry, and hypertension: implications for targeted antihypertensive therapies. **Current Hypertension Reports**, v.16, n.8, p.1-14, 2014.

FRANCHI, Eliane P.L.P.; TERRAB, Maria F.; NASCIMENTO-ROCHA, Josefa M.; MARQUEZAN, Rogério F.; ODORIZZI, Valdir F. A formação de profissionais de saúde no cuidado às comunidades quilombolas: Um relato de experiência. **Revista Brasileira de Medicina de Família e Comunidade**, v. 13, n.40, p.1-11, 2018.

FREITAS, Daniel A.; CABALLERO, Antonio D.; MARQUES, Amaro S., HERNÁNDEZ, Clara I.V.; ANTUNES, Stéffany L.N.O. Saúde e Comunidades quilombolas: uma revisão da literatura. **Revista CEFAC**, v.13, n.5, p.937-943, 2011.

Fundação Cultural Palmares – FCP: <http://www.palmares.gov.br>, 2020 (accessed 10 March 2020).

GOMES Laurentino. **Escravidão**: do primeiro leilão de cativos em Portugal até a morte de Zumbi dos Palmares. 1 ed. Rio de Janeiro; Globo Livros, 2019.

GONTIJO, Carolina C.; MENDES, Fabio M.; SANTOS, Carla A.; KLAUTAU-GUIMARÃES Maria N.; LAREU, Maria V.; CARRACEDO, Ángel; PHILLIPS, Christopher; OLIVEIRA Silviene F. Ancestry analysis in rural Brazilian populations of African descent. **Forensic Science International: Genetics**, v.36, p.160-166, 2018.

HALDANE, J. B. S. The rate of mutation of human genes. In: Proceedings of the Eighth International Congress of Genetics. **Hereditas**, v.35, p.267–273, 1949.

IBGE - Brasil: 500 anos de povoamento, Centro de Documentação e Disseminação de Informações. - Rio de Janeiro: IBGE, 2007. 232 p.

IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística, 2012. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br> (acessado em 10 de Março de 2020)

Itesp - Fundação Instituto de Terras de São Paulo. [www.itesp.sp.gov.br](http://www.itesp.sp.gov.br)

KAN Yuet W.; DOZY André M. Evolution of the hemoglobin S and C genes in world populations. **Science**, v. 209, n. 4454, p.388-91, 1980.

KIMURA, Lilian. **Fatores genéticos associados à hipertensão essencial em populações remanescentes de quilombos do Vale do Ribeira - São Paulo**. 2010. 166 f. Tese (Doutorado em Ciências área Genética). Departamento de Genética e Biologia Evolutiva, Universidade de São Paulo. São Paulo, SP, 2010.

KIMURA, Lilian; ANGELI, Claudia B.; AURICCHIO, Maria T.; FERNANDES Gustavo R.; PEREIRA, Alexandre C.; VICENTE, João P.; PEREIRA, Tiago V.; MINGRONI-NETTO Regina C. Multilocus family-based association analysis of seven candidate polymorphisms with essential hypertension in an african-derived semi-isolated brazilian population. **International Journal of Hypertension**, v. 2012, n.859219, p.1-8, 2012.

KIMURA, Lilian; RIBEIRO-RODRIGUES, Euzemar M.; DE MELLO AURICCHIO, Maria T.; VICENTE, João P.; BATISTA SANTOS, Sidney E.; MINGRONI-NETTO, Regina C. Genomic ancestry of rural African-derived populations from Southeastern Brazil. **American Journal of Human Biology** v. 25, n.1, p.35-41, 2013.

KIMURA, Lilian; NUNES, Kelly; MACEDO-SOUZA, Lucia, I.; ROCHA, Jorge; MEYER, Diogo; MINGRONI-NETTO, Regina C. Inferring paternal history of rural African-derived Brazilian populations from Y chromosomes. **American Journal of Human Biology** v.29, n.2, p. 1-11, 2017.

KLIMENTIDIS, Yann C.; ARORA, Amit; ZHOU, Jin; KITTLES, Rick; ALLISON, David. B. The Genetic Contribution of West-African Ancestry to Protection against Central Obesity in African-American Men but Not Women: Results from the ARIC and MESA Studies. **Frontiers in Genetics**, v.7, n.89, p.1-6, 2016.

KOKUBO, Yoshihiro; PADMANABHAN, Sandosh; IWASHIMA, Yoshio; YAMAGISHI, Kazumasa; GOTO, Atsushi. Gene and environmental interactions according to the components of lifestyle modifications in hypertension guidelines. **Environmental Health and Preventive Medicine**, v. 11, n.24(1), p. 1-11, 2019.

KUZAWA, Christopher W.; SWEET, Elizabeth. Epigenetics and the embodiment of race: developmental origins of US racial disparities in cardiovascular health. **American Journal of Human Biology**, v. 21, n.1, p. 2-15, 2009.

LEMES, Renan B.; NUNES, Kelly; MEYER, Diogo; MINGRONI-NETTO, Regina C.; OTTO, Paulo A. Estimation of inbreeding and substructure levels in African-derived Brazilian quilombo populations. **Human Biology**, v.86, n.4, p.276-88, 2014.

MANTA, Fernanda S.N.; PEREIRA, Rui; VIANNA, Romulo; DE ARAÚJO Alfredo R.B.; GITAI, Daniel L.G.; DA SILVA Dayse A.; WOLFGRAMM Eldamária V.; PONTES, Isabel M.; AGUIAR, José I.; MORAES, Milton O.; CARVALHO Elizeu F.; GUSMÃO, Leonor. Revisiting the genetic ancestry of Brazilians using autosomal AIM-Indels. **PLoS One**, v. 20, n.8(9), 2013.

MALACHIAS, Marcus V.B.; SOUZA, Weimar K.S.B.; PLAVNIK, Frida L.; RODRIGUES, Cibele I.S.; BRANDÃO, Andrea A.; NEVES, Mário F.T., et al. 7a Diretriz Brasileira de Hipertensão Arterial. **Arquivos Brasileiros de Cardiologia**, v.107(3Supl.3), p.1-83, 2016.

MALTA, Deborah C.; GONÇALVES, Renata P.F.; MACHADO, Ísis E.; FREITAS, Maria I.F.; AZEREDO, Cimar; SZWARCOWALD, Celia L. Prevalence of arterial hypertension according to different diagnostic criteria, National Health Survey. **Revista Brasileira de Epidemiologia**, v. 29, n.21(suppl 1), p.e180021, 2018.

MATHIESON, Iain; SCALLY, Aylwyn. What is ancestry? **PLOS Genetics**, v.9, n.16(3), p.e1008624, 2020.

MINGRONI-NETTO, Regina C.; AURICCHIO, Maria T.B.M.; VICENTE, João P. Importância da pesquisa do traço falciforme e da anemia falciforme nos remanescentes de quilombos do Vale do Ribeira-SP. In: VOLOCHKO, Anna; BATISTA, Luís E. (Org.). **Saúde nos Quilombos**. São Paulo: Instituto de Saúde – SESSP, São Paulo: GTAE – SESSP, 2009. p-169-178.

O'DWYER, Eliane C. (Org.). **Quilombos: identidade étnica e territorialidade**. Rio de Janeiro: Editora FGV, 2002.

OLIVEIRA, Silviene F.; PEDROSA, Maria A.F.; SOUSA, Sandra M.B.; MINGRONI-NETTO Regina C.; ABE-SANDES, Kiyoko; FERRARI, Íris; BARBOSA, Ana A.L.; AURICCHIO, Maria T.B.M.; KLAUTAU-GUIMARÃES, Maria N. Heterogeneous Distribution of HbS and HbC Alleles in Afro-derived Brazilian Populations. **International Journal of Human Genetics**, v. 2, n.3, p. 153-159, 2002.

OKOP, Kufre J.; LEVITT, Naomi; PUOANE, Thandi. Factors associated with excessive body fat in men and women: cross-sectional data from black South Africans living in a rural community and an urban township. **PLoS One**, v.10, n.10, p e0140153, 2015.

ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DA SAÚDE. Relatório Mundial da Saúde: Cuidados de Saúde Primários -Agora mais nunca. Genebra: OMS, 2008.

PAIVA, Sabrina G. **Fatores de risco para doenças cardiovasculares em quilombos contemporâneos do Brasil Central: parâmetros demográficos, socioeconômicos, ancestralidade genética e saúde.** 269 f. Tese (Doutorado em Biologia Animal) -Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Brasília (UnB), Brasília, DF, 2017.

PAIVA, Sabrina G., GONTIJO, Carolina C., GONTIJO, Raquel C., MADRIGAL, Lorena; KLAUTAU-GUIMARÃES, Maria de Nazare, OLIVEIRA, Silviene F. Migration in Brazilian Afro-descendants communities: a new approach to illustrate the meaning of contemporary quilombo. **Black Brazilian Researchers Association (ABPN) Journal.** No prelo. 2020.

PEDROSA, Maria AF. **Composição genética de quatro populações remanescentes de quilombo do Brasil com base em microssatélite e marcadores de ancestralidade.** 2 129 f. Dissertação (Mestrado em Biologia Molecular). Universidade de Brasília, Brasília, DF, 2006.

PEDROSO-JUNIOR, Nelson N. **No caminho dos antigos: agricultura de corte-e-queima e intensificação agrícola em populações quilombolas do Vale do Ribeira, SP.** 201 f. Tese (Doutorado em Ciências área Genética). Departamento de Genética e Biologia Evolutiva, Universidade de São Paulo. São Paulo, SP, 2008.

PENA, Geórgia G.; MARTINEZ-PEREZ, Angel; DUTRA, Miriam S.; GAZZINELLI, Andrea.; CORREA-OLIVEIRA, Rodrigo; SORIA, José M.; VELASQUEZ-MELENDEZ, Gustavo. Genetic determinants of cardiometabolic risk factors in rural families in Brazil. **American Journal of Human Biology**, v.28, n.5, p. 619-626, 2016.

PIEL, Frederic B.; PATIL, Anand P.; HOWES, Rosalind, E.; NYANGIRI, Oscar A.; GETTING Peter W.; WILLIAMS, Thomas N.; WEATHERALL David J.; HAY, Simon I. Global distribution of the sickle cell gene and geographical confirmation of the malaria hypothesis. **Nature Communications**, v. 2, p.1:104, 2010.

PIEL, Frederic B.; TEWARI, Sanjay; BROUSSE, Valentine; ANALITIS, Antonis; FONT, Anna; MENZEL, Stephan; CHAKRAVORTY, Subama; THEIN, Swee L.; INUSA Baba; TELFER, Paul; DE MONTALEMBERT Mariana; FULLER, Gary W.; KATSOUYANNI Klea; REES, David C. Associations between environmental factors and hospital admissions for sickle cell disease. **Haematologica**, v.102, n.4, p.666-675, 2017.

PIPERATA, Barbara A.; SPENCE, Jennifer E.; DA-GLORIA, Pedro; HUBBE, Mark. The nutrition transition in amazonia: rapid economic change and its impact on growth and development in Ribeirinhos. **American Journal of Physical Anthropology**, v. 146, n.1, p.1-13, 2011.

QI, Lihong; NASSIR, Rami; KOSOY, Roman; GARCIA, Lorena; WAETJEN, L. Elaine; OCHS-BALCOM, Heather M.; GASS, Margery; ROBBINS, John, & SELDIN, Michael F. Relationship between hysterectomy and admixture in African American women. **American Journal of Obstetrics and Gynecology**, v.208, n.4, p. E271-279, 2013.

RIBEIRO, Guilherme G.; ABE-SANDES, Kiyoko; BARCELOS, Rejane D.A.S.; KLAUTAU-GUIMARÃES, Maria N.; JR ARAÚJO, Wilson; OLIVEIRA, Silviene F. Who were the male founders of rural Brazilian Afro-derived communities? A proposal based on three populations. **Annals of Human Biology**, v.38, n.2, p.237-240, 2010.

RIBEIRO-DOS-SANTOS, Ândrea K.; PEREIRA, Jaciléa M.; LOBATO, Mario R.L.; CARVALHO, Bruno M.; GUERREIRO, João F.; SANTOS, S.E.B. Dissimilarities in the process of formation of Curiaú, a semi-isolated Afro-Brazilian population of the Amazon region. **American Journal of Human Biology**, v.14, p.440-7, 2002.

RINCON, Daniel. **Estudos de DNA Mitocondrial em Populações Remanescentes de Quilombos do Vale do Ribeira – São Paulo**. 136 f. Dissertação (Mestrado em Ciências área Genética). Departamento de Genética e Biologia Evolutiva, Instituto de Biociências, USP, São Paulo, SP, 2009.

ROSENBERG, Noah A., KANG Jonhathan T. Genetic Diversity and Societally Important Disparities. **Genetics**, v. 201, n.1, p.1-12, 2015.

ROYAL, Charmaine D.; NOVEMBRE, John; FULLERTON, Stephanie M.; GOLDSTEIN, David B.; LONG, Jeffrey C.; BAMSHAD, Michael J.; CLARK, Andrew G. Inferring genetic ancestry: opportunities, challenges, and implications. **American Journal of Human Genetics**, v.14, n.86(5), p. 661-673, 2010.

SALFATI, Elias; MORRISON, Alanna C.; BOERWINKLE, Eric; CHAKRAVARTI, Aravinda. Direct estimates of the genomic contributions to blood pressure heritability within a population-based cohort (ARIC). **PLoS One**, v.10, n.7, p.e0133031, 2015.

SANTOS, Deyse M.S.; PRADO, Beatriz S.; OLIVEIRA, Cristine C.C.; ALMEIDA-SANTOS, Marcos A. Prevalência da Hipertensão Arterial Sistêmica em Comunidades Quilombolas do Estado de Sergipe, Brasil. **Arquivos Brasileiros de Cardiologia**, v.113, n.3, p.383-390, 2019.

SARAF, Santosh L.; MOLOKIE, Robert E.; NOURAI, Mehdi; SABLE, Craig A.; LUCHTMAN-JONES, Lori; ENSING, Gregory J.; CAMPBELL, Andrew D.; RANA, Sohail R.; NIU, Xiao M.; MACHADO, Roberto F.; GLADWIN, Mark T.; GORDEUK, Victor R. Differences in the clinical and genotypic presentation of sickle cell disease around the world. **Paediatric Respiratory Reviews**, v. 15, n. 1, p.4-12, 2014.

SCHUSTER, Mark A.; ELLIOTT, Marc N.; KANOUSE, David E.; WALLANDER, Jan L.; TORTOLERO, Susan R.; RATNER, Jessica. A.; KLEIN, David J.; CUCCARO, Paula M.; DAVIES, Susan L.; BANSPACH, Stephen. W. Racial and ethnic health disparities among fifth-graders in three cities. **New England Journal of Medicine**, v. 367, n.8, p. 735-745, 2012.

SHETTY, Priya B.; HUA, Tang; BAMIDELE, Tayo; MORRISON, Alanna C.; HANIS, Craig L.; RAO, Dabeery C.; YOUNG, Jeffery H.; FOX, Ervin; BOERWINKLE, Eric; COOPER, Richard; RISCH, Neil; ZHU Xiaofeng. Variants in CXADR and F2RL1 are associated with blood pressure and obesity in African-Americans in regions identified through admixture mapping. **Journal of hypertension**, v.30, n.10, p. 1970-1976, 2012.

SHRINER, Daniel; ROTIMI, Charles N. Whole-Genome-Sequence-Based Haplotypes Reveal Single Origin of the Sickle Allele during the Holocene Wet Phase. **American Journal of Human Genetics**, v.5, n. 102(4), p.547-556, 2018.

SILVA JR, Wilson A.; BORTOLINI, Maria C.; SCHNEIDER, Maria P.C.; MARRERO A.; ELION, Jacques; KRISHNAMOORTHY, Rajagopal; ZAGO, Marco A. MtDNA haplogroup analysis of black Brazilian and Sub-Saharan populations: implications for the Atlantic slave trade. **Human Biology**, v. 78, p. 29-41, 2006.

SILVA Ana C.A. **Na saúde e na doença: variabilidade genética humana estimada por marcadores genéticos neutros e em genes**. 154 f. Tese (Doutorado em Biologia Animal), Universidade de Brasília (UnB), Brasília, DF, 2016.

SOARES, Luana P.; DAL FABBRO, Amaury L.; SILVA, Anderson S.; SARTORELLI, Daniela S.; FRANCO, Lucina F.; KUHN, Patricia C.; MOISES, Regina S.; VIEIRA-FILHO, João P.B.; FRANCO, Laércio J. Prevalence of metabolic syndrome in the Brazilian Xavante indigenous population. **Diabetology & Metabolic Syndrome**, v.7, n.1, p. 105, 2015.

SOUZA, Ilíada R.; CULPI, Lodércio. Valongo, genetic studies on an isolated Afro-

- Brazilian community. **Genetics and Molecular Biology**, v.28, p.402–406, 2005.
- SOUZA-JÚNIOR, Paulo R.B.D.; FREITAS, Marcos P.S.D.; ANTONACI, Giuseppe D.A.; SZWARCOWALD, Célia L. Desenho da amostra da Pesquisa Nacional de Saúde 2013. **Epidemiologia e Serviços de Saúde**, v.24, n.2, p. 207-216, 2015.
- SZWARCOWALD, Célia L.; SOUZA-JÚNIOR, Paula R.; DAMACENA, Giseli. N. Socioeconomic inequalities in the use of outpatient services in Brazil according to health care need: evidence from the World Health Survey. **BMC Health Services Research**, v.10, n.1, p.217, 2010.
- SWIFT, Pauline A.; MACGREGOR, Graham A. Genetic variation in the epithelial sodium channel: a risk factor for hypertension in people of African origin. **Advances in Renal Replacement Therapy**, v.11, n.1, p.76-86, 2004.
- TISHKOFF, Sarah. Strength in small numbers. **Science**. V.18, n.349, p.1282-1283, 2015.
- WOORTMANN, Ellen F. **Herdeiros, parentes e compadres**. Colonos do Sul e Sertões do Nordeste. Teorias do parentesco e Teorias do Campesinato. Ed. UnB, 1995.
- WOORTMANN, Klaas. Migração, Família e Campesinato. **Revista Brasileira de Estudos de População**. 7:35–53, 1990.
- YOUNG, J. Hunter; CHANG, Yen-Pei; KIM, James D.O.; CHRETIEN, Jean-Paul; KLAG Michael J.; LEVINE, Michael A.; RUFF, Christopher B.; WANG, Nae-Yuh; CHAKRAVARTI Aravinda. Differential susceptibility to hypertension is due to selection during the out-of-Africa expansion. **PLoS Genetics**, v.1, n.6, p.e82, 2005.
- ZHU, Xiaofeng; YOUNG, J. H.; FOX, Ervin; KEATING, Brendan J.; FRANCESCHINI, Nora; KANG, Sunjung; TAYO, Bamidele; ADEYEMO, Adebawale; SUN, Yun V.; LI, Yali, et. al. Combined admixture mapping and association analysis identifies a novel blood pressure genetic locus on 5p13: contributions from the CARE consortium. **Human Molecular Genetics**, v. 20, n.11, p. 2285-2295, 2011.