



**UNIVERSIDADE ESTADUAL DA PARAÍBA
CENTRO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS E DA SAÚDE
DEPARTAMENTO DE BIOLOGIA
CURSO DE GRADUAÇÃO EM BACHARELADO EM CIÊNCIAS
BIOLÓGICAS**

DEMY MOORE DE LIMA NOGUEIRA

**RETRATO MOLECULAR DO NORDESTE: UMA REVISÃO BIBLIOGRÁFICA
DA ANCESTRALIDADE DA REGIÃO**

**CAMPINA GRANDE
2024**

DEMY MOORE DE LIMA NOGUEIRA

**RETRATO MOLECULAR DO NORDESTE: UMA REVISÃO BIBLIOGRÁFICA
DA ANCESTRALIDADE DA REGIÃO**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao curso de Graduação em Bacharelado em Ciências Biológicas da Universidade Estadual da Paraíba, como requisito à obtenção do título de Bacharelado em Ciências Biológicas.

Área de concentração: Genética Humana e Populacional

Orientadora: Prof. Dra. Simone Silva dos Santos Lopes

**CAMPINA GRANDE
2024**

É expressamente proibida a comercialização deste documento, tanto em versão impressa como eletrônica. Sua reprodução total ou parcial é permitida exclusivamente para fins acadêmicos e científicos, desde que, na reprodução, figure a identificação do autor, título, instituição e ano do trabalho.

N778r Nogueira, Demy Moore de Lima.

Retrato molecular do nordeste [manuscrito] : uma revisão bibliográfica da ancestralidade da região / Demy Moore de Lima Nogueira. - 2024.

38 f. : il. color.

Digitado.

Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Ciências biológicas) - Universidade Estadual da Paraíba, Centro de Ciências Biológicas e da Saúde, 2024.

"Orientação : Prof. Dra. Simone Silva dos Santos Lopes, Departamento de Biologia - CCBS".

1. Marcadores genéticos. 2. Miscigenação. 3. Região nordeste. 4. Genética populacional. I. Título

21. ed. CDD 599.935

DEMY MOORE DE LIMA NOGUEIRA

RETRATO MOLECULAR DO NORDESTE: UMA REVISÃO BIBLIOGRÁFICA DA ANCESTRALIDADE DA REGIÃO

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao curso de Graduação em Bacharelado em Ciências Biológicas da Universidade Estadual da Paraíba, como requisito à obtenção do título de Bacharelado em Ciências Biológicas.

Área de concentração: Genética Humana e Populacional

Aprovada em: 21/11/2024.

BANCA EXAMINADORA

Documento assinado digitalmente
 SIMONE SILVA DOS SANTOS LOPES
Data: 04/12/2024 23:22:30-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dra. Simone Silva dos Santos Lopes (Orientador)
Universidade Estadual da Paraíba (UEPB)

Documento assinado digitalmente
 YORRAN HARDMAN ARAUJO MONTENEGRO
Data: 05/12/2024 09:24:16-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Me. Yorran Hardman Araújo Montenegro
Universidade Estadual da Paraíba (UEPB)

Documento assinado digitalmente
 STEFFANY LARISSA GALDINO GALISA
Data: 05/12/2024 08:44:44-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Me. Steffany Larissa Galdino Galisa
Instituto Aggeu Magalhães (Fiocruz-PE)

A minha família, especialmente a
minha mãe, por nunca me deixar
desistir, DEDICO.

“A seleção natural jamais produzirá qualquer estrutura mais prejudicial do que benéfica em um ser vivente, pois ela age somente pelo e para o benefício de cada um deles.”

Charles Darwin, A Origem das Espécies

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1: Hipóteses de rotas de dispersão humana da América do Sul	12
Figura 2: Angola, Congo e Moçambique como fonte principal do tráfico de escravos para o Brasil.....	14
Figura 3: Árvore filogenética dos haplogrupos do Cromossomo Y, baseada no YCC	16
Figura 4: DNA mitocondrial humano (mtDNA).....	17
Figura 5: Árvore de haplogrupos do mtDNA e mapa de distribuição.....	18
Figura 6: Fluxograma de seleção de artigos para a revisão	20
Gráfico 1: Frequência do mtDNA por Estado.....	22
Gráfico 2: Frequência do mtDNA para o Nordeste	24
Gráfico 3: Frequência do Cromossomo Y entre os Estados	26
Gráfico 4: Frequência do Cromossomo Y para o Nordeste	27

LISTA DE TABELAS

Tabela 1: Termos selecionados para a revisão narrativa	18
Tabela 2: Artigos selecionados para o estudo	20
Tabela 3: Principais frequências observadas de haplogrupos mitocondriais do Nordeste identificados na literatura	21
Tabela 4: Principais frequências de haplogrupos mitocondriais de todo o Nordeste identificados na literatura.....	23
Tabela 5: Principais frequências observadas de haplogrupos do cromossomo Y do Nordeste identificados na literatura	24
Tabela 6: Principais frequências de haplogrupos do cromossomo Y de todo o Nordeste identificados na literatura	26

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

AMR	Améríndios
AFR	Africanos
DT1	Diabetes Tipo 1
EUR	Europeus
HVI	Região Hipervariável
LGM	Último Máximo Glacial
mtDNA	DNA Mitocondrial
NCBI	National Center for Biotechnology Information
nDNA	DNA Nuclear
MPS IVA	Mucopolissacaridose IVA
YCC	Consórcio do Cromossomo Y
rRNA	RNAs ribossomais
tRNA	RNAs de transferência

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	10
2	FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	11
2.1	Povoamento das Américas	11
2.2	Povoamento do Brasil	13
2.3	Ancestralidade	14
2.3.1	Definição	14
2.3.2	Haplogrupos e Haplótipos	15
2.4	Marcadores de Moleculares	15
2.4.1	Cromossomo Y.....	15
2.4.2	DNA Mitocondrial	16
3	METODOLOGIA	18
3.1	Tipo de estudo	18
3.2	Coleta de dados	18
3.3	Crterios de inclusão e exclusão	19
3.4	Análise de dados	19
4	RESULTADOS	19
5	DISCUSSÃO	27
6	CONCLUSÃO	29
	REFERÊNCIAS	29

RETRADO MOLECULAR DO NORDESTE: UMA REVISÃO BIBLIOGRÁFICA DA ANCESTRALIDADE DA REGIÃO

Demy Moore de Lima Nogueira¹

RESUMO

O Nordeste brasileiro é altamente miscigenado devido à colonização de europeus na região, bem como à entrada de escravos para trabalhar nas plantações de cana-de-açúcar, tendo sido a primeira região a ser colonizada. Os marcadores de linhagem consistem em informações genéticas que podem ser herdadas de apenas um dos pais, com ausência de recombinação, permitindo a investigação da origem ancestral e informações que podem distinguir diferentes grupos populacionais. O presente estudo teve como objetivo retratar os processos migratórios com base nos marcadores de linhagem, cromossomo Y e mtDNA no nordeste brasileiro. Por meio de uma revisão narrativa, a pesquisa foi realizada através das bases de dados ScienceDirect e PUBMED. A busca foi realizada a partir de artigos indexados em inglês, com intervalo de 24 anos (2000-2024), utilizando os seguintes descritores: “ancestry”, “genetic markers”, “Paraíba”, “Ceará”, “Piauí”, “Pernambuco”, “Bahia”, “Rio Grande do Norte”, “Alagoas”, “Sergipe” e “Maranhão”. Nos resultados, foram incluídos 11 estudos, notamos que para o mtDNA, a linhagem L3 africana é a mais presente em AL (16,6%), PI (13,2%) e RN (13,4%). Por outro lado, PE com o percentual na linhagem H (20,3%) é o estado com maior ancestralidade materna europeia no Nordeste, seguido por PB, H (19%). Enquanto a ancestralidade nativa americana é vista com maior frequência com o haplogrupo A (37%). Na ancestralidade paterna, os resultados mostraram que o haplogrupo Q M3 foi o mais prevalente e PE (12,5%) no e para ancestralidade paterna, o haplogrupo europeu R1b-S116 ocorreu com mais frequência, particularmente em AL e SE (50%). Concluímos, portanto, que a ancestralidade do mtDNA do Nordeste possui contribuição da Europa, Sudeste da África e nativos americanos e para o cromossomo Y, principalmente da Península Ibérica, África Ocidental e ameríndios em menor frequência. Verificamos assim que a região nordeste possui uma diversidade e distribuição de haplogrupos distinta entre os estados, mas semelhante ao que foi vista na população brasileira em geral.

Palavras-Chave: Marcadores; miscigenação; região nordeste.

ABSTRACT

The Brazilian Northeast is highly admixed due to the colonization of Europeans in the region, as well as the entry of slaves to work on sugarcane plantations, having been the first region to be colonized. Lineage markers consist of genetic information that can be inherited from only one of the parents, with the absence of recombination, allowing the investigation of ancestral origin and information that can distinguish different population groups. The present study aimed to portray the migration processes based on lineage markers, Y chromosome and mtDNA in the Brazilian Northeast. Through a narrative review, the research was carried out in the ScienceDirect and PUBMED databases. The search was

carried out from articles indexed in English, with a 24-year interval (2000-2024), using the following descriptors: “ancestry”, “genetic markers”, “Paraíba”, “Ceará”, “Piauí”, “Pernambuco”, “Bahia”, “Rio Grande do Norte”, “Alagoas”, “Sergipe” and “Maranhão”. In the results, 11 studies were included, we noted that for mtDNA, the African lineage L3 is the most present in AL (16.6%), PI (13.2%) and RN (13.4%). On the other hand, PE with the percentage in the H lineage (20.3%) is the state with the highest European maternal ancestry in the Northeast, followed by PB, H (19%). While Native American ancestry is seen more frequently with haplogroup A (37%). In paternal ancestry, the results showed that haplogroup Q M3 was the most prevalent and PE (12.5%) in and for paternal ancestry, the European haplogroup R1b-S116 occurred more frequently, particularly in AL and SE (50%). We therefore conclude that the mtDNA ancestry of the Northeast has contributions from Europe, Southeast Africa and Native Americans and for the Y chromosome, mainly from the Iberian Peninsula, West Africa and Amerindians at a lower frequency. It is therefore verified that the Northeast region presents distinct diversity and distribution of haplogroups among the states, but similar to what was observed in the Brazilian population in general.

Keywords: Markers; miscegenation; northeast region.

1 INTRODUÇÃO

O povoamento das Américas ocorreu através do estreito de Bering (Beríngia), na qual constituía uma conexão terrestre entre a Ásia e a América do Norte durante o último máximo glacial (LGM) há cerca de 20 mil anos (O'Rourke e Raff, 2010; Reich *et al.*, 2012; Raghavan *et al.*, 2015). A partir desse processo migratório, observa-se que os ameríndios traçam uma similaridade com um grupo ancestral do Centro-Oriental asiático, mas especificamente do nordeste da Sibéria (Mychaleckyj *et al.*, 2017). Sendo uma das últimas áreas povoadas pelo homem, há pelo menos 15 mil anos, e América do Sul, permaneceu habitada pelos nativos até a migração ibérica (Ongaro *et al.*, 2019).

A diversidade genética observada nesse continente, ocorre em virtude dos vários eventos migratórios durante e após a era colonial europeia, além da redução da população local (Ongaro *et al.*, 2019), dessa maneira, que a população é uma das mais heterogêneas do mundo, com uma composição tri-híbrida e uma extensa miscigenação (Sans, 2000). Em cinco séculos de miscigenação, os brasileiros são frutos de três povos: ameríndios, europeus e africanos apresentam a maior miscigenação do mundo, (Pena *et al.*, 2011) distribuída nas cinco regiões geográficas.

Os grupos populacionais no Brasil de acordo com os processos migratórios, os escravos que foram traficados para o país, em sua maioria foram em direção ao nordeste para trabalhar na zona costeira do açúcar, ao contrário dos imigrantes europeus que se alojaram ao sul, que se caracterizou pelo destaque de pequenas propriedades de agricultura de subsistência familiar (Ribeiro, 1995; Parra *et al.*, 2003; Radin; Valentini; Zarth, 2016). O sudeste constitui um dos centros mais importantes de distribuição de escravos desembarcados no porto do Rio de Janeiro (Frank, 2006). A região centro-oeste,

em virtude da descoberta do ouro em Goiás, o que atraiu grupos parentais principais europeus, africanos e ameríndios no Norte, na região que apresentavam maiores contribuições ameríndia para a população local (Barcelos, 2006). Neste sentido, caracterizar os indivíduos com base em caracteres fenótipos, que somente, é consequência de decisivos alelos em um breve grupo de genes, não levando em consideração o restante do genoma, não determina a ancestralidade (Ribeiro, 1995; Parra *et al.*, 2003).

O Nordeste obteve uma grande presença de escravos que tinham um papel efetivo nas plantações de cana-de-açúcar (Ribeiro, 1995), possuindo uma economia canavieira dominante por séculos, sendo um dos aspectos socioeconômicos importantes no Nordeste, estruturando uma sociedade escravocrata onde uma minoria de senhores explorava as então chamadas “classes subalternas”, desenvolvendo culturas e extraindo riquezas (Ribeiro, 2015). Hoje, caracterizada como a região que possui maior proporção de ancestralidade africana e menor descendência europeia comparada às demais regiões (Pena *et al.*, 2011).

Os marcadores uniparentais, ou seja, o cromossomo Y e o mtDNA (Santos *et al.*, 1996; Alves-Silva *et al.*, 2000; Carvalho-Silva *et al.*, 2001) caracterizam as linhagens paterna e materna, respectivamente. Esses marcadores consistem em informações genéticas que podem ser herdadas de apenas um dos pais sem a presença de recombinação regular, trazendo informações específicas para análise, que os marcadores autossômicos não podem (Gontijo *et al.*, 2018; Butler, 2023).

Portanto, dessa forma é fundamental entender como o processo de fluxo genético que ocorreu durante povoamento direcionam a distribuição alélica até os dias atuais. Dessa forma, torna-se necessário a realização de uma revisão bibliográfica narrativa, com a perspectiva de retratar os processos migratórios com base nos marcadores de linhagem, DNA mitocondrial e Cromossomo Y, visto que há uma escassez em estudos na área de genética humana e populacional no nordeste brasileiro.

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

2.1 Povoamento das Américas

Algumas hipóteses são listadas para explicar como os antepassados dos nativos americanos cruzaram o estreito de Bering (Reich *et al.*, 2013). A mais aceita, é a hipótese de “Três Ondas” que dividiu os nativos americanos em três grupos linguísticos, sendo ameríndios, Na-dene e Esquimó-Aleúte, em que foram pressupostos como tendo entrado nas Américas linearmente após o LGM (Último Máximo Glacial) (O’Rourke e Raff, 2010). Um possível cenário migratório é exemplificado por O’Rourke e Raff (2010), nele o Estreito de Bering, como uma ponte ligando a Sibéria (Ásia) com o Alasca, era composta pelos litorais norte e sul. As rotas costeiras de Beríngia e do Pacífico formadas após o LGM, seria o caminho mais provável para os movimentos pré-LGM, assim, continuaram os movimentos para o interior do continente, pela drenagem do Rio McKenzie, se torna plausível (O’Rourke e Raff, 2010).

O processo migratório para as Américas, pelos ancestrais dos nativos americanos que povoaram as áreas da América indica que esses ancestrais dos nativos, sejam asiáticos do nordeste da Sibéria (Santos *et al.*, 1999; O’Rourke e

Raff, 2010; Reich *et al.*, 2012, Raghavan *et al.*, 2015; Skoglund e Reich, 2016; Mychaleckyj *et al.*, 2017). Rothhammer e Dillehay (2009) mostram um possível esquema de dispersão humana na América do Sul representada na Figura 1, descreve que os grupos através istmo do Panamá, podem ter entrado nas terras altas andinas pelos vales dos rios Cauca e Magdalena, que fluem do sul para o norte na Colômbia. Certos grupos migraram para o leste seguindo a borda caribenha da Venezuela, as Guianas e o nordeste do Brasil e outros para o interior da Venezuela e depois para o sudeste ou sudoeste ao longo de vários grandes sistemas fluviais na bacia amazônica. Da bacia amazônica e/ou dos Andes do noroeste da Argentina, os indivíduos podem ter entrado no país de parques abertos do leste do Brasil e podem ter se espalhado pelos Pampas e Patagônia (Rothhammer e Dillehay (2009). Ademais, os também podem ter migrado ao longo da costa do Pacífico até o Chile, assim como, a existência que grupos geneticamente divergentes possam ter entrado na região da Colômbia, Venezuela e Guianas no norte e da Argentina no sul (Rothhammer e Dillehay (2009).

Figura 1 – Hipóteses de rotas de dispersão humana da América do Sul



Fonte: Rothhammer e Dillehay (2009)

Estudos genéticos recuperaram de forma robusta uma diferenciação substancial entre os Andes e a Amazônia, enquadrada dentro de um modelo de grandes comunidades conectadas por fluxo gênico nos Andes versus pequenas comunidades isoladas na Amazônia (Tarazona-Santos *et al.*, 2001; Barbieri *et al.*, 2019). As comunidades utilizavam-se dos rios como rotas de viagens, entre o mundo exterior e o local de surgimento dos ancestrais, ocasionando distâncias genéticas e geográficas simples que podem ser o resultado de uma evolução relativamente recente 520 movimentos e o deslocamento de grupos etnolinguísticos de seus territórios tradicionais (Ariais *et al.*, 2017). Os padrões de deriva genética e fluxo gênico na variação genética do cromossomo Y em nativos americanos, estabeleciam a parte ocidental associada aos Andes, na qual as populações exibem tamanhos relevantes e níveis elevados de fluxo gênico entre elas, conduzindo assim, a uma homogeneização do pool genético. Todavia, as populações orientais, localizadas na região amazônica, no planalto central brasileiro e na região do Chaco, englobam os níveis mais baixos de fluxo gênico, com uma propensão à diferenciação genética (Tarazona-Santos *et al.*, 2001).

Os dados do mtDNA indicam que as populações nativas atuais da América do Norte, Central e do Sul abrigam variações significativas de suas contrapartes asiáticas e que pertencem a quatro haplogrupos A2, B2, C1, D1 “pan-americanos” comuns, que são encontrados em todo o continente duplo, e cinco linhagens menores (C4c, D2a, D3, D4h3 e X2a) (Perego *et al.*, 2009). Enquanto que os dados do cromossomo Y abordam que o haplogrupo Q1a2a1b-CTS1780 do cromossomo Y, é atualmente raro, estava presente em um terço das antigas Américas do Sul e no Brasil (Posth *et al.*, 2018). O haplogrupo C2b, no qual é extremamente raro, é observado na Lapa do Santo, datado de ~9.600 BP (Posth *et al.*, 2018). Os autores também contextualizam que alguns grupos no Brasil compartilham mais alelos com os australianos (indígenas da Nova Guiné, australianos e ilhéus de Andaman), tais padrões sugerem que esses grupos não descendem inteiramente de uma única população homogênea e, em vez disso, derivam de uma miscigenação de populações (Posth *et al.*, 2018)

2.2 Povoamento do Brasil

A formação tri-híbrida do Brasil, fortemente miscigenada, foi resultado de três matrizes (Ribeiro, 1995). A matriz portuguesa, necessidade de se garantir da ocupação e conquista do território (Ribeiro, 1995; Castro, 2012). A matriz africana, com o escravo negro (Freyre, G. 1933); e a matriz indígena, com os nativos americanos que foram submetidos a escravidão, de trabalhadores cativos e de mulheres capturadas para o trabalho agrícola (Ribeiro, 1995), e principalmente o papel da mulher nativa, como elemento de formação da família (Freyre, 1933).

O povoamento europeu, estimado entre os dois primeiros séculos, chegaram ao Brasil, cerca de 100.000 imigrantes, com uma média anual de 500 portugueses (Pedrosa, 2006). No século seguinte, esses números mais que triplicaram, compilando-se 600.000 imigrantes (Pedrosa 2006; IBGE, 2007). No ano de 1872, ano do primeiro censo nacional do Brasil, os brancos constituíam somente 38,1% da população, com um aumento significativo no segundo censo, no entanto, os brancos só representavam 44% do censo total. As elites dominantes, por sua vez, empenham-se por um branqueamento da população

(Santos, 2002), com o ápice do fluxo migratório entre 1901 e 1930, ultrapassando 25 mil imigrantes (Pedrosa 2006; IBGE, 2007). Ademais, além dos europeus (italianos, portugueses, alemães e espanhóis) várias outras etnias migraram para o país, como japoneses e Árabes (sírios e libaneses) entre outros, formando um dos processos de miscigenação com maior intensidade entre os países. (Pedrosa 2006; IBGE, 2007; Pena *et al.*, 2009; Souza *et al.*, 2019)

Ao final do século XVIII, os negros e seus descendentes já formavam a maioria da população brasileira (Santos, 2002). Entre os anos 1600 e 1870, cerca de 4 milhões de escravos foram traficados para o Brasil, estipulando 40% dos africanos inseridos nas Américas, originários preeminente de Angola, Congo e Moçambique (Figura 2), esses foram distribuídos pelo Brasil pelas regiões sudeste, norte e nordeste, como Rio de Janeiro (38%), Bahia (25%), Pernambuco (13%), São Paulo (12%), Maranhão (7%) e Pará (5%) (Machado, 2012).

Figura 2 - Angola, Congo e Moçambique como fonte principal do tráfico de escravos para o Brasil



Fonte: Adaptado de: Vicentino e Dorigo. História do Brasil. São Paulo. Scipione. 2013, p. 43

Os negros, indígenas e mulatos compuseram 68,9%, como registrado pelo segundo censo brasileiro (1890) (Santos, 2002). Os nativos americanos que antes da chegada dos europeus eram os únicos que habitavam o território brasileiro, obtiveram em seus territórios, um prejuízo à medida que sucedeu a migração. Imigrantes, principalmente, da Europa e África, obrigando-os a deslocarem para o interior do estado e de certo modo, alguns grupos de nativos foram protegidos de serem escravizados (Ribeiro, 1995). Alguns grupos que permaneceram em volta dos colonizadores, estabeleceram alianças benéficas aos dois lados (Ribeiro, 1995; Machado, 2012).

2.3 Ancestralidade

2.3.1 Definição

A ancestralidade genética compreende a origem de um indivíduo e de seus ancestrais (Kimura; Lemos e Nunes, 2022), através do material genômico (Mathieson e Scally, 2020). Os marcadores autossômicos demonstram a herança biparental e os marcadores de linhagens, distribuindo uma herança uniparental (Griffith *et al.*, 2020). Na hereditariedade, as características são passadas de geração para geração (Griffith *et al.*, 2020). Nisto, as informações genéticas são transmitidas por meio de replicação, fazendo com que as informações necessárias sejam transmitidas de uma geração para outra. (Griffith *et al.*, 2020)

A ancestralidade pode ser definida como global e local. A princípio, a ancestralidade global remete a origem ancestral média de uma pessoa a todo o genoma, ou seja, a origem correlacionada à localização geográfica de seus ancestrais (Royal *et al.*, 2010; Martin *et al.*, 2018). Enquanto que, a ancestralidade local denota a um local cromossômico específico, um exemplo, quando indivíduos apresentam vários graus de miscigenação, esses serão compostos de trechos de DNA de diferentes origens ancestrais (Chakravarti, 2009; Royal *et al.*, 2010; Martin *et al.*, 2018)

2.3.2 Haplogrupos e haplótipos

Haplogrupos representam grupos relacionados de sequência que caracterizam mutações compartilhadas, definindo um conjunto de haplótipos que determinarão traços de acordo com uma determinada região geográfica (Pakendorf e Stoneking, 2005; Barcelos, 2006; Hermida, 2013).

E os haplótipos designa a combinação específicas de alelos em variados loci, ou seja, polimorfismos dispostos a serem herdados juntos (Sachidanandam *et al.*, 2001; Griffiths *et al.*, 2020; Biesecker, 2024).

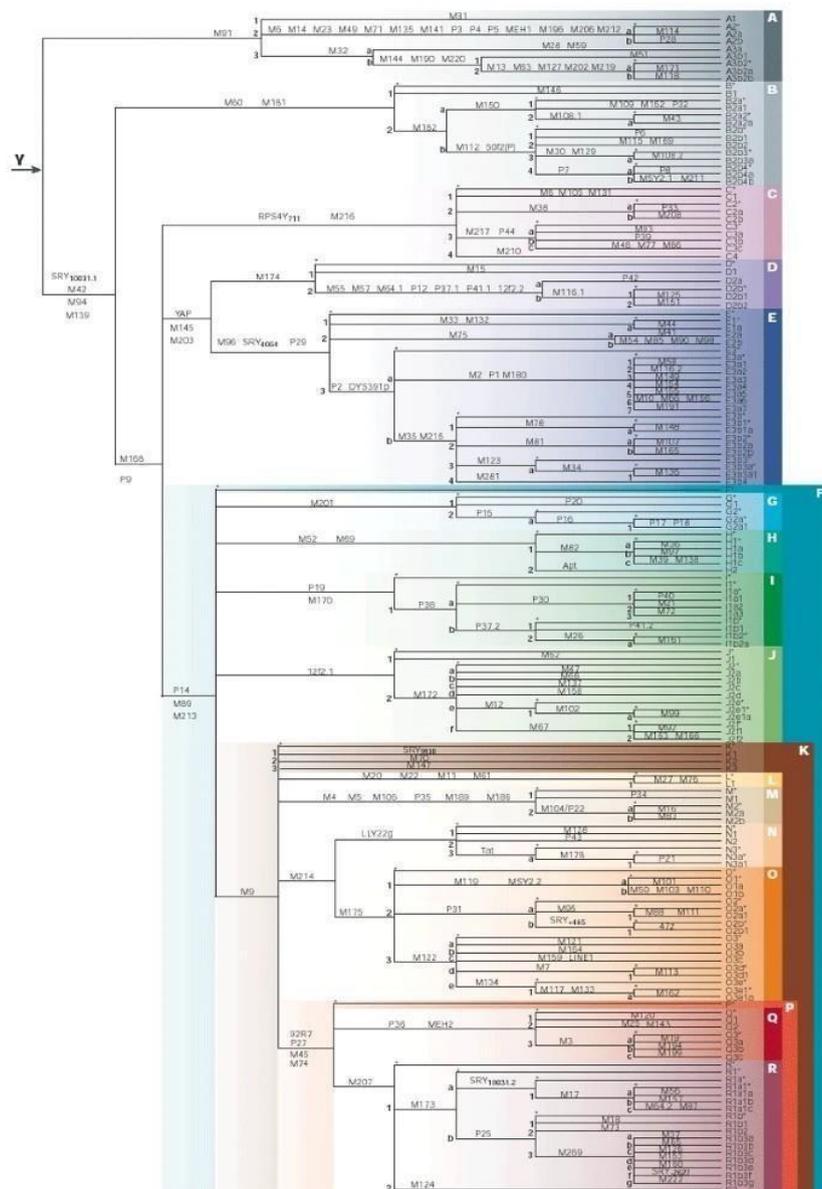
2.4 Marcadores Moleculares

2.4.1 Cromossomo Y

O cromossomo Y possui cerca de 60 Mb de tamanho, sua transmissão ocorre de pai para filho, além de não sofrer recombinação (Jobling e Tyler-Smith, 2017). Estas características possibilitam que as combinações de estados alélicos de marcadores ao longo do cromossomo comumente permaneçam intactas de geração para geração, podendo contar uma história genealógica paterna (Jobling e Tyler-Smith, 2003; Jobling e Tyler-Smith, 2017).

O Consórcio do Cromossomo Y (YCC) determinou uma nova e unificada nomenclatura para linhagens de haplogrupos e haplótipos referentes ao cromossomo Y em uma árvore filogenética (Figura 3). Com a investigação de 245 marcadores de polimorfismos binários, que constituíram 153 haplogrupos NRY, a atual nomenclatura autoriza a inclusão de mutações e haplogrupos, na árvore filogenética, que possam ser descobertos a posteriori (YCC, 2002)

Figura 3 - Árvore filogenética dos haplogrupos do Cromossomo Y, baseada no YCC



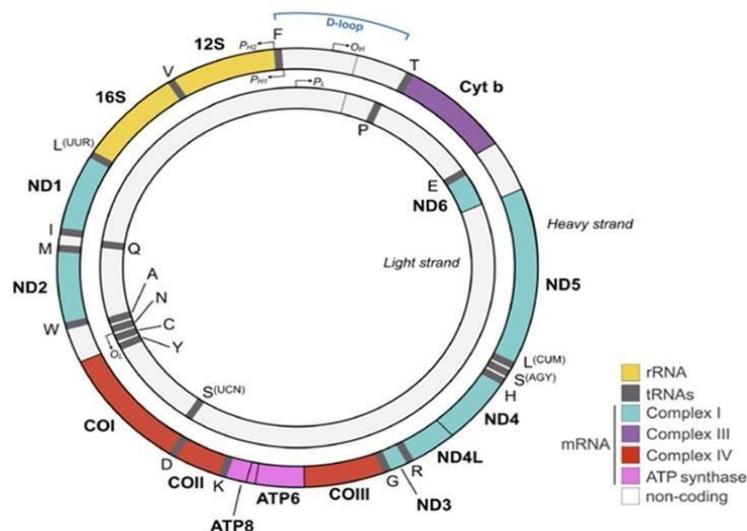
Fonte: Jobling e Tyler-Smith, 2003

2.4.2 DNA Mitocondrial

O DNA Mitocondrial é estruturado como uma molécula de dupla fita circular livre de histona, com aproximadamente 16.569 pares de base (Amorim; Fernandes; Tavares, 2019). As fitas são diferenciadas pela composição de nucleotídeos: a fita pesada (H) (do inglês *Heavy Strand*) é abundante em guanina, enquanto a fita leve (L) (do inglês *Light Strand*) é abundante em citosina (Figura 4) (Anderson *et al.*, 1981; Chinnery e Hudson, 2013; Hoffmann e Spengler, 2018; Amorim; Fernandes; Tavares, 2019). Com uma maior riqueza em comparação com o DNA nuclear (nDNA), contendo maior número de cópias

em células humanas (Marshall e Parson, 2021), mesmo assim, o mtDNA constitui somente 25% do conteúdo de uma célula (Buttler, 2012).

Figura 4- DNA mitocondrial humano (mtDNA)

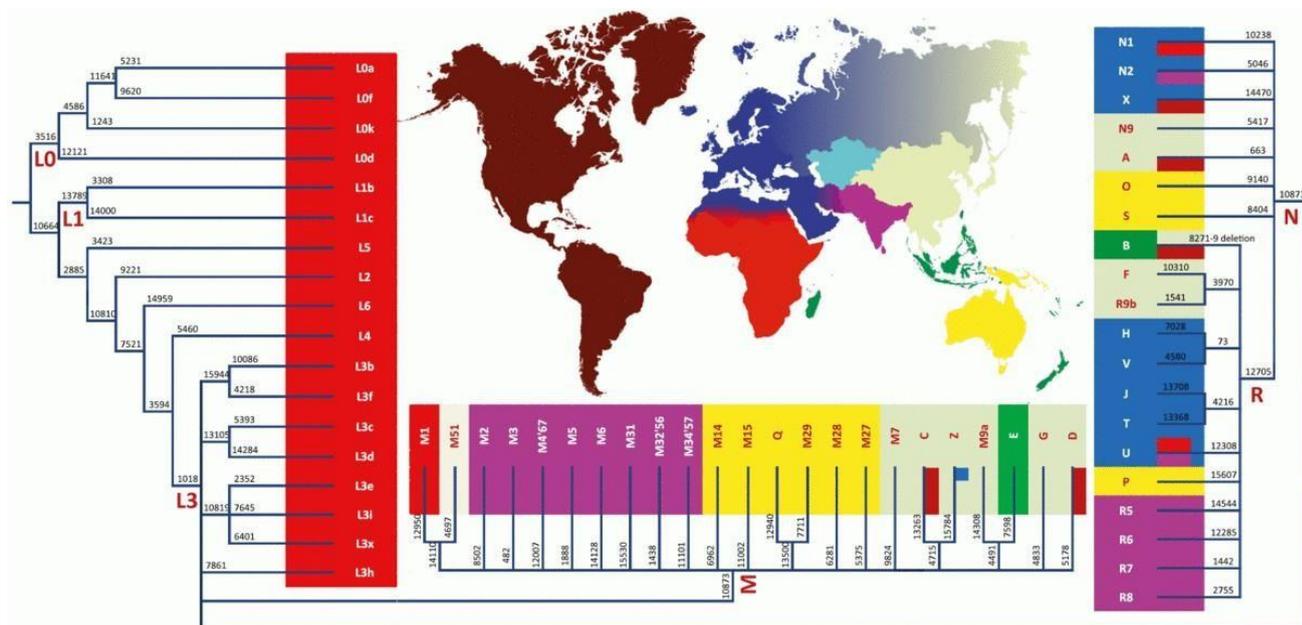


Fonte: Hoffmann e Spengler, 2018

A molécula de mtDNA apresenta uma região codificadora e outra não codificadora (Chinnery e Hudson, 2013). A região codificante está atribuída a produção de 13 proteínas, 2 RNAs ribossomais (rRNA) e 22 RNAs de transferência (tRNA). Há uma região não codificadora, D-loop, conhecida também como região controle, com aproximadamente 1122 bp de nucleotídeos (Buttler, 2012). Essa região contém três regiões hipervariáveis, sendo a região hipervariável I variando da posição 16.024 a 16.365, a região hipervariável II que varia da posição 73 a 340 e por fim, a região hipervariável III compreendendo as posições de nucleotídeos 438 a 537 (Lutz *et al.*, 2020; Buttler, 2012).

A sequência de mtDNA é evidenciada como haplótipo individual, referido pelas diferentes bases em relação à sequência do mtDNA rCRS (Sequência de Referência de Cambridge revisada) (Amorim; Fernandes; Taveira, 2019). Já os haplogrupos mitocondriais estão definidos como uma coleção de haplótipos semelhantes estipulados por combinações de polimorfismos nucleares simples (SNPs) no mtDNA herdado de um ancestral comum. Logo, são formados pelo acúmulo sequencial de mutações ao longo de linhagens maternas (Wallace, 2013; Mitchell *et al.*, 2015). A raiz filogenética e os mais diversos ramos do mtDNA estão limitados às populações africanas (Figura 5).

Figura 5 - Árvore de haplogrupos do mtDNA e mapa de distribuição.



Fonte: Kivisild, 2015

3 METODOLOGIA

3.1 Tipo de estudo

Realizou-se uma revisão narrativa, no qual se caracteriza, em estudos já publicados com a perspectiva de descrever e discutir o desenvolvimento de um determinado assunto sob o ponto de vista teórico ou contextual, sendo assim um estudo qualitativo (Rother, 2007). A revisão foi conduzida para retratar os processos migratórios com base nos marcadores de linhagem, cromossomo Y e mtDNA no nordeste brasileiro.

3.2 Coleta de dados

A coleta de dados foi conduzida através da pesquisa de literatura em duas plataformas: *Pubmed do National Center for Biotechnology Information (NCBI)* e *ScienceDirect*. Utilizando os seguintes descritores descritos na tabela 1 e o operador Booleano, AND. A coleta ocorre entre os meses de agosto e outubro de 2024.

Tabela 1 - Termos selecionados para a revisão narrativa

NCBI - Pubmed	"Ancestry" and "Brazilian"
	"Ancestry" and "Paraíba" / "Genetic markers" and "Paraíba"
	"Ancestry" and "Ceará" / "Genetic markers" and "Ceará"
	"Ancestry" and "Piauí" / "Genetic markers" and "Piauí"
	"Ancestry" and "Pernambuco" / "Genetic markers" and "Pernambuco"

	"Ancestry" and "Bahia" / "Genetic markers" and "Bahia"
	"Ancestry" and "Rio Grande do Norte" / "Genetic markers" and "Rio Grande do Norte"
	"Ancestry" and "Alagoas" / "Genetic markers" and "Alagoas"
	"Ancestry" and "Sergipe" / "Genetic markers" and "Sergipe"
	"Ancestry" and "Maranhão" / "Genetic markers" and "Maranhão"
<i>ScienceDirect</i>	"Ancestry" and "Brazilian"
	"Ancestry" and "Paraíba" / "Genetic markers" and "Paraíba"
	"Ancestry" and "Ceará" / "Genetic markers" and "Ceará"
	"Ancestry" and "Piauí" / "Genetic markers" and "Piauí"
	"Ancestry" and "Pernambuco" / "Genetic markers" and "Pernambuco"
	"Ancestry" and "Bahia" / "Genetic markers" and "Bahia"
	"Ancestry" and "Rio Grande do Norte" / "Genetic markers" and "Rio Grande do Norte"
	"Ancestry" and "Alagoas" / "Genetic markers" and "Alagoas"
	"Ancestry" and "Sergipe" / "Genetic markers" and "Sergipe"
	"Ancestry" and "Maranhão" / "Genetic markers" and "Maranhão"

Fonte: Elaborada pela autora, 2024

3.3 Critérios de inclusão e exclusão

Foram selecionados artigos publicados no intervalo de 24 anos (2000-2024), em uma homenagem ao Retrato Molecular do Brasil, publicado por Pena e colaboradores (2000), o primeiro trabalho que abordam o objetivo de analisar a origem genética dos brasileiros; em inglês, em revistas indexadas, em geral e dos estados do nordeste, especificamente como também, estudos com dados experimentais abordando de maneira explícita haplogrupos e haplótipos em relação aos marcadores do Cromossomo Y e mtDNA no Nordeste.

A posteriori, foi realizada a leitura do título e resumo disponíveis. Foram excluídos aqueles artigos que ultrapassem o intervalo de 24 anos, revisões bibliográficas, análise de artigos, meta-análise, capítulo de livro, relato de caso, artigos que não abordam de maneira explícita haplogrupos e haplótipos em relação aos marcadores do Cromossomo Y e mtDNA; resumos de congressos / posters de congresso e/ou anais

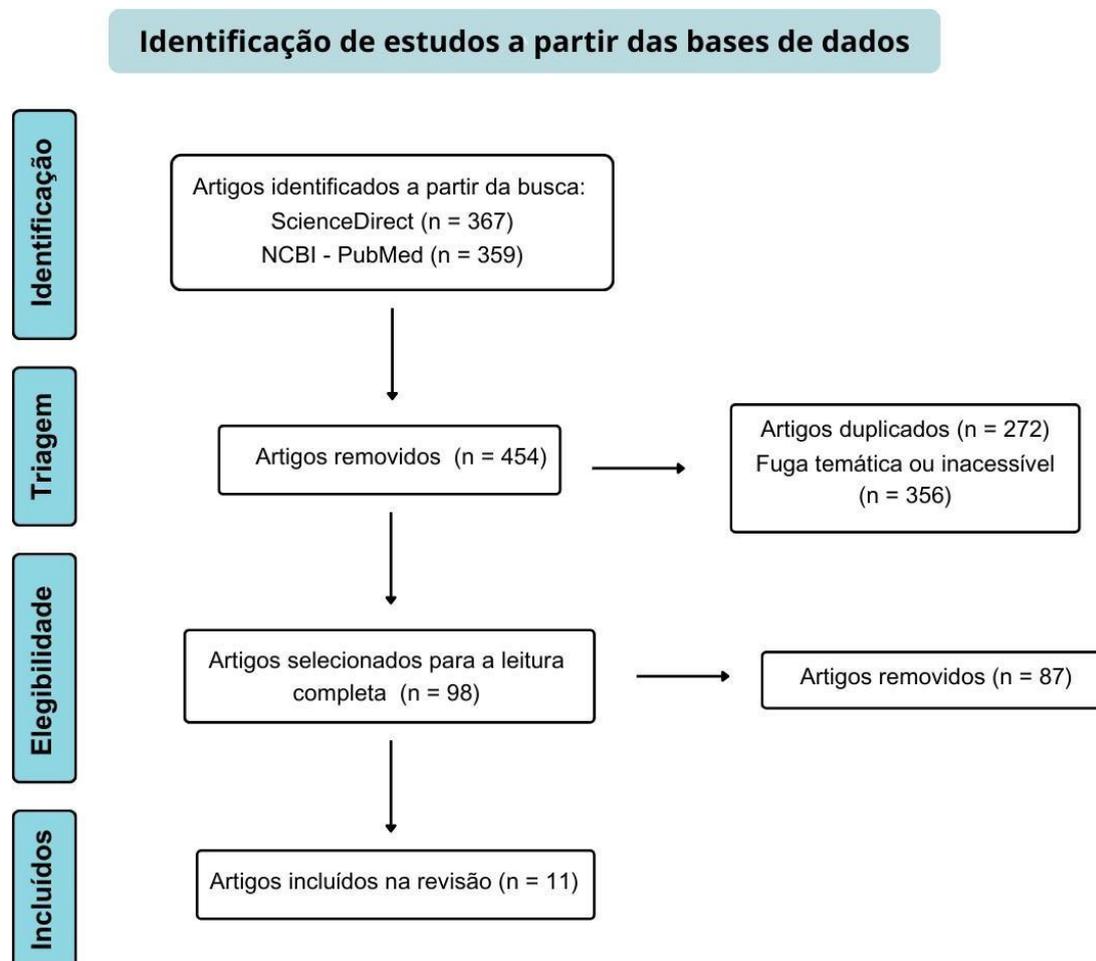
3.4 Análise de dados

Foi realizada a leitura na íntegra dos artigos e selecionados aqueles que atenderam os seguintes requisitos de seleção. Foram retirados dados retirados constituíram os principais haplogrupos do cromossomo Y e do DNA mitocondrial, como sua frequência, relatados no Nordeste.

4 RESULTADOS

Foram incluídos 726 estudos em um primeiro momento por atender os critérios de inclusão explícitos (Figura 6)

Figura 6 – Fluxograma de seleção dos artigos para a revisão



Fonte: Elaborada pela autora, 2024.

Na triagem inicial houve a exclusão de 272 duplicadas e 356 artigos apresentaram fuga sobre o tema ou estava inacessível, desse modo, 98 artigos foram selecionados para a leitura na íntegra. Após a leitura, 87 artigos foram anulados por se mostrar inelegível com o tema. Por fim, 11 artigos atenderam aos critérios de inclusão e foram inclusos no presente trabalho (Tabela 2)

Tabela 2 – Artigos selecionados para o estudo

Autores	Título
Alves-Silva <i>et al.</i> , (2000)	The ancestry of Brazilian mtDNA lineages
Assis <i>et al.</i> , (2011)	Hierarchical analysis of 15 Y-chromosome SNPs and demographic history of Afro-derived isolated communities in Alagoas, Brazil
Azulay <i>et al.</i> , (2021)	Genetic ancestry inferred from autosomal and Y chromosome markers and HLA genotypes in Type 1 Diabetes from an admixed Brazilian population,

Azevedo <i>et al.</i> , (2009)	Analysis of Y chromosome SNPs in Alagoas, Northeastern Brazil
Carvalho-Silva <i>et al.</i> , (2001)	The Phylogeography of Brazilian Y-Chromosome Lineages
Ferreira <i>et al.</i> , (2024)	A pilot study of mitochondrial genomic ancestry in admixed Brazilian patients with type 1 diabetes
Jannuzi <i>et al.</i> , (2020)	Male lineages in Brazilian populations and performance of haplogroup
Resque <i>et al.</i> , (2016)	Male Lineages in Brazil: Intercontinental Admixture and Stratification of the European Background
Santos-Lopes <i>et al.</i> , (2021)	Demographic, clinical, and ancestry characterization of a large cluster of mucopolysaccharidosis IV A in the Brazilian Northeast region
Schaan <i>et al.</i> , (2020)	New insights on intercontinental origins of paternal lineages in Northeast Brazil
Schaan <i>et al.</i> , (2017)	mtDNA structure: the women who formed the Brazilian Northeast

Fonte: Elaborada pela autora, 2024.

Os artigos analisados permitiram compreender e retratar os processos migratórios ocorridos na região Nordeste. Observamos a ancestralidade materna que a maior frequência encontrada na região é do haplogrupo L3 africano em Pernambuco (18,8%), Alagoas (16,6%), Piauí (13,2%) e Rio Grande do Norte (13,4%). Para os estados da Bahia e Sergipe encontramos o percentual da ancestralidade africana como o todo (28,6% e 25%, respectivamente), já no Ceará apresentou as mesmas frequências para L1 e L3 (9,6%). O haplogrupo H europeu foi o mais frequente entre todos os estados, sendo Pernambuco (20,3%), Paraíba (19%), Alagoas (10,7%), Rio Grande do Norte (9,1%), Ceará (7,7%) e Piauí (4,6%). Enquanto a ancestralidade ameríndia prevalente é a A, para os estados do Piauí (23,6%), Pernambuco (14,1%), Rio Grande do Norte (13,4%) e Alagoas (10,7%), com exceção da Paraíba e Rio Grande do Norte com o haplogrupo B (19%) e Ceará com haplogrupo C (21,2%) (Tabela 3) (Gráfico 1). Após estimar as frequências, analisamos os resultados atuais com a as frequências do Nordeste feito por Alves-Silva *et al.* (2000) e Ferreira *et al.*, (2024) (Tabela 4) (Gráfico 2).

Tabela 3 – Principais frequências observadas de haplogrupos mitocondriais do Nordeste identificados na literatura.

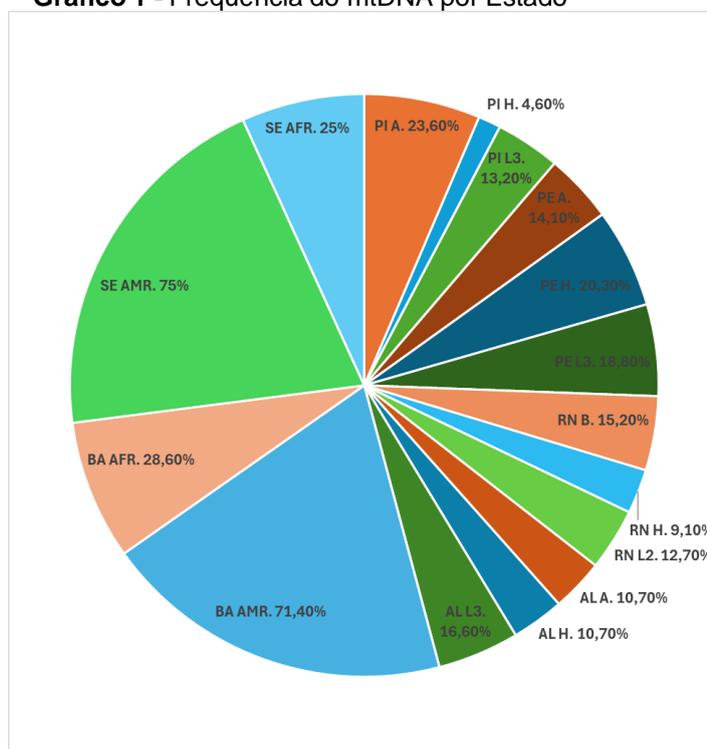
HAPLO	Estados								Referência
	PB	CE	PI	PE	RN	AL	BA	SE	
AMR	38%	51,9%	52,3%	30,3%	45,7%	33,1%	71,4%	75%	Schaan <i>et al.</i> , (2017)
A	-	13,5%	23,6%	14,1%	13,4%	10,7%	-	-	
B	19%	13,5%	12,6%	7,8%	15,2%	10,1%	-	-	
C	9,5%	21,2%	-	-	13%	10,1%	-	-	
D	-	3,8%	-	-	3,6%	2,4%	-	-	
AMR / MSP IV A	35,4%								Santos-Lopes <i>et al.</i> , (2021)
A6b	11,9%	-	-	-	-	-	-	-	
B4	23,5%	-	-	-	-	-	-	-	

EUR	23,8%	11,5%	9,8%	28,9%	15,6%	21,3%			Schaan <i>et al.</i> , (2017)
H	19%	7,7%	4,6%	20,3%	9,1%	10,7%	-	-	
HV	-	-	1,7%	-	-	-	-	-	
M	-	3,8%	-	-	-	-	-	-	
J	-	-	-	-	2,5%	-	-	-	
EUR / MPS IV A	46,9%								Santos-Lopes <i>et al.</i> , (2021)
HV0	35,3%								
AFR	38,1%	30,8%	36,2%	40,8%	35,1%	46,3%	28,6%	25%	Schaan <i>et al.</i> , (2017)
L0	9,5%	3,8%	-	-	-	-	-	-	
L1	4,8%	9,6%	-	14,1%	-	14,8%	-	-	
L2	9,5%	7,7%	10,9%	7,8%	12,7%	11,8%	-	-	
L3	14,3%	9,6%	13,2%	18,8%	13,4%	16,6%	-	-	
AFR / MPS IV A	17,7%								Santos-Lopes <i>et al.</i> , (2021)
L3e1a	5,8%	-	-	-	-	-	-	-	
L3e1d	5,8%	-	-	-	-	-	-	-	
L3f1b1a1	5,8%	-	-	-	-	-	-	-	

Fonte: Elaborada pela autora, 2024.

PB: Paraíba; CE: Ceará; PI: Piauí; PE: Pernambuco; RN: Rio Grande do Norte; AL: Alagoas; BA: Bahia; SE: Sergipe; MA: Maranhão; AMR: Ameríndio; EUR: Europeia; AFR: Africana; MPS IVA: Mucopolissacaridose IVA.

Gráfico 1 - Frequência do mtDNA por Estado



Fonte: Elaborada pela autora, 2024.

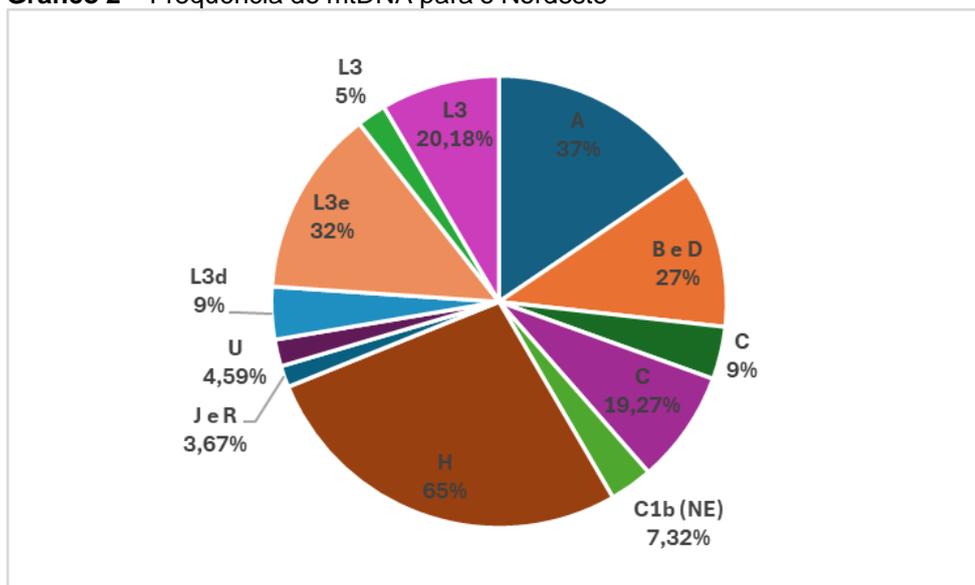
Identificamos alguns trabalhos que realizaram análise de ancestralidade para pacientes com doenças genéticas raras, a exemplo a Mucopolissacaridose IVA (MPS IVA), que é acontece no estado da Paraíba, em que a maioria dos pacientes são descendentes do haplogrupo europeu HV0 (35,3%), seguido pelo haplogrupo ameríndio B4 (23,5%). O haplogrupo ameríndio A6b apareceu com uma frequência de 11,9%. Os haplogrupos africanos L3e1a, L3e1d e L3f1b1a1, apareceram com a frequência 5,8% cada para MPS IVA. A Diabetes Tipo 1 foi identificada para o Nordeste (dados adicionados com Norte, que apresentou baixo número de pacientes) principalmente pelo haplogrupo africano L3 (20,18%), seguido pelo haplogrupo C (19,27%), com a linhagem C1b (7,32%) e com o haplogrupo europeu U (4,59%) com a menor frequência (Tabela 4).

Tabela 4 – Principais frequências de haplogrupos mitocondriais de todo o Nordeste identificados na literatura

Haplogrupo	Frequência	Referência
AMR		
A	37%	Alves-Silva <i>et al.</i> , (2000)
B e D	27%	
C	9%	
AMR / DT1 (N/NE)	47,71%	Ferreira <i>et al.</i> , (2024)
C	19,27%	
C1b (NE)	7,32%	
EUR		
H	65%	Alves-Silva <i>et al.</i> , (2000)
EUR / DT1 (N/NE)	13,76%	Ferreira <i>et al.</i> , (2024)
J e R	3,67%	
U	4,59%	
AFR		
L3d	9%	Alves-Silva <i>et al.</i> , (2000)
L3e	32%	
L3	5%	
AFR / DT1 (N/NE)	38,53%	Ferreira <i>et al.</i> , (2024)
L3	20,18%	

Fonte: Elaborada pela autora, 2024.

DT1: Diabetes Tipo 1; N: Norte; NE: Nordeste.

Gráfico 2 – Frequência do mtDNA para o Nordeste

Fonte: Elaborado pela autora, 2024.

Para a ancestralidade paterna identificamos pequenas frequências de ameríndios, correspondente ao haplogrupo Q, em Pernambuco com maior frequência na linhagem Q M3 (12,5%) em todo o Nordeste, também presente no Rio Grande do Norte em menor frequência (1,9%) (Tabela 5) (Gráfico 3), em comparação com a linhagem Q no Maranhão (2,8%), Rio Grande do com a linhagem Q-M242 (2,8%), e Piauí (1,7%) e de Alagoas Q1a3a*-M3 (3%). O principal haplogrupo europeu frequente na população, entre eles, o mais entre os estados foi o R1b-S116*, sendo Alagoas (50%), Sergipe (50%), Piauí (49,2%), Paraíba (40%), Rio Grande do Norte (37,7%), Ceará (36,6%), Bahia (16,7%) e Pernambuco (12,5%). Na Bahia o haplogrupo que mais apareceu foi o J2-M172 (33,3%). Os haplogrupos R1b-S116* e J2-M172 aparecem com a mesma frequência em Sergipe (50%), como também em Pernambuco o R-M167, R1b-L23*, R1b-M529, R1b-S116* e I-M170 com a mesma frequência (12,5%), em Alagoas os E1b1b-M81 e R1b-S116* com a mesma frequência (50%). O haplogrupo africano E1b1a-M154 foi o mais frequente entre os estados, com Bahia (16,7%), Paraíba (6,7%) e Piauí (1,7%). Assim como o haplogrupo E1b1b-M78 com a o Ceará (7,3%), Paraíba (6,7%), Rio Grande do Norte (1,9%) e Piauí (1,7%). O haplogrupo E1b1a-M2 foi encontrado na frequência de 8,2% para todo o Nordeste (Tabela 6) (Gráfico 4), diferentemente do haplogrupo 1 (65,3%)

Tabela 5 – Principais frequências observadas de haplogrupos do cromossomo Y do Nordeste identificados na literatura.

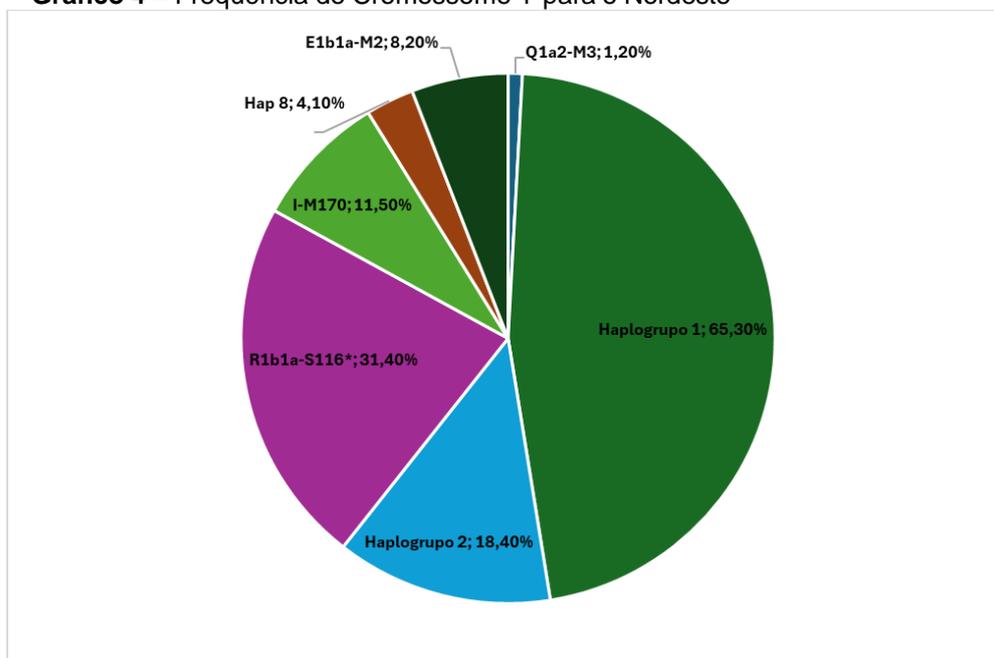
Haplogrupo	Estados	Referência
------------	---------	------------

	PB	CE	PI	PE	RN	AL	BA	SE	MA	
AMR										
Q	-	-	-	-	-	-	-	-	2,80%	Azulay <i>et al.</i> , (2021)
Q-M242	-	-	1,7%	-	2,8%	-	-	-	-	Schaan <i>et al.</i> , (2020)
Q-M3	-	-	-	12,5%	1,9%	-	-	-	-	
Q1a3a*-M3	-	-	-	-	-	3%	-	-	-	Assis <i>et al.</i> , (2011) e Schaan <i>et al.</i> , (2020)
AMR / DT1										
Q	-	-	-	-	-	-	-	-	6,33%	Azulay <i>et al.</i> , (2021)
EUR										
E1b1b-M78	6,7%	7,3%	-	-	-	-	-	-	-	Schaan <i>et al.</i> , (2020)
E1b1b	-	-	-	-	-	-	-	-	6,99%	Azualy <i>et al.</i> , (2021)
E1b1b-M81	-	-	-	-	-	50%	-	-	-	Schaan <i>et al.</i> , (2020)
R1b	-	-	-	-	-	-	-	-	54,55%	Azualy <i>et al.</i> , (2021)
R1b-M529	13,3%	2,2%	-	12,5%	13,2%	-	-	-	3%	Schaan <i>et al.</i> , (2020) e Jannuzzi <i>et al.</i> , (2020)
R1b-S116*	40%	36,6%	49,2%	12,5%	37,7%	50%	16,7%	50%	-	Schaan <i>et al.</i> , (2020)
R1b1b2*-M269	-	-	-	-	-	5,26 a 79,17%	-	-	-	Assis <i>et al.</i> , (2011)
R1b1b2*-M269 (S116*)	-	-	-	-	-	54,17%	-	-	-	Azevedo <i>et al.</i> , (2009)
R1b-U152	-	12,2%	-	-	-	-	-	-	-	Schaan <i>et al.</i> , (2020)
R-M167	-	-	-	12,5%	-	-	16,7%	-	-	
R1b-L23*	-	-	-	12,5%	-	-	-	-	-	
G-M201	-	-	-	-	-	-	16,7%	-	-	
I-M170	13,3%	-	-	12,5%	-	-	-	-	-	
J2-M172	-	-	-	-	-	-	33,3%	50%	-	
EUR / MPS IV A	94,2%									
R*	29,4%	-	-	-	-	-	-	-	-	Santos-Lopes <i>et al.</i> , (2021)
R1a	5,9%	-	-	-	-	-	-	-	-	
R1b	59%	-	-	-	-	-	-	-	-	
EUR / DT1										
E1b1b	-	-	-	-	-	-	-	-	17,72%	Azulay <i>et al.</i> , (2021)
R1b	-	-	-	-	-	-	-	-	39,4%	
AFR										
E1b1a	-	-	-	-	-	-	-	-	7,59%	Azulay <i>et al.</i> , (2021)

AMR		Resque <i>et al.</i> , (2016)
Q1a2-M3	1,2%	
EUR		Carvalho-Silva <i>et al.</i> , (2001)
Haplogrupo 1	65,3%	
Haplogrupo 2	18,4%	
R1b1a-S116*	31,4%	Resque <i>et al.</i> , (2016)
I-M170	11,5%	
AFR		Carvalho-Silva <i>et al.</i> , (2001)
Haplogrupo 8	4,1%	
E1b1a-M2	8,2%	Resque <i>et al.</i> , (2016)

Fonte: Elaborada pela autora, 2024.

Gráfico 4 – Frequência do Cromossomo Y para o Nordeste



Fonte: Elaborada pela autora, 2024.

5 DISCUSSÃO

A partir dos dados observados na literatura, observa-se que a ancestralidade materna do Nordeste apresenta a linhagem africana L3 como a mais presente, entre os estados de Pernambuco (18,8%), Alagoas (16,6%), Rio Grande do Norte (13,4%) e Piauí (13,2%), com exceção para o Ceará (9,6%) para L1 e L3. O haplogrupo europeu H é o de maior frequência em todos os estados como PE (20,3%), PB (19%), AL (10,7%), RN (9,1%). Já a ancestralidade nativa americana com o haplogrupo A, indicam as maiores frequências para o PI (23,6%), PB (14,1%), RN (13,4%) e o Haplogrupo B da Paraíba (19%) e Rio Grande do Norte (15,2%), o Ceará com haplogrupo C (21,2%).

Os dados supracitados acima refletem a presença de escravos do Centro-Ocidental e Sudeste da África, próximo a antigas colônias portuguesas, Angola, Moçambique e Congo (Rosa e Brehm, 2011; Soares et al., 2012; Joerin-Luque et al., 2022), onde é L3 é abundantemente distribuído. Isso corresponde ao pool materno de negros brasileiros no Rio de Janeiro (Rosa e Brehm, 2012), região que constituía um dos centros de distribuição de escravos (Frank, 2006), distribuídos pelo Brasil, entre elas a BA, PE e MA (Machado, 2012), que coincidiu com a análise de 18,8% em Pernambuco, no presente estudo. Observamos também que os haplogrupos L1 e L3, no CE, indica que o estado recebeu escravos do Centro-Ocidental e Sudeste, mas também pode ter recebido negros da região subsaariana, onde o L1 também é amplamente distribuído. A herança europeia foi correspondente em sua maior frequência com o haplogrupo H, em todos os estados, tendo o Nordeste com o segundo maior percentual do Brasil (Alves-Silva *et al.*, 2000; Schaan *et al.*, 2017). Esse haplogrupo é observado em grande parte da Europa como também no Oriente Próximo (Eurásia), em menor frequência, como também ao norte do Cáucaso (Richards *et al.*, 2000; Brotherton e Haak, 2013). Enquanto os haplogrupos da herança ameríndia, são originários os haplogrupos “pan-americanos” comuns (A2, B2, C1 e D1) presentes na América do Norte e Sul (Perego *et al.*, 2009).

Os resultados correspondentes a herança paternal, a linhagem ameríndia Q M3 em PE (12,5%) foi a maior frequência do Nordeste, já no RN foi encontrada em menor frequência (1,9%) (Schaan *et al.*, 2020) e a linhagem Q no MA (2,8%) (Azualy *et al.*, 2021), o RN com Q-M242 (2,8%), e PI (1,7%) (Schaan *et al.*, 2020), em AL encontrou Q1a3a*-M3 (3%) (Assis *et al.*, 2011; Schaan *et al.*, 2020). O haplogrupo europeu com a maior frequência é o R1b-S116*, com as frequências de AL e SE (50%), PI (49,2%), PB (40%), RN (37,7%) e CE (36,6%) (Schaan *et al.*, 2020). Na BA a frequência maior foi o J2-M172 (33,3%) (Schaan *et al.*, 2020). O haplogrupo africano E1b1a-M154 foi o mais frequente entre os estados, com Bahia (16,7%), Paraíba (6,7%) e Piauí (1,7%). Assim como o haplogrupo E1b1b-M78 com a o Ceará (7,3%), Paraíba (6,7%), Rio Grande do Norte (1,9%) e Piauí (1,7%) (Schaan *et al.*, 2020). O haplogrupo E1b1a-M2 foi encontrado na frequência de 8,2% para o Nordeste (Resque *et al.*, 2016).

Dados esses que revela quase nenhuma linhagem de nativos americanos, os dados encontrados são do haplogrupos Q, esse haplogrupo é o único ramo da filogenia Y em ameríndios modernos da América Central e do Sul, Q1a3a1a-M3* que inclui Q1a3a*-M3 provavelmente foi protagonista de uma migração rápida que originou um padrão uniforme de distribuição ao longo do continente americano. Embora M3 provavelmente tenha surgido na Beríngia, os representantes atuais do nordeste asiático poderiam representar melhor o resultado de uma migração reversa em vez de serem descendentes diretos de M3 Beríngia. A presença de indivíduos M3 em alguns grupos do Extremo Oriente Asiático também pode ser devido a contatos recentes (fluxos gênicos) com nativos americanos modernos do Norte (Battaglia *et al.*, 2013). O R1b-S116 tem maior prevalência na Península Ibérica (Resque *et al.*, 2016; Schaan *et al.*, 2020), aos africanos E1b1a-M154 e E1b1a-M2, da África Ocidental. Isso corrobora que existe uma forte influência europeia em decorrência da colonização dos territórios e o acasalamento do homem europeu com a mulher ameríndia (Freyre, 1933; Ribeiro 1995), e africana assim como a ancestralidade africana, com a presença dos escravos, vistos nas plantações de cana-de-açúcar (Freyre, 1933; Ribeiro 1995).

Em relação aos haplogrupos associados a doenças genéticas raras, foi identificado a Mucopolissacaridose IV (MPS IV) na Paraíba com pacientes com o haplogrupo materno europeu HV0 (35,3%), o ameríndio B4 (23,5%) e africanos L3e1a, L3e1d e L3f1b1a1 (5,8%) (Santos-Lopes *et al.*, 2021). Enquanto para a Diabetes Tipo 1 foi identificada para o Nordeste (dados adicionados com Norte, que apresentou baixo número de pacientes) principalmente com L3 (20,18%), haplogrupo nativo americano C (19,27%), com a linhagem C1b (7,32%) sobre o nordeste e o haplogrupo europeu U (4,59%) (Ferreira *et al.*, 2024).

O haplogrupo HV0 é mais presente no Norte da Península Ibérica e na França (Garcia *et al.*, 2010; Santos-Lopes *et al.*, 2021). As linhagens africanas L3e1a, L3e1d e L3f1b1a1 são provenientes da África Central e Ocidental, a partir do haplogrupo L3, como já foi citado. A respeito da ancestralidade paterna para MPS IV, o haplogrupo R1b é encontrado em alta frequência na Europa Ocidental (Resque *et al.*, 2016; Santos-Lopes *et al.*, 2021), assim como na Europa Central (Santos *et al.*, 2021). O marcador YAP, define o haplogrupo DE, encontrado na África Subsaariana (Hammer *et al.*, 1998; Santos *et al.*, 2021). A ancestralidade paterna, mostram que no MA, a DT1 é detectada no haplogrupo ameríndio Q (2,8%), o europeu R1b (39,4%) e E1b1b (17,72%) que também corresponde a ancestralidade africana, que aparece com a mesma frequência e ao haplogrupo africano E1b1a (9,79%) (Azualy *et al.*, 2022)

Esses dados a respeito da MPS IVA (Santos *et al.*, 2021) e DT1 (Azualy *et al.*, 2022; Ferreira *et al.*, 2024) mostram a presença de efeito fundador, em decorrência da interiorização regional dos colonizadores (Ribeiro, 1995), facilitando os casamentos consanguíneos (Santos *et al.*, 2021). A ocorrência desses casamentos entre indivíduos relacionados, ou seja, entre parentes, estabelecidas principalmente quando seus descendentes sejam de uma mesma linhagem fundadora.

6 CONCLUSÃO

A ancestralidade mitocondrial relatada para os haplogrupos ameríndio A, o europeu H e o africano L3 são os mais frequentes no nordeste brasileiro, constituindo uma descendência da Europa, provavelmente do Oriente Próximo e do Centro-Ocidental e Sudeste da África e nativos. Enquanto para o cromossomo Y, os haplogrupos que mais aparecem foram o europeu R1b-S116, o africano E1b1a-M154 e o ameríndio Q M3, corroborando com uma descendência especialmente da Península Ibérica, da África Ocidental e de poucos nativos.

REFERÊNCIAS

- ALVES, L. U. *et al.* Santos syndrome is caused by mutation in the WNT7A gene. **Journal of human genetics**, v. 62, n. 12, p. 1073–1078, 2017.
- ALVES-SILVA, J. *et al.* The ancestry of Brazilian mtDNA lineages. **The American Journal of Human Genetics**, v. 67, n. 2, p. 444–461, 2000.
- AMORIM, A.; FERNANDES, T.; TAVEIRA, N. Mitochondrial DNA in human identification: a review. **PeerJ**, v. 7, n. e7314, p. e7314, 2019.

ANDERSON, S. et al. Sequence and organization of the human mitochondrial genome. **Nature**, v. 290, n. 5806, p. 457–465, 1981.

ARIAS, L. et al. **High resolution mitochondrial DNA analysis sheds light on human diversity, cultural interactions and population mobility in northwestern Amazonia.** 2017. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1101/160218>>.

ASSIS, A. M. L. et al. Hierarchical analysis of 15 Y-chromosome SNPs and demographic history of Afro-derived isolated communities in Alagoas, Brazil. **Forensic science international. Genetics supplement series**, v. 3, n. 1, p. e172–e173, 2011.

ASSIS, A. L. DE. **Análise hierárquica de marcadores bialélicos do Cromossomo Y e demografia histórica de populações quilombolas de Alagoas, Brasil.** 2019. 97 f. Dissertação (Mestrado em Ciências da Saúde) – Instituto de Ciências Biológicas e da Saúde, Programa de Pós Graduação em Ciências da Saúde, Universidade Federal de Alagoas, Maceió, 2011. Disponível em: <http://www.repositorio.ufal.br/jspui/handle/riufal/5829>. Acesso em: 10 out. 2024

AZEVEDO, D. A. et al. Analysis of Y chromosome SNPs in Alagoas, Northeastern Brazil. **Forensic science international. Genetics supplement series**, v. 2, n. 1, p. 421–422, 2009.

AZULAY, R. S. DE S. et al. Genetic ancestry inferred from autosomal and Y chromosome markers and HLA genotypes in Type 1 Diabetes from an admixed Brazilian population. **Scientific reports**, v. 11, n. 1, p. 14157, 2021.

BANDELT, H.-J. et al. Phylogeography of the human mitochondrial haplogroup L3e: a snapshot of African prehistory and Atlantic slave trade. **Annals of human genetics**, v. 65, n. 6, p. 549–563, 2001.

BARCELOS, R. et al. Male contribution in the constitution of the Brazilian Centro-Oeste population estimated by Y-chromosome binary markers. **International congress series. Excerpta Medica**, v. 1288, p. 228–230, 2006.

BARCELOS, R. da S. S. **Contribuição genética de duas populações urbanas da região Centro-oeste brasileira estimada por marcadores uniparentais.** 2006. 150 f. Tese (Doutorado em Biologia Animal)-Universidade de Brasília, Brasília, 2006. Disponível em: <http://repositorio.unb.br/handle/10482/5581>. Acesso em: 11 out. 2024.

BARBIERI, C. et al. The current genomic landscape of western south America: Andes, Amazonia, and Pacific Coast. **Molecular biology and evolution**, v. 36, n. 12, p. 2698–2713, 2019.

BATTAGLIA, V. et al. The first peopling of South America: new evidence from Y-chromosome haplogroup Q. **PLoS one**, v. 8, n. 8, p. e71390, 2013.

BIESECKER, L. G. **Haplotype.** Disponível em: <https://www.genome.gov/genetics-glossary/haplotype>. Acesso em: 18 jul. 2024.

- BIRKY, C. W., Jr. The inheritance of genes in mitochondria and chloroplasts: laws, mechanisms, and models. **Annual review of genetics**, v. 35, n. 1, p. 125–148, 2001.
- BROTHERTON, P. et al. Neolithic mitochondrial haplogroup H genomes and the genetic origins of Europeans. **Nature communications**, v. 4, p. 1764, 2013.
- BRADLEY, B.; STANFORD, D. The North Atlantic ice-edge corridor: A possible Palaeolithic route to the New World. **World archaeology**, v. 36, n. 4, p. 459–478, 2004.
- BUDOWLE, B. et al. Mitochondrial DNA regions HVI and HVII population data. **Forensic science international**, v. 103, n. 1, p. 23–35, 1999.
- BUTLER, J. M. Recent advances in forensic biology and forensic DNA typing: INTERPOL review 2019-2022. **Forensic science international. Synergy**, v. 6, n. 100311, p. 100311, 2023.
- BUTLER, J. M. **Advanced topics in forensic DNA typing: Methodology**. San Diego, CA, USA: Academic Press, 2012.
- CALLEGARI-JACQUES, S. M. et al. Historical genetics: spatiotemporal analysis of the formation of the Brazilian population. **American journal of human biology: the official journal of the Human Biology Council**, v. 15, n. 6, p. 824–834, 2003.
- CARDENA, M. M. S. G. et al. Mitochondrial and genomic ancestry are associated with etiology of heart failure in Brazilian patients. **Journal of human hypertension**, v. 30, n. 2, p. 120–123, 2016.
- CARDENA, M. M. S. G. et al. Assessment of the relationship between self-declared ethnicity, mitochondrial haplogroups and genomic ancestry in Brazilian individuals. **PloS one**, v. 8, n. 4, p. e62005, 2013.
- CARDOSO, G. C. et al. Analysis of eight mtDNA coding region polymorphisms for characterization of the female lineages ancestry in Alagoas, Brazil. **Forensic science international. Genetics supplement series**, v. 4, n. 1, p. e131–e132, 2013.
- CARVALHO, M. G. et al. HLA-A, HLA-B and HLA-DRB1 haplotype frequencies in Piauí's volunteer bone marrow donors enrolled at the Brazilian registry. **Human immunology**, v. 74, n. 12, p. 1598–1602, 2013.
- CARVALHO, M. et al. Analysis of paternal lineages in Brazilian and African populations. **Genetics and molecular biology**, v. 33, n. 3, p. 422–427, 2010.
- CARVALHO-SILVA, D. R. et al. The phylogeography of Brazilian Y-chromosome lineages. **The American Journal of Human Genetics**, v. 68, n. 1, p. 281–286, 2001.

CASTRO, R. N.; DE, C. As representações indígenas no processo de colonização do Brasil. **Revista Eletrônica História Em Reflexão**, v. 6, n. 11, 2012.

CASTRO-ANTUNES, M. M. et al. Fequency distribution of HLA DQ2 and DQ8 in celiac patients and first-degree relatives in Recife, northeastern Brazil. **Clinics (Sao Paulo, Brazil)**, v. 66, n. 2, p. 227–231, 2011.

CHAKRAVARTI, A. Kinship: Race relations. **Nature**, v. 457, n. 7228, p. 380–381, 2009.

CHINNERY, P. F.; HUDSON, G. Mitochondrial genetics. **British medical bulletin**, v. 106, n. 1, p. 135–159, 2013.

DOS SANTOS-LOPES, S. S. et al. Demographic, clinical, and ancestry characterization of a large cluster of mucopolysaccharidosis IV A in the Brazilian Northeast region. **American journal of medical genetics. Part A**, v. 185, n. 10, p. 2929–2940, 2021.

ELLEGREN, H. Microsatellites: simple sequences with complex evolution. **Nature reviews. Genetics**, v. 5, n. 6, p. 435–445, 2004.

ELIAS, A. B. R. et al. Distribution and linkage disequilibrium of the enhancer SNP rs5758550 among Latin American populations: influence of continental ancestry: Influence of continental ancestry. **Pharmacogenetics and genomics**, v. 30, n. 4, p. 67–72, 2020.

FERREIRA, L. L. et al. A pilot study of mitochondrial genomic ancestry in admixed Brazilian patients with type 1 diabetes. **Diabetology & metabolic syndrome**, v. 16, n. 1, p. 130, 2024.

FRANK, Z. Padrões de riqueza no Sudeste do Brasil, 1815-1860. **História econômica & história de empresas**, v. 9, n. 2, 2012.

FREYRE, G. **Nordeste**. São Paulo: Global Editora e Distribuidora Ltda., 2013.

FREYRE, G. **Casa - Grande & senzala**. [s.l.] Association Archives Litterature Latinoamericaine, 2003.

FRIDMAN, C. et al. Haplotype diversity in mitochondrial DNA hypervariable region in a population of southeastern Brazil. **International journal of legal medicine**, v. 128, n. 4, p. 589–593, 2014.

GARCÍA, O. et al. Using mitochondrial DNA to test the hypothesis of a European post-glacial human recolonization from the Franco-Cantabrian refuge. **Heredity**, v. 106, n. 1, p. 37–45, 2011.

GONTIJO, C. C. et al. Ancestry analysis in rural Brazilian populations of African descent. **Forensic science international. Genetics**, v. 36, p. 160–166, 2018.

GRIFFITHS, A. J. F. et al. **Introduction to genetic analysis**. 12. ed. New York: macmilan learnind, 2020.

- HERMIDA, Rose Maria Saraiva Magalhães. **Estudo de ancestralidade através de marcadores genéticos uniparentais**. 2013. 149 f. Dissertação (Mestrado em Biociências Nucleares; Ecologia) - Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2013. Disponível em: <http://www.bdtd.uerj.br/handle/1/16251>. Acesso em: 27 nov. 2024
- HOFFMANN, A.; SPENGLER, D. The mitochondrion as potential interface in early-life stress brain programming. **Frontiers in behavioral neuroscience**, v. 12, p. 306, 2018.
- HAMMER, M. F. et al. Out of Africa and back again: nested cladistic analysis of human Y chromosome variation. **Molecular biology and evolution**, v. 15, n. 4, p. 427–441, 1998.
- HOMBURGER, J. R. et al. Genomic insights into the ancestry and demographic history of south America. **PLoS genetics**, v. 11, n. 12, p. e1005602, 2015.
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Brasil : 500 anos de povoamento / IBGE, Centro de Documentação e Disseminação de Informações**. Rio de Janeiro: IBGE, 2007. Disponível em: <https://biblioteca.ibge.gov.br/index.php/biblioteca-catalogo?view=detalhes&id=26687>. Acesso em: 3 ago. 2024.
- JOBLING, M. A.; TYLER-SMITH, C. The human Y chromosome: an evolutionary marker comes of age. **Nature reviews. Genetics**, v. 4, n. 8, p. 598–612, 2003.
- JOBLING, M. A.; TYLER-SMITH, C. Human Y-chromosome variation in the genome-sequencing era. **Nature reviews. Genetics**, v. 18, n. 8, p. 485–497, 2017.
- JOERIN-LUQUE, I. A. et al. Uniparental markers reveal new insights on subcontinental ancestry and sex-biased admixture in Brazil. **Molecular genetics and genomics: MGG**, v. 297, n. 2, p. 419–435, 2022.
- KAYSER, M. et al. A comprehensive survey of human Y-chromosomal microsatellites. **The American Journal of Human Genetics**, v. 74, n. 6, p. 1183–1197, 2004.
- KERCHNER'S, Charles. YDNA Haplogroup Descriptions & Information Links. 2006. Disponível em: <http://www.kerchner.com/haplogroups-ydna>. Acesso em: 2 ago. 2024a.
- KERCHNER'S, Charles. MtDNA Haplogroup Descriptions & Information Links. 2006. Disponível em: <http://kerchner.com/haplogroups-mtdna>. Acesso em: 3 ago. 2024b.
- KIVISILD, T. Maternal ancestry and population history from whole mitochondrial genomes. **Investigative genetics**, v. 6, n. 1, p. 3, 2015.
- KIMURA, Lilian et al. Ancestralidade: genética, herança e identidade. **Genética na Escola**, v. 17, n. 1, p. 41-52, 2022.

LINS, T. C. et al. Population analysis of vitamin D receptor polymorphisms and the role of genetic ancestry in an admixed population. **Genetics and molecular biology**, v. 34, n. 3, p. 377–385, 2011.

MATHIESON, I.; SCALLY, A. What is ancestry? **PLoS genetics**, v. 16, n. 3, p. e1008624, 2020.

MARSHALL, C.; PARSON, W. Interpreting NUMTs in forensic genetics: Seeing the forest for the trees. **Forensic science international. Genetics**, v. 53, n. 102497, p. 102497, 2021.

MARTIN, E. R. et al. Properties of global- and local-ancestry adjustments in genetic association tests in admixed populations. **Genetic epidemiology**, v. 42, n. 2, p. 214–229, 2018.

MITCHELL, S. L. et al. Characterization of mitochondrial haplogroups in a large population-based sample from the United States. **Human genetics**, v. 133, n. 7, p. 861–868, 2014.

MYCHALECKYJ, J. C. et al. Genome-wide analysis in Brazilians reveals highly differentiated native American genome regions. **Molecular biology and evolution**, p. msw249, 2017.

NAVARRO-LÓPEZ, B. et al. Phylogeographic review of Y chromosome haplogroups in Europe. **International journal of legal medicine**, v. 135, n. 5, p. 1675–1684, 2021.

ONGARO, L. et al. The genomic impact of European colonization of the Americas. **Current biology: CB**, v. 29, n. 23, p. 3974- 3986.e4, 2019.

O'ROURKE, D. H.; RAFF, J. A. The human genetic history of the Americas: the final frontier. **Current biology: CB**, v. 20, n. 4, p. R202-7, 2010.

PAKENDORF, B.; STONEKING, M. Mitochondrial DNA and human evolution. **Annual review of genomics and human genetics**, v. 6, n. 1, p. 165–183, 2005.

PARRA, F. C. et al. Color and genomic ancestry in Brazilians. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 100, n. 1, p. 177–182, 2003.

PAYNE, B. A. I. et al. Universal heteroplasmy of human mitochondrial DNA. **Human molecular genetics**, v. 22, n. 2, p. 384–390, 2013.

PENA, S. D. J. et al. DNA tests probe the genomic ancestry of Brazilians. **Brazilian Journal of Medical and Biological Research**, v. 42, n. 10, p. 870–876, 2009.

PENA, S. D. J. et al. The genomic ancestry of individuals from different geographical regions of Brazil is more uniform than expected. **PloS one**, v. 6, n. 2, p. e17063, 2011.

- PEDROSA, Maria Angélica Floriano. **Composição genética de quatro populações remanescentes de quilombos do Brasil com base em microssatélites e marcadores de ancestralidade**. 2006. 129 f., il. Dissertação (Mestrado em Biologia Molecular)-Universidade de Brasília, Departamento de Biologia Molecular, Brasília, 2006. Disponível em: http://www.realp.unb.br/jspui/handle/10482/3294?locale=pt_BR. Acesso em: 12 jul. 2024
- PEREIRA, V. et al. Evaluation of the Precision ID Ancestry Panel for crime case work: A SNP typing assay developed for typing of 165 ancestral informative markers. **Forensic science international. Genetics**, v. 28, p. 138–145, 2017.
- PEREIRA, V. et al. Evaluation of the precision of ancestry inferences in south American admixed populations. **Frontiers in genetics**, v. 11, 2020.
- PONTES, M. Lurdes et al. SNP markers as additional information to resolve complex kinship cases. **Transfusion Medicine and Hemotherapy**, v. 42, n. 6, p. 385-388, 2015.
- RADIN, J. C.; VALENTINI, D.; ZART, P. A. **História da Fronteira Sul**. Chapecó: EDITORA UFFS, 2016.
- RESQUE, R. et al. Male lineages in Brazil: Intercontinental admixture and stratification of the European background. **PloS one**, v. 11, n. 4, p. e0152573, 2016.
- RICHARDS, M. et al. Tracing European founder lineages in the near eastern mtDNA pool. **The American Journal of Human Genetics**, v. 67, n. 5, p. 1251–1276, 2000.
- ROSA, A.; BREHEM, A. African human mtDNA phylogeography at-a-glance. **Rivista di antropologia [Journal of anthropological sciences]**, v. 89, p. 25–58, 2011.
- ROSENBERG, N. A. et al. Informativeness of genetic markers for inference of ancestry. **The American Journal of Human Genetics**, v. 73, n. 6, p. 1402–1422, 2003.
- ROTHHAMMER, F.; DILLEHAY, T. D. The late Pleistocene colonization of South America: an interdisciplinary perspective. **Annals of human genetics**, v. 73, n. Pt 5, p. 540–549, 2009.
- ROYAL C. D. et al. Inferring genetic ancestry: Opportunities, challenges, and implications. **The American Journal of Human Genetics**, v. 86, n. 5, p. 661–673, 2010.
- SACHIDANANDAM, R. et al. A map of human genome sequence variation containing 1.42 million single nucleotide polymorphisms. **Nature**, v. 409, n. 6822, p. 928–933, 2001.
- SANS, M. Admixture studies in Latin America: from the 20th to the 21st century. **Human biology**, v. 72, n. 1, p. 155–177, 2000.

SANTANGELO, R. et al. Analysis of ancestry informative markers in three main ethnic groups from Ecuador supports a trihybrid origin of Ecuadorians. **Forensic science international. Genetics**, v. 31, p. 29–33, 2017.

SANTOS, N. B. P. D. et al. Allele frequencies and forensic data of 25 STR markers for individuals in northeast Brazil. **Genes**, v. 14, n. 6, 2023.

SANTOS, S. M. et al. Distribution of forensic marker allelic frequencies in Pernambuco, Northeastern Brazil. **Genetics and molecular research: GMR**, v. 14, n. 2, p. 4303–4310, 2015.

SANTOS, M. V. et al. Y-chromosome DNA haplotypes in human samples from Bahia, Brazil. **International congress series. Excerpta Medica**, v. 1239, p. 443–448, 2003.

SANTOS, S. A. Historical roots of the “whitening” of Brazil. **Latin American perspectives**, v. 29, n. 1, p. 61–82, 2002.

SANTOS, F. R.; BIANCHI, N. O.; PENA, S. D. Worldwide distribution of human Y-chromosome haplotypes. **Genome research**, v. 6, n. 7, p. 601–611, 1996.

SANTOS, F. R.; TYLER-SMITH, C. Reading the human Y chromosome: the emerging DNA markers and human genetic history. **Revista brasileira de genetica**, v. 19, n. 4, p. 665–670, 1996.

SCHAAN, A. P. et al. New insights on intercontinental origins of paternal lineages in Northeast Brazil. **BMC evolutionary biology**, v. 20, n. 1, p. 15, 2020.

SCHAAN, A. P. et al. mtDNA structure: the women who formed the Brazilian Northeast. **BMC evolutionary biology**, v. 17, n. 1, p. 185, 2017.

SCHLEGEL, P. N. The Y chromosome. **Reproductive biomedicine online**, v. 5, n. 1, p. 22–25, 2002.

SHRIVER, M. D. et al. Skin pigmentation, biogeographical ancestry and admixture mapping. **Human genetics**, v. 112, n. 4, p. 387–399, 2003.

SHRIVER, M. D.; KITTLES, R. A. Genetic ancestry and the search for personalized genetic histories. **Nature reviews. Genetics**, v. 5, n. 8, p. 611–618, 2004.

SOUZA, A. M. DE et al. A systematic scoping review of the genetic ancestry of the Brazilian population. **Genetics and molecular biology**, v. 42, n. 3, p. 495–508, 2019.

TARAZONA SANTOS, E. et al. BRASIL E A IDIOSSINCRASIA DA MISCIGENAÇÃO. **Revista da Universidade Federal de Minas Gerais**, v. 22, n. 1.2, 2016.

VICENTINO, C.; DORIGO, G. **História Geral e do Brasil**. 2. ed. São Paulo: Scipione, 2013. v.

WALLACE, D. C. Bioenergetics in human evolution and disease: implications for the origins of biological complexity and the missing genetic variation of common diseases. **Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences**, v. 368, n. 1622, p. 20120267, 2013.

WILLEMS, T. et al. Population-scale sequencing data enable precise estimates of Y-STR mutation rates. **The American Journal of Human Genetics**, v. 98, n. 5, p. 919–933, 2016.

Y CHROMOSOME CONSORTIUM. A nomenclature system for the tree of human Y-chromosomal binary haplogroups. **Genome research**, v. 12, n. 2, p. 339–348, 2002.

YANG, N. et al. Examination of ancestry and ethnic affiliation using highly informative diallelic DNA markers: application to diverse and admixed populations and implications for clinical epidemiology and forensic medicine. **Human genetics**, v. 118, n. 3–4, p. 382–392, 2005.

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, por me permitir chegar até aqui, com sua força e seu amor na minha vida. A minha família por apoiar a minha jornada e acreditando em mim, quando eu mesmo não acreditei. Pai e mãe, não posso expressar o amor que sinto por vocês aqui. Sem vocês, Alexandre (Xande) e Julia, eu não chegaria até aqui, agradeço o amor e o carinho de vocês, nos momentos bons e difíceis. A minha mãe, por sempre estar disponível para me escutar e ao amor que sempre me confortou em todos os momentos. A minha tia materna, Lela, que sempre demonstrou seu amor e carinho, tenho a senhora como minha segunda mãe.

Ao meu eterno avô paterno, Inácio (Gago), existe momentos que lembro do senhor e eu gostaria de ter o senhor aqui, nesse momento. Ao meu avô materno, Francisco (Bachô), mesmo não estando próximo, saber que o senhor está bem, me faz sentir tranquila e confortável para persistir nos meus sonhos.

Ao eterno grupo da Prata, ao grupo “9 pessoas e 1 Smurf” por ser um refúgio das preocupações, por compartilhar risos e ideias de alcançar o mundo, eu simplesmente amo vocês e quero ter vocês pelo resto da vida. Ao professor Mathias Weller, pois ele me deu a oportunidade de adentrar cada vez mais nesse mundo espetacular que é a Genética, ao ter me aceitado em seu laboratório. A Steffany, que no meu estágio simplesmente foi meu porto seguro, e pela amizade, pela paciência, companhia em momentos alegres e difíceis na universidade, eu espero que essa amizade se fortaleça e que dure para a vida. A Kedma, uma querida que a experiência no laboratório também me proporcionou.

A minha orientadora, Simone Lopes, ao carinho e gentileza, a senhora me deu a oportunidade de fazer parte do LGBM e fez com que me sentisse acolhida. Além de ser uma profissional espetacular, a senhora é uma pessoa incrível e que sempre irei admirar-la. Também tenho que agradecer pelos ensinamentos,

por despertar a minha curiosidade e paixão por áreas que eu jamais imaginaria amar. As técnicas, Andeilma e Silvana, só tenho a agradecer, por sempre estarem lá quando necessário e pelo companheirismo. Fico muito feliz que a Academia me proporcionou conhecer pessoas maravilhosas como vocês. Ao “Genética na Rede”, por proporcionar novos desafios, aprendizado, conhecimento e informações para o público, por fazer perceber que o prazer em demonstrar seu conhecimento vai muito além do que pensamos.

As minhas amigas que o curso trouxe, Daniela (Dani), Daniele (Dani) e Cris. Ambas compartilhamos momentos incríveis que o curso permitiu, assim como crises acadêmicas, aos momentos de descontração, espero levar a amizade para fora da universidade