



UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal

SABRINA GUIMARÃES PAIVA

**Fatores de risco para doenças cardiovasculares em
quilombos contemporâneos do Brasil Central:
parâmetros demográficos, socioeconômicos,
ancestralidade genética e saúde**

Brasília

2017



UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal

SABRINA GUIMARÃES PAIVA

**Fatores de risco para doenças cardiovasculares em
quilombos contemporâneos do Brasil Central:
parâmetros demográficos, socioeconômicos,
ancestralidade genética e saúde**

Tese apresentada ao programa de Pós-graduação em Biologia Animal do Instituto de Ciências Biológicas da Universidade de Brasília, como requisito parcial para obtenção do título de Doutor em Biologia Animal.

Linha de pesquisa: Genética de Populações e Evolução

Orientadora: Prof^a Dr^a Silviene Fabiana de Oliveira

Co-Orientadora: Prof^a Dr^a Maria de Nazaré Klautau Guimarães

Brasília

2017

Trabalho desenvolvido no Laboratório de Genética Humana da Universidade de Brasília (UnB), com colaboração do Laboratório de Genética Humana e Médica da Universidade Federal do Pará (UFPA) e Department of Anthropology , University of South Florida – USF, financiado pelos órgãos e programas Coordenadoria de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), Fundação de Amparo à Pesquisa do Distrito Federal (FAPDF), PROEXT (Ministério da Saúde), CAPES Programa Pró-doutoral e Programa de doutorado-sanduiche no exterior (PDSE).

APRESENTAÇÃO

Esta tese de doutorado é um desdobramento de um projeto maior intitulado "Quilombolas do Tocantins: composição genética, história demográfica e saúde", desenvolvido no Instituto de Ciências Biológicas da Universidade de Brasília com colaboração do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Tocantins. Tem contado com a colaboração de várias outras instituições, entre as quais se destacam as Associações comunitárias quilombolas, a Secretaria Municipal de Cavalcante-Goiás e sua equipe de Agentes Comunitários de Saúde, Laboratório de Genética da Faculdade de Medicina da Universidade de Brasília, Laboratório Sabin, Laboratório de Genética Humana e Médica da Universidade Federal do Pará e o Departamento de Antropologia da Universidade do Sul da Flórida.



Arte: José Roberto Cruz e Silva

*Ao meu avô **José Lino Guimarães** que faleceu uma semana antes da minha partida para o doutorado sanduíche nos Estados Unidos. Após uma luta de quase vinte anos contra a doença de Alzheimer, deixou saudades e bons exemplos para toda família.*

Dedico

AGRADECIMENTOS

A partir do momento que tomei a decisão de fazer o doutorado, cinco anos após a defesa de dissertação do mestrado em Ciências Farmacêuticas, sabia que o caminho seria mais difícil, porém desafiador. Outra cidade, outra universidade, outro grupo de pesquisadores, uma linha de pesquisa diferente, uma outra forma de trabalhar, enfim, sair da zona de conforto. Sinto-me privilegiada com todo o enriquecimento intelectual, cultural e pessoal que a execução desse trabalho me proporcionou. Foram muitos os colaboradores, tanto profissionais quanto pessoais. Espero não ter esquecido de ninguém.

À Professora Dra. Silviene Fabiana de Oliveira, minha orientadora, pelo profissionalismo, compreensão e inabalável confiança, incentivando-me a buscar o conhecimento com critério e metodologia. Agradeço pelo cuidado, generosidade, carinho e amizade em todas as etapas desse trabalho. Sua orientação me ensinou a ser mais confiante e menos ansiosa. Gratidão por me mostrar que é possível conciliar uma vida profissional com a leveza dos momentos em família e amigos.

À Professora Dra. Maria Nazaré Kautau Guimarães, minha co-orientadora, pelo profissionalismo e contribuição valiosa na minha formação. Obrigada pelo carinho e ensinamentos dispensados ao longo do nosso convívio e desenvolvimento deste trabalho, além de contar com sua paciência e generosidade nos momentos de dúvidas. Sem sua participação, nada teria acontecido, pois você abriu as portas do Laboratório de Genética e me apresentou a todos. Certamente seu apoio, retidão e organização foram peças fundamentais na consolidação de etapas-chave desse estudo.

À Professora Dra. Lorena Madrigal, minha co-orientadora durante o estágio sanduíche na Universidade do Sul da Flórida, pelo profissionalismo, enorme conhecimento, pontualidade, hospitalidade e dedicação às análises desse trabalho. Obrigada pelos ensinamentos em sala de aula, pela atenção constante durante todo o tempo que vivi em Tampa, pelas sugestões e carinho com o projeto. Sem dúvida, um exemplo profissional a ser seguido. Agradeço também ao Departamento de Antopologia da Universidade do Sul da Flórida por toda estrutura e recursos ofertados durante o desenvolvimento das análises do presente estudo.

À Prof. Dra. Concepta Margaret Mcmanus Pimentel (Connie), pela valiosa ajuda nas análises estatísticas da qualificação, disponibilidade e atenção, mostrando-me que estatística pode ser muito divertida quando se tem um amplo banco de dados.

À Prof. Dra. Maria Clotilde Henriques Tavares pela importante contribuição no delineamento metodológico do estudo durante sua disciplina de Metodologia Científica Experimental.

À Prof. Dra. Juliana Mazzeu, pelas sugestões, críticas e recursos disponibilizados em todos os momentos durante o desenvolvimento desse estudo. Além da colaboração técnico-científica, agradeço seu carinho e atenção constantes.

Ao Prof. Dr. Hilton Pereira da Silva, pelas sugestões, críticas, elogios e oportunidades ao longo do desenvolvimento desse trabalho. Obrigada por compartilhar seu conhecimento, pela participação na banca de qualificação e pelo carinho que recebi de seu grupo enquanto estive na Universidade Federal do Pará.

À Prof. Dra Regina Mingroni-Netto, pelas sugestões, críticas, elogios durante o exame de qualificação. Suas considerações foram fundamentais na consolidação do eixo do trabalho e todas as recomendações foram acatadas. Muito obrigada pela dedicação e direção dada ao presente estudo.

Ao professor Dr.Sidney Emanuel Batista dos Santos e sua equipe, do Laboratório de Genética Humana e Médica da Universidade Federal do Pará, pela recepção em Belém, pelas análises do Marcadores Informativos de Ancestralidade (AIM) e sugestões no desenvolvimento do presente trabalho. Também ao funcionário do Laboratório de Genética, UFPA, Marcos Antônio Trindade Amador que auxiliou na genotipagem das amostras, pelo seu tempo e paciência.

Ao professor Dr. Pedro Sadi Monteiro pela motivação e dicas nos primeiro plano do projeto e aos professores Dra. Maria Clorinda Soares Fioravanti (UFG), Dra. Tatiana Oliveira Novais (FIOCRUZ) e Ms. Gerson Alves de Oliveira (IFTO) por nos apresentar aos presidentes e membros das comunidades quilombolas do estudo.

Aos membros da banca examinadora pela disponibilidade em avaliar esse trabalho, assim contribuindo para meu crescimento acadêmico e profissional.

Às comunidades quilombolas que contribuíram voluntariamente com este estudo e aos presidentes das Associações das Comunidades Quilombolas que me acompanharam no levantamento dos participantes e questionários, mobilizaram toda a comunidade, doando todo seu tempo e paciência para o trabalho.

Ao Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal e à Universidade de Brasília, juntamente com os professores e funcionários, pela contribuição na minha formação profissional e atenção em todos os momentos solicitados.

Ao Instituto Federal do Tocantins, pela sensibilidade, incentivo, apoio, mobilizando transporte, equipe e recursos materiais na execução deste trabalho. Agradeço todos dias por fazer parte de uma instituição que me incentiva a crescer e acredita no meu trabalho.

Aos professores e amigos do IFTO, pelo encorajamento e dicas que recebi ao longo desses anos, desde a torcida pelo afastamento para capacitação até finalização do projeto, dando todo apoio para enfrentar uma pesquisa dessa dimensão (meu primeiro trabalho de campo). Em especial, agradeço aos colaboradores do IFTO do campus Araguaína que estiveram presentes no campo juntamente com seus alunos. Agradeço ao professor José Roberto Cruz e Silva pela atenção e cuidado na elaboração da arte do projeto. Também agradeço aos motoristas do IFTO pela competência e alegria durante as viagens de campo.

Ao Laboratório Sabin pela colaboração na realização de todas as análises clínico-laboratoriais, com profissionalismo e pontualidade. Agradeço em especial ao Núcleo de Apoio em Pesquisa, representados por Paula Maestri e Simone Lima, que com imensa dedicação solucionavam todas as dúvidas.

À Secretaria Municipal de Saúde do município de Cavalcante, colaborando com a participação dos agentes de saúde, técnicos de enfermagem, enfermeiras e médicos no presente trabalho.

À médica hematologista/hemoterapeuta Geórgia Maria A. de Paula Lopes, do Hemocentro Regional de Araguaína, pela participação na elaboração e aplicação do questionário, coleta de dados e orientação dos sujeitos de pesquisa após recebimento dos exames. Obrigada pelo seu empenho e amizade.

Aos órgãos de financiamento, CAPES, CNPq, FAPDF, Programa de Extensão Universitária (Proext)/Ministério da Saúde, Programa Pró-doutoral (CAPES).

Às queridas meninas mais que hospitaleiras, amigas Ana Flávia Morais, Eva Pereira Costa, Cristina Sousa da Silva, Rejane Marinho de Sousa, Rejane Benício Queiroz e Rosa Maria Machado Sena. Obrigada pela morada e carinho durante as coletas nas comunidades quilombolas tocantinenses, além de me sentir em casa, as discussões sobre o projeto foram valiosas.

Aos colegas e amigos do Laboratório de Genética Humana ao longo desses quatro anos, Mariana Marzullo, Camila Xavier, Raphael Bonadio, Harumy Sakata, Ana Paula Oliveira, Brisa Goulart, Roberta Simão, Diego Baldez, Ana Carolina Arcanjo, Carolina Gontijo, Diana Brandão, Tatiana Resende, Gabriela Andrade, Glauber Tiago Marques, Fabíola Turiel, Yasmim Soares e Larissa Nunes. Agradeço também à Flávia Soares do Laboratório de Biodiversidade pela sua torcida constante. Um agradecimento especial para aqueles que participaram no campo, na força-tarefa da extração de DNA e no café da tarde servido com bolos da "Fábrica de Bolos".

Aos colegas e amigos do Laboratório de Genética da Faculdade de Ciências da Saúde, obrigada pela disponibilidade em ajudar, carinho e ensinamentos, Aluísio Xavier, Marcella Motta, Pollyanna Almeida, Pedro Guilherme Rodrigues e Dra Íris Ferrari.

Um agradecimento especial à Rafaela Toledo, pela contribuição generosa em importantes etapas deste trabalho. Obrigada pelos inúmeros conhecimentos compartilhados, pelos valiosos conselhos, pelo apoio e amizade.

Ao meu querido aluno de Iniciação Científica, Matheus de Castro Nóbrega, pela ajuda em etapas fundamentais do trabalho. Obrigada pela sua dedicação exemplar a este projeto.

Aos meus grandes amigos e família de Brasília que me receberam com todo carinho, vibrando com cada conquista e também enxugando as minhas lágrimas, Isabel Santos (Belinha), Eva Santos, Paulo Matos, Maria e Valdemar Matos, Mônica Rebouças, Irenilda Silva, Daniele Pimenta e Geysi de Lima.

Aos meus novos e grandes amigos da Universidade do Sul da Flórida e da escola de inglês da First Baptist Church Temple Terrace. O conforto emocional e social que tive certamente foram os fatores mais relevantes para minha adaptação. Um agradecimento especial para Linda Clark "Mom", Caetlin Dempsey, Christopher Kralis, Elaine Kralis, Mecca Burris, Nicole Falk-Smith e Anna Rivara.

Ao meu noivo Augusto Freitas Rodrigues-Chaves, por ser sempre uma amável surpresa na minha vida, dando-me amor e apoio em todas as situações. Agradeço imensamente por toda atenção e compreensão. À minha família: meus pais, Geraldo Paiva Filho e Gaudência Guimarães Paiva, que sempre me apoiaram incondicionalmente nas minhas decisões incentivando-me a alcançar com humildade e amor os meus objetivos. Muito obrigada pela educação, pela estrutura familiar e por sempre priorizarem nossos estudos, meus e do meu irmão; ao meu irmão Rodrigo Guimarães Paiva e minha cunhada Ana Cláudia Milhomens Paiva, pelo companheirismo, otimismo, tranquilidade e carinho, sempre dispensados nas situações em que minha ansiedade transbordava.

E por último, porém acima de tudo, a Deus. Dando-me força, paciência e capacidade para compreender e continuar sempre.

Tocando em frente (Almir Sater/ Renato Teixeira)

*Ando devagar porque já tive pressa
E levo esse sorriso porque já chorei demais...*

*Hoje me sinto mais forte
Mais feliz quem sabe?
Eu só levo a certeza do que muito pouco sei...
Ou nada sei...*

*Conhecer as manhas e as manhãs...
O sabor das massas e das maçãs...
É preciso amor pra poder pulsar...
É preciso paz pra poder sorrir...
É preciso a chuva para florir...*

*Penso que cumprir a vida seja simplesmente
Compreender a marcha e ir tocando em frente...
Como um velho boiadeiro levando a boiada
Eu vou tocando os dias pela longa estrada
Eu vou...estrada eu sou...*

*Conhecer as manhas e as manhãs...
O sabor das massas e das maçãs...
É preciso amor pra poder pulsar...
É preciso paz pra poder sorrir...
É preciso a chuva para florir...*

*Todo o mundo ama um dia...todo o mundo chora..
Um dia a gente chega..o outro vai embora..
Cada um de nos compõe a sua história..
E cada ser em si carrega o dom de ser capaz de ser feliz....*

*Conhecer as manhas e as manhãs...
O sabor das massas e das maçãs...
É preciso amor pra poder pulsar...
É preciso paz pra poder sorrir...
É preciso a chuva para florir...*

*Ando devagar porque já tive pressa
E levo esse sorriso porque ja chorei demais...
Cada um de nos compõe a sua história...
E cada ser em si carrega o dom de ser capaz...de ser feliz...*

RESUMO

O componente étnico-racial e a ancestralidade genética nas pesquisas em saúde estão entre os temas mais debatidos na ciência, principalmente quando associados a populações miscigenadas. Grande parte dos estudos que buscam investigar a influência da ancestralidade genética na saúde são conduzidos em populações norte-americanas e tem mostrado uma maior prevalência de doenças cardiovasculares em indivíduos afrodescendentes. Durante o período de escravidão no Brasil, diversos tipos de resistência foram observados entre os escravizados, sendo o mais comum a fuga e o refugio em regiões de difícil acesso. Desse processo, foram formadas comunidades chamadas quilombos, parte delas semi-isoladas, outras localizadas em área rural de difícil acesso ou já inseridas em áreas urbanas. Como consequência do processo histórico, essas comunidades frequentemente tem acesso limitado a serviços de saúde e, potencialmente, maior prevalência de doenças com relação a populações com maior acesso a saúde. Sendo as comunidades quilombolas reconhecidamente afrodescendentes, buscamos investigar a relação entre a ancestralidade genética e a ocorrência de fatores de risco para doenças cardiovasculares em três quilombos do Brasil Central com diferentes níveis de urbanização. Para isso, estruturamos o estudo em cinco capítulos. No primeiro foi apresentada a composição do banco de dados e amostras biológicas referentes a três quilombos com diferentes níveis de urbanização: um urbano, um rural semi-isolado e um rural não-isolado. No segundo discutimos o conceito ampliado de quilombo por meio da investigação da proporção de migrantes, estrutura de casamentos e literatura, verificando que o conceito quilombo contemporâneo acomoda a diversidade de histórias de formação dessas comunidades no país. No terceiro estimamos a ancestralidade genética individual e populacional nessas comunidades por meio de marcadores genéticos do tipo Inserção-Deleção (INDEL). Os resultados apontaram contribuições heterogêneas dos componentes africano, europeu e ameríndio, em consonância com a diversidade genética da população brasileira. Foi verificada também a associação entre a autotaxonomia fenotípica negra e estimativas de ancestralidade genética africana nas comunidades rurais, mas não na comunidade urbana, o que revela a possível influência do contexto sociocultural e político no processo de identidade étnico-racial. No quarto, a partir de um estudo epidemiológico descritivo, utilizando parâmetros socioeconômicos, antropométricos e bioquímicos, observou-se que um processo de transição epidemiológica está ocorrendo nessas comunidades, sendo a prevalência de doenças cardiovasculares mais elevada nas comunidades urbana e rural não-isolada do que na rural semi-isolada. Além disso, as mulheres na comunidade rural semi-isolada apresentaram maior prevalência de hipertensão, obesidade e diabetes do que os homens. Finalmente, no capítulo 5, os resultados obtidos não demonstraram associação entre a ancestralidade genética e a distribuição de fatores de risco para doenças cardiovasculares, sugerindo que a ancestralidade genética tem um papel pequeno em comparação aos fatores ambientais e socioeconômicos nessas comunidades. Os achados do presente estudo chamam a atenção para a diversidade na composição genética e no perfil epidemiológico da saúde cardiovascular em quilombos do Brasil Central, o que possivelmente auxiliará no aperfeiçoamento de políticas públicas de saúde e integração de diferentes áreas científicas, como a antropologia, a genética e a saúde pública.

PALAVRAS-CHAVE: componente étnico-racial; comunidades quilombolas; doenças cardiovasculares; ancestralidade genética; Brasil.

ABSTRACT

The ethno-racial component and genetic ancestry in health research are among the most debated subjects in science, especially when they are associated with mixed populations. Most of the studies that investigate the influence of genetic ancestry on health are conducted in North American populations and have shown a higher prevalence of cardiovascular diseases in African-descendant individuals. During the slavery period in Brazil, several types of resistance were noted among the slaves, the most common were escape and refuge in difficult-to reach regions. As a result of the historical process, these communities often have limited access to health services and potentially higher prevalence of diseases in relation to populations with greater access to health. Since *quilombola* communities are recognized as African-derived communities, we seek to investigate the relationship between genetic ancestry and the occurrence of risk factors for cardiovascular diseases in three *quilombos* of Central Brazil with different levels of urbanization. Thus, we structured the study into five chapters. The first one was presented the composition of the database for three quilombos with different levels of urbanization was presented: one urban, one semi-isolated rural and one non-isolated rural. In the second, we discussed about the expansive concept of *quilombo* by investigating the proportion of migrants, structure of marriages, and scientific literature. It was observed that the contemporary concept of *quilombo* accommodates the historical diversity of these communities' formation. In the third, we estimate the individual and population genetic ancestry using genetic markers Insertion-Deletion (INDEL) in these communities. The results showed that contributions of African, European and Amerindian are heterogeneous, according to genetic diversity of Brazilian population. We observed an association between Black phenotypic-selfclassification and estimates of African genetic ancestry in rural communities, but not in the urban community. This result indicated a possible influence of the socio-cultural and political context in the process of ethnic-racial identity. In the fourth, we used socioeconomic, anthropometric and biochemical parameters in a descriptive epidemiological study. It was observed a process of epidemiological transition in these communities, with higher prevalence of cardiovascular diseases in the urban and rural communities than isolated semi-rural one. Moreover, women from semi-isolated rural community showed higher prevalence of hypertension, obesity and diabetes than men. Finally, in Chapter 5, the results did not show an association between genetic ancestry and the distribution of risk factors for cardiovascular diseases, suggesting that genetic ancestry presents a small role in comparison to environmental and socioeconomic factors in these communities. The findings of this study call attention to the diversity in the genetic composition and epidemiological profile for cardiovascular health in quilombos of Central Brazil. Our results will possibly help in the improvement of public health policies and integration of different scientific areas, such as anthropology, genetics and public health.

KEY-WORDS: ethnic-racial component; *Quilombola* communities; cardiovascular diseases; genetic ancestry; Brazil.

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1.1 Caracterização da amostragem dos três quilombos com relação ao número de quilombolas registrados nas suas respectivas associações e cobertura do estudo (em %)
- Tabela 2.1 Estimativas do número de casais, por geração (G1 - avós, G2 - pais e G3 – respondentes), nas comunidades quilombolas
- Tabela 2.2 Distribuição da proporção de homens e mulheres, nativos e imigrantes nas comunidades quilombolas estudadas
- Tabela 2.3 Distribuição da proporção de nativos e imigrantes entre faixas etárias
- Tabela 2.4 Distribuição da proporção de nativos e imigrantes entre as categorias fenotípicas adotadas no presente estudo
- Tabela 2.5 Autoclassificação fenotípica nas diferentes comunidades quilombolas estudadas, no Brasil, regiões Norte e Centro-Oeste, unidades federativas de Tocantins e Goiás, municípios de Aragominas (TO), Santa Fé do Araguaia (TO) e Cavalcante (GO)
- Tabela 2.6 Distribuição das categorias de casamentos endogâmicos, exogâmicos e entre migrantes ao longo das três gerações das comunidades quilombolas estudadas por nosso grupo
- Tabela 3.1 Estimativa da ancestralidade genética de centros urbanos e macro-regiões brasileiras utilizando marcadores autossômicos (VNTR, STR e AIM)
- Tabela 3.2 Estimativas de ancestralidade genética de comunidades quilombolas rurais utilizando marcadores autossômicos (VNTR, STR e AIM)
- Tabela 3.3 Estimativas da contribuição genética média das três subpopulações parentais (africana, ameríndia e europeia) na composição das comunidades quilombolas
- Tabela 3.4 Estimativas da contribuição genética média das três subpopulações parentais (africana, ameríndia e europeia) na composição de nativos e migrantes nas comunidades quilombolas
- Tabela 3.5 Estimativas da contribuição genética média das três subpopulações parentais (africana, ameríndia e europeia) na composição dos homens e mulheres das comunidades quilombolas
- Tabela 3.6 Índices de diferenciação (FST) estimados entre as comunidades Cocalinho, Pé do Morro e Kalunga (abaixo da diagonal) e respectivos valores de p (acima da diagonal), em relação ao painel de 61 marcadores INDEL
- Tabela 3.7 Distribuição da frequência de autoclassificação fenotípica e estimativas de ancestralidade genética nas comunidades do estudo
- Tabela 3.8 Proporção da contribuição parental (africana, ameríndia e europeia) nos quilombos do presente estudo (N= nº de indivíduos (%))
- Tabela 3.9 Estimativas de ancestralidade genética de populações urbanas e quilombos utilizando marcadores autossômicos do tipo INDEL (Santos et al., 2010)
- Tabela 4.1 Estudos relacionados a agravos de saúde e doenças em comunidades afro-brasileiras (2007- 2017)
- Tabela 4.2 Características sociodemográficas, antropométricas e bioquímicas dos participantes do estudo
- Tabela 4.3 Comparação das médias de pressão arterial, medidas antropométricas e bioquímicas entre homens e mulheres de Cocalinho

Tabela 4.4 Comparação das médias de pressão arterial, medidas antropométricas e bioquímicas entre homens e mulheres de Pé do Morro

Tabela 4.5 Comparação das médias de pressão arterial, medidas antropométricas e bioquímicas entre homens e mulheres de Kalunga

Tabela 4.6 Comparação das médias de pressão arterial (sistólica e diastólica), dados antropométricos e parâmetros bioquímicos associados a doenças cardiovasculares entre homens e mulheres das três comunidades avaliadas no estudo

Tabela 4.7 Matriz de correlação envolvendo variáveis quantitativas da comunidade Cocalinho

Tabela 4.8 Matriz de correlação envolvendo variáveis quantitativas da comunidade Pé do Morro

Tabela 4.9 Matriz de correlação envolvendo variáveis quantitativas da comunidade Kalunga

Tabela 4.10 Comparação da prevalência de hipertensão, sobrepeso/obesidade, diabetes e outros fatores cardiometabólicos nas comunidades avaliadas

Tabela 4.11 Prevalência de intolerância à glicose e diabetes entre normotensos e hipertensos nas comunidades do estudo

Tabela 4.12 Prevalência de subpeso/sobrepeso e obesidade entre normotensos e hipertensos nas comunidades do estudo

Tabela 4.13 Frequência dos graus de atividade física entre normotensos e hipertensos nas comunidades estudadas

Tabela 4.14 Comparação da prevalência de hipertensão, obesidade, diabetes e fatores de risco em homens e mulheres nas comunidades avaliadas

Tabela 4.15 Associação entre a variação dos níveis de pressão arterial sistólica (PAS), pressão arterial diastólica (PAD), sobrepeso/obesidade (IMC) e glicemia (GLICO) e fatores de risco selecionados para três comunidades quilombolas com base nos coeficientes de regressão (B) e determinação (R²) obtidos considerando quatro diferentes modelos de regressão

Tabela 4.16 Prevalência de fatores cardiometabólicos em população adulta de comunidades quilombolas brasileiras e comunidades do presente estudo

Tabela 4.17 Coeficientes padronizados com poder discriminante para as variáveis do estudo, com a porcentagem de variância explicada por duas funções discriminantes e significância de cada função discriminante (p-valor).

Tabela 4.18 Resumo do número de observações e percentual de classificação em cada população de acordo com funções discriminantes

Tabela 5.1 Proporção de indivíduos acima de 18 anos de idade que referiram diagnóstico médico de hipertensão, diabetes mellito e colesterol elevado, segundo declaração étnico-racial no Brasil (PNS, 2013)

Tabela 5.2 Característica das coortes do *Framingham Heart Study* (FHS)

Tabela 5.3 Estudos brasileiros que avaliaram o papel da ancestralidade genética em diversas condições associadas à saúde

Tabela 5.4 Caracterização da sub-amostra quanto à distribuição dos fatores de risco associados a doenças cardiovasculares (Média \pm DP para variáveis contínuas) e prevalência (%) para variáveis discretas nas comunidades avaliadas

Tabela 5.5 Distribuição (média \pm desvio padrão) dos níveis pressóricos, parâmetros antropométricos e bioquímicos em cada categoria de autoclassificação fenotípica na comunidade Cocalinho

Tabela 5.6 Distribuição (média \pm desvio padrão) dos níveis pressóricos, parâmetros antropométricos e bioquímicos em cada categoria de autoclassificação fenotípica na comunidade Pé do Morro.

Tabela 5.7 Distribuição (média \pm desvio padrão) dos níveis pressóricos, parâmetros antropométricos e bioquímicos em cada categoria de autoclassificação fenotípica na comunidade Kalunga

Tabela 5.8 Prevalência dos fatores de risco para doenças cardiovasculares em cada categoria de autoclassificação fenotípica nas comunidades quilombolas avaliadas.

Tabela 5.9 Análise da autoclassificação fenotípica entre hipertensos e não hipertensos das comunidades quilombolas avaliadas

Tabela 5.10 Análise da autoclassificação fenotípica entre indivíduos com $IMC < 25$ (Kg/m^2) e ≥ 25 (Kg/m^2) das comunidades quilombolas avaliadas

Tabela 5.11 Análise da autoclassificação fenotípica entre indivíduos com intolerância à glicose/Diabetes e glicemia dentro da normalidade das comunidades quilombolas avaliadas

Tabela 5.12 Associação entre a variação dos níveis de pressão arterial sistólica (PAS) e fatores de risco selecionados para três comunidades quilombolas com base nos coeficientes de regressão (B) e determinação (R^2) obtidos considerando quatro diferentes modelos de regressão

Tabela 5.13 Associação entre a variação dos níveis de pressão arterial diastólica (PAD) e fatores de risco selecionados para três comunidades quilombolas com base nos coeficientes de regressão (B) e determinação (R^2) obtidos considerando quatro diferentes modelos de regressão

Tabela 5.14 Associação entre a variação do índice de massa corporal (IMC) e fatores de risco selecionados para três comunidades quilombolas com base nos coeficientes de regressão (B) e determinação (R^2) obtidos considerando quatro diferentes modelos de regressão

Tabela 5.15 Associação entre a variação dos níveis de glicose (GLICO) e fatores de risco selecionados para três comunidades quilombolas com base nos coeficientes de regressão (B) e determinação (R^2) obtidos considerando quatro diferentes modelos de regressão

Tabela 5.16 Correlação entre as estimativas de ancestralidade genética e fenótipos associados a doenças cardiovasculares

Tabela 5.17 Distribuição dos fenótipos (média \pm desvio padrão) de acordo com faixas de ancestralidade africana em Cocalinho

Tabela 5.18 Distribuição dos fenótipos (média \pm desvio padrão) de acordo com faixas de ancestralidade africana em Pé do Morro

Tabela 5.19 Distribuição dos fenótipos (média \pm desvio padrão) de acordo com faixas de ancestralidade africana em Kalunga

Tabela 5.20 Comparação das médias das estimativas da ancestralidade africana, ameríndia e europeia de acordo com os fenótipos de risco cardiovascular em Cocalinho

Tabela 5.21 Comparação das médias das estimativas da ancestralidades africana, ameríndia e europeia de acordo com os fenótipos de risco cardiovascular em Pé do Morro

Tabela 5.22 Comparação das médias das estimativas da ancestralidades africana, ameríndia e europeia de acordo com os fenótipos de risco cardiovascular em Kalunga

Tabela 5.23 Análise da ancestralidade genética africana entre hipertensos e não hipertensos das comunidades quilombolas avaliadas

Tabela 5.24 Análise da ancestralidade genética africana entre indivíduos com $IMC < 25$ (Kg/m^2) e ≥ 25 (Kg/m^2) das comunidades quilombolas avaliadas

Tabela 5.25 Análise da ancestralidade genética africana entre indivíduos com Intolerância à glicose/Diabetes e glicemia dentro da normalidade das comunidades quilombolas avaliadas

Tabela 5.26 Associação entre a variação dos níveis de pressão arterial sistólica (PAS) e fatores de risco selecionados para três comunidades quilombolas com base nos coeficientes de regressão (B) e determinação (R^2) obtidos considerando quatro diferentes modelos de regressão

Tabela 5.27 Associação entre a variação dos níveis de pressão arterial diastólica (PAD) e fatores de risco selecionados para três comunidades quilombolas com base nos coeficientes de regressão (B) e determinação (R^2) obtidos considerando quatro diferentes modelos de regressão

Tabela 5.28 Associação entre a variação do índice de massa corporal (IMC) e fatores de risco selecionados para três comunidades quilombolas com base nos coeficientes de regressão (B) e determinação (R^2) obtidos considerando quatro diferentes modelos de regressão

Tabela 5.29 Associação entre a variação dos níveis de glicose (GLICO) e fatores de risco selecionados para três comunidades quilombolas com base nos coeficientes de regressão (B) e determinação (R^2) obtidos considerando quatro diferentes modelos de regressão

Tabela 5.30 Associação entre a variação dos níveis séricos de triglicerídeos (TRIG) e fatores de risco selecionados para três comunidades quilombolas com base nos coeficientes de regressão (B) e determinação (R^2) obtidos considerando quatro diferentes modelos de regressão

Tabela 5.31 Correlação de Spearman entre SSE e estimativas de ancestralidade genética

Tabela 5.32 Coeficientes padronizados de amostra total das variáveis com poder discriminante, a porcentagem de variância explicada por duas funções discriminantes e significância de cada função discriminante (p-valor)

Tabela 5.33 Coeficientes padronizados de amostra total das variáveis com poder discriminante, a porcentagem de variância explicada por duas funções discriminantes e significância de cada função discriminante (p-valor)

Tabela 5.34 Coeficientes padronizados de amostra total das variáveis com poder discriminante, a porcentagem de variância explicada por 2 funções discriminantes e significância de cada função discriminante (p-valor)

Tabela 5.35 Coeficientes padronizados de amostra total das variáveis com poder discriminante, a porcentagem de variância explicada por 2 funções discriminantes e significância de cada função discriminante (p-valor)

Tabela 5.36 Resumo do número de observações e percentual da classificação das comunidades

LISTA DE QUADROS

Quadro 1 Áreas e variáveis referentes aos dados sobre determinantes sociais de saúde

Quadro 2 Métodos e valores de referência dos exames laboratoriais

Quadro 2.1 Questões utilizadas na coleta de dados para o presente capítulo

Quadro 3.1 Perguntas associadas à autodeclaração utilizadas em censos demográficos de países latino americanos

Quadro 4.1 Caracterização das fases de transição epidemiológica

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 Esquema de organização da tese

Figura 1.1 Localização geográfica das comunidades quilombolas do presente estudo

Figura 1.2 Distribuição das comunidades e territórios quilombolas auto-identificados no Estado de Goiás

Figura 1.3 Distribuição das comunidades e territórios quilombolas auto-identificados no Estado de Tocantins

Figura 1.4 Esquema referente ao universo amostral utilizado no estudo

Figura 2.1 Distribuição das comunidades quilombolas brasileiras por município

Figura 2.2 Mapa do Brasil mostrando as cinco regiões administrativas e a localização das comunidades quilombolas aqui mencionadas no capítulo

Figura 2.3 Distribuição dos indivíduos quilombolas avaliados da Comunidade Cocalinho (n=70) e da Comunidade Pé do Morro (n=63) de acordo com o Estado de nascimento

Figura 3.1 Distribuição percentual da população branca, preta, parda, amarela e indígena na série histórica dos censos modernos decenais – Brasil – 1940-2010

Figura 3.2 Níveis de inferência de ancestralidade em uma população miscigenada: ancestralidade individual, populacional e cromossômica

Figura 3.3 Esquema triangular da análise de estruturação genética obtido com a utilização do programa STRUCTURE v. 3.2

Figura 3.4 Representação gráfica da estruturação genética das populações parentais e quilombolas obtidas do programa STRUCTURE v. 3.2

Figura 3.5 Resultado gráfico do índice de diferenciação populacional (FST) estimado entre os pares de populações quilombolas avaliadas a partir dos dados dos 61 marcadores genéticos INDEL

Figura 3.6 Box-plot da ancestralidade africana para cada categoria de autoclassificação fenotípica na amostra populacional de Cocalinho

Figura 3.7 Box-plot da ancestralidade africana para cada categoria de autoclassificação fenotípica na amostra populacional de Pé do Morro

Figura 3.8 Box-plot da ancestralidade africana para cada categoria de autoclassificação fenotípica na amostra populacional Kalunga

Figura 3.9 Estimativas de ancestralidade nas populações do Distrito Federal e Kalunga para diferentes classes de marcadores moleculares. AIMS (Marcadores informativos de ancestralidade) autossômico, STRs (microsatélites) autossômico, haplogrupos de DNAm e STRs do cromossomo Y

Figura 4.1 Modelo do campo da saúde

Figura 4.2 Marco conceitual dos determinantes sociais da saúde

Figura 4.3 Estimativa de prevalência de mortalidade decorrente de doenças crônicas no Brasil

Figura 4.4 Box-plot da distribuição média do SSE em cada quilombo avaliado, ($p < .0001$)

Figura 4.5 Distribuição da frequência de homens e mulheres (%) em valores de índices do SSE obtidos em cada uma das comunidade avaliadas

Figura 4.6 Parâmetros socioeconômicos com grande contribuição no cálculo do índice SSE.

Figura 4.7 Prevalência de hipertensão entre homens e mulheres, sobrepeso, obesidade e diabetes por comunidade

Figura 4.8 Gráfico de pontuação canônica de acordo com as funções de extração da análise discriminante

Figura 4.9 Distribuição da autodeclaração sobre estado geral de saúde entre homens e mulheres das comunidades quilombolas avaliadas

Figura 4.10 *Match-mismatch* da doença metabólica

Figura 5.1 Elementos para caracterização de um grupo populacional

Figura 5.2 Gráfico da pontuação canônica de acordo com as funções extraídas da análise discriminante (*canonical score plot*)

LISTA DE ABREVIATURAS E SÍMBOLOS

ABA	Associação Brasileira de Antropologia
ABEP	Associação de Empresas de Pesquisa
AC	Autoclassificação
ACS	Agente Comunitário de Saúde
ADCT	Ato das Disposições Constitucionais Transitórias
AIM	<i>Ancestry Informative Marks</i>
AIDS	<i>Acquired immune deficiency syndrome</i>
AFD	Análise de função discriminante
AL	Alagoas
AM	Amazonas
Apo CIII	Apolipoproteína CIII
Art.	Artigo
AVC	Acidente vascular cerebral
BA	Bahia
CA	Circunferência abdominal
CE	Ceará
CA/E	Razão circunferência abdominal-estatura
CEP	Comitê de Ética em Pesquisa
CHCM	Concentração de hemoglobina corpuscular média
CNS	Conselho Nacional de Saúde
CNDSS	Comissão Nacional sobre Determinantes Sociais de Saúde
COLT	Colesterol total
Δ	Diferencial de frequência
χ^2	Qui-quadrado
DCV	Doenças cardiovasculares
DF	Distrito Federal
DL	Desequilíbrio de ligação
DNA	Ácido desoxirribonucléico
DCNT	Doenças crônicas não transmissíveis
DP	Desvio padrão
DSS	Determinantes Sociais de Saúde
DST	Doenças sexualmente transmissíveis
EDTA	Ácido etilenodiamino tetracético
ELSA	Estudo Longitudinal de Saúde do Adulto
ES	Espírito Santo
FCP	Fundação Cultural Palmares
FHS	<i>Framingham Heart Study</i>
FST	Teste de diferenciação populacional
FUNASA	Fundação Nacional de Saúde
GAF	Grau de atividade física
GLICO	Glicose
GO	Goiás
GL	Grau de liberdade
G6PD	Glicose 6-fosfato desidrogenase
GWAS	<i>Genome-wide association study</i>
HCM	Hemoglobina corpuscular média
HDL	<i>High density lipoprotein</i>
HGDP	<i>Human Genomic Diversity Project</i>
HIV	<i>Human immunodeficiency virus</i>
HOF	Hipótese da origem fetal
HPBV	<i>Highest point breakdownvalue</i>
HTLV	<i>Human T-lymphotropic virus</i>
IA	Insegurança alimentar
IBGE	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
IC	Intervalo de confiança
IFCC	<i>International Federation of Clinical Chemistry</i>
IFTO	Instituto Federal do Tocantins

IMC	Índice de Massa Corporal
INCRA	Instituto Nacional de Colonização e Reforma Agrária
INDEL	<i>Insertion and Deletion Polymorphism</i>
LDL	<i>Low density lipoprotein</i>
LPL	Lipoproteína lipase
MA	Maranhão
MCMC	Markov Chain Monte Carlo
MG	Minas Gerais
MS	Ministério da Saúde
NHDL	Lipoproteínas de alta densidade
OIT	Organização Internacional do Trabalho
OMS	Organização Mundial de Saúde
ONU	Organização das Nações Unidas
OR	<i>Odds ratio</i>
PA	Pará
PAS	Pressão arterial sistólica
PAD	Pressão arterial diastólica
PB	Paraíba
PCR	<i>Polymerase Chain Reaction</i>
PE	Pernambuco
PERLA	<i>Project on Ethnicity and Race in Latin America</i>
PI	Piauí
PNAD	Pesquisa Nacional por Amostra domiciliar
PNS	Pesquisa Nacional em Saúde
PR	Paraná
PSF	Programa Saúde da Família
RDW	<i>Red Distribution Wide</i>
RN	Rio Grande do Norte
RO	Rondônia
RS	Rio Grande do Sul
RUV	Raios ultravioleta
SM	Salário mínimo
SC	Santa Catarina
SEPPIR	Secretaria das Políticas de Promoção da Igualdade Racial
SP	São Paulo
SNP	<i>Single Nucleotide Polymorphism</i>
SRH	<i>Self-Rated Health</i>
SSE	status socioeconômico
SUCAM	Superintendências de Campanhas de Saúde Pública
SUS	Sistema Único de Saúde
SVS/MS	Secretaria de Vigilância em Saúde do Ministério da Saúde
STR	<i>Short Tandem Repeat</i>
TCLE	Termo de Consentimento Livre e Esclarecido
TE	Tampão de eluição
TO	Tocantins
TODSD	Teoria da origem e desenvolvimento da saúde e doença
TRIG	Triglicerídeos
TRIS	Tris (hidroximetil) aminometano
UBSF	Unidades Básicas de Saúde da Família
UFPA	Universidade Federal do Pará
UFRGS	Universidade Federal do Rio Grande do Sul
UNB	Universidade de Brasília
UVA	Ultravioleta
VIGITEL	Sistema de vigilância de fatores de risco e proteção para doenças crônicas por inquérito telefônico
VCM	Volume corpuscular médio
VMP	Volume médio plaquetário
VNTR	<i>Variable number of tandem repeats</i>

SUMÁRIO

RESUMO	11
ABSTRACT	12
LISTA DE TABELAS	13
LISTA DE QUADROS	17
LISTA DE FIGURAS	18
INTRODUÇÃO GERAL E RELEVÂNCIA.....	24
OBJETIVOS DA TESE	26
FORMATO DA TESE.....	27
CAPÍTULO 1 BIORREPOSITÓRIO DE DADOS E AMOSTRAS BIOLÓGICOS DE POPULAÇÕES URBANAS E QUILOMBOLAS	30
1.1 Descrição das comunidades quilombolas	30
Kalunga.....	31
Cocalinho e Pé do Morro	32
1.2 Aspectos éticos	34
1.3 Plano de recrutamento e levantamento dos membros da comunidade.....	34
1.3.1 Critérios de Inclusão	35
1.4 Instrumentos de coleta de dados	36
1.4.1 Determinantes sociais de saúde.....	37
1.4.2 Pressão arterial e dados antropométricos	38
1.4.3 Amostras biológicas.....	40
1.4.4 Exames laboratoriais.....	41
CAPÍTULO 2 HETEROGENEIDADE DE FORMAÇÃO E PADRÃO DE MIGRAÇÃO EM QUILOMBOS CONTEMPORÂNEOS	46
2.1 INTRODUÇÃO.....	46
2.1.1 A formação dos quilombos.....	46
2.1.2 Aspectos jurídicos e etnográficos	48
2.1.3 Comunidade negra rural brasileira e migração interna	49
2.1.4 Comunidades quilombolas no Estado de Goiás e Tocantins.....	50
2.2 OBJETIVOS.....	52
2.3 MATERIAIS E MÉTODOS.....	52
2.3.1 Análise demográfica	53
2.3.2 Análise fenotípica	54
2.3.3 Análise estatística	56
2.4 RESULTADOS	56
2.4.1 Padrão de migração e autoclassificação fenotípica.....	56
2.4.2 Categorias dos casamentos	62
2.5 DISCUSSÃO	64
2.6 CONCLUSÕES	69
CAPÍTULO 3 ANCESTRALIDADE GENÉTICA E AUTOCLASSIFICAÇÃO FENOTÍPICA EM QUILOMBOS CONTEMPORÂNEOS	70
3.1 INTRODUÇÃO.....	70
3.1.1 O componente étnico-racial	70
3.1.2 Ancestralidade genética	75
3.1.2.1 Marcadores Informativos da Ancestralidade (AIM)	76
3.1.2.2 Marcadores INDEL.....	79
3.1.2.3 Estimativa genética de miscigenação	79
3.1.3 Ancestralidade genética X classificação fenotípica (autoclassificação fenotípica)	85
3.2 OBJETIVOS.....	86
3.3 MATERIAIS E MÉTODOS.....	86
3.3.1 Seleção e análise dos marcadores genéticos do tipo INDEL	87
3.3.2 Análises estatísticas	87
Análise de estruturação populacional e inferência de ancestralidade individual e populacional	88
Análise de diferenciação genética populacional	88
Análise da associação entre ancestralidade genética e autoclassificação fenotípica.....	89
3.4 RESULTADOS	89
3.4.1 Inferência da ancestralidade genética individual e populacional.....	89
3.4.2 Inferência da ancestralidade genética individual em relação ao sexo e padrão de migração	92

3.4.3	Análise de diferenciação genética.....	94
3.4.4	Teste de associação entre ancestralidade genética e autotaxonomia fenotípica	95
3.4.5	Composição genética das três comunidades quilombolas no contexto brasileiro	98
3.5	DISCUSSÃO	101
3.6	CONCLUSÕES	111
CAPÍTULO 4 PANORAMA EPIDEMIOLÓGICO DOS QUILOMBOS DO BRASIL CENTRAL: SAÚDE CARDIOVASCULAR E TRANSIÇÃO EPIDEMIOLÓGICA		
4.1	INTRODUÇÃO.....	112
4.1.1	Saúde da população negra e determinantes sociais de saúde (DSS)	112
4.1.2	Transição epidemiológica.....	114
4.1.3	A emergência de doenças crônicas não transmissíveis em comunidades quilombolas.....	121
4.1.4	Fatores de risco e estilo de vida	123
4.2	OBJETIVOS.....	125
4.3	MATERIAIS E MÉTODOS.....	126
4.3.1	Amostras biológicas, coleta de dados e análises bioquímicas	126
4.3.2	Análises estatísticas	127
4.3.2.1	Análises de correlação	127
4.3.2.2	Análises de regressão robusta	128
4.3.2.3	Análise de função discriminante (AFD).....	129
4.4	RESULTADOS	130
4.4.1	Caracterizando e comparando os sexos	134
4.4.2	Caracterizando e comparando as comunidades	138
4.4.3	Determinantes da hipertensão, obesidade e diabetes em cada comunidade.....	152
4.4.4	Comparação com outras comunidades quilombolas brasileiras.....	155
4.4.5	Análise multivariada: análise da função discriminante.....	155
4.4.6	Percepção do estado geral de saúde pelos quilombolas	162
4.5	DISCUSSÃO	164
4.6	CONCLUSÃO.....	183
CAPÍTULO 5 A INFLUÊNCIA DA ANCESTRALIDADE GENÉTICA NA DISTRIBUIÇÃO E VARIAÇÃO DE FATORES DE RISCO ASSOCIADOS A DOENÇAS CARDIOVASCULARES EM QUILOMBOS.....		
5.1	INTRODUÇÃO.....	184
5.1.1	O componente étnico-racial e o genético nos estudos epidemiológicos	184
5.1.2	Doenças cardiovasculares em Afrodescendentes.....	188
5.1.3	Ancestralidade geográfica/genética	191
5.2	OBJETIVOS.....	197
5.3	MATERIAIS E MÉTODOS.....	198
5.3.1	Caracterização da sub-amostra	198
5.3.2	Análises estatísticas	200
5.4	RESULTADOS	201
5.4.1	Estimativas de autotaxonomia fenotípica e sua relação com fenótipos associados a doenças cardiovasculares.....	201
5.4.2	Estimativas de ancestralidade genética e sua relação com fenótipos associados a doenças cardiovasculares.....	213
5.4.3	Correlação SSE X ancestralidade genética	232
5.4.4	Análise multivariada: Análise de Função Discriminante.....	232
5.5	DISCUSSÃO.....	239
5.6	CONCLUSÃO.....	246
CONSIDERAÇÕES FINAIS		
APÊNDICE 1		270
APÊNDICE 2		272
APÊNDICE 3		274
APÊNDICE 4		284
APÊNDICE 5		286
APÊNDICE 6 TABELAS SUPLEMENTARES		288
ANEXOS.....		290

INTRODUÇÃO GERAL E RELEVÂNCIA

Durante o período de escravidão no Brasil, diversos tipos de rebelião foram observados entre os escravizados, sendo o mais comum a fuga, o abandono e o refugio em regiões de difícil acesso. Desse processo, foram formadas comunidades com origem relacionada à presença do escravo africano chamadas quilombos, algumas semi-isoladas, localizadas em áreas rurais de difícil acesso e outras já inseridas em áreas urbanas. Apesar de apresentarem traços em comum, como a subsistência baseada na vida rural com o uso coletivo da terra, a origem relacionada à escravidão, ao campesinato, a miscigenação entre vários grupos populacionais, entre outros, não há uma característica única que seja marcante em todas as comunidades reconhecidas.

Com o início das discussões acerca de titularidade e reconhecimento, os antigos quilombos passaram a ser chamados comunidades quilombolas e/ou quilombos contemporâneos, sendo também transformados em movimento, sobretudo, de luta pela terra. Apesar de numerosas em todo território brasileiro (mais de 2500 comunidades registradas), essas comunidades não apresentam densidade demográfica significativa, sendo representadas por famílias ocupando uma área correspondente a 0,12% do território nacional (IBGE, 2012). Essas populações são consideradas, pela antropologia e pelo governo brasileiro, distintas das demais populações rurais brasileiras do ponto de vista histórico e cultural. O Decreto n.º 6.040, de 7 de fevereiro de 2007, refere-se ao termo 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". Novos significados vêm sendo construídos acerca dos termos "remanescentes de quilombos" e "quilombos", já que há uma diversidade de histórias de formação, representando este termo uma categoria social alvo de discussões governamentais e políticas públicas (Mattos, 2003; O' Dwyer, 2007).

A definição clássica de quilombo remonta ao século XVIII, significando um agrupamento de negros fugidos do processo de escravidão, enquanto que o conceito de quilombo contemporâneo não restringe o significado quanto a origem da comunidade e sim a uma história de resistência do território étnico-racial. Nem todos os territórios quilombolas do Brasil que se enquadram nesse conceito ampliado, são remanescentes de antigos quilombos e os que são, muitas vezes não podem provar sua historicidade (Anjos, 2006; La

Torre, 2013). O conceito contemporâneo vem evidenciar o aspecto militante e de não-acomodação, contrariando os estereótipos correntes de conformismo, superstição, sujeição, medo, embranquecimento e corrupção, construídos pela idéia de embranquecimento e democracia racial desde a Primeira República (Leite, 1999).

Essas comunidades tem acesso limitado a saúde como consequência do processo histórico de desenvolvimento das mesmas. Com isso, seus habitantes apresentam agravos e doenças, o que inclui as doenças cardiovasculares, potencialmente aumentado com relação a populações com maior acesso a saúde. As grandes desigualdades em saúde que observamos entre diferentes populações representam um desafio para o mundo. Os determinantes sociais têm papel relevante na ocorrência de doenças transmissíveis e não transmissíveis, o que tem gerado debates na formulação de políticas públicas não somente de saúde, mas em diversos setores da sociedade (Marmot, 2005).

O Brasil assumiu explicitamente a agenda de determinantes sociais de saúde, o que evidenciou as pobreza multidimensionais que tem um impacto significativo na equidade na saúde. Chamada de "a causa das causas" do processo saúde-doença pela Comissão de Determinantes Sociais da Saúde da Organização Mundial de Saúde (Marmot, 2011), a comissão tem recomendado políticas com o objetivo de melhorar a saúde das populações mais vulneráveis. Em consonância com tal contexto, um estudo atual apontou o status socioeconômico como um dos mais relevantes preditores de morbidade e mortalidade prematura em todo mundo (Stringhini et al., 2017).

No Brasil, doenças cardiovasculares são hoje responsáveis por 72% da mortalidade e são mais prevalentes entre as pessoas de baixa renda. Segundo a Pesquisa Nacional de Saúde (PNS, 2013), a prevalência da hipertensão arterial e diabetes mellitos é mais elevada entre negros, que são numerosos nas comunidades quilombolas. As doenças cardiovasculares são exemplos de doenças complexas, isto é, aquelas que apresentam um componente genético e ambiental na sua etiologia. O componente genético das doenças complexas está relacionado com um repertório de genes principais e secundários. Mutações nesses genes podem ter ocorrido em diferentes regiões geográficas do mundo, o que leva a potencial correlação entre ancestralidade genética e desenvolvimento de patologias. O componente ambiental é um conjunto de inúmeros fatores, o que inclui o componente étnico-racial, que pode ser modulado por fatores sociais, culturais e econômicos.

Ainda com relação ao componente ambiental, a inclusão da classificação étnico-racial do sujeito de pesquisa em estudos epidemiológicos é frequente, principalmente quando se

investiga associações a determinados eventos e aspectos em saúde. Todavia, questiona-se a apresentação de estatísticas por grupo étnico-racial devido à dificuldade de se fazer essa classificação em populações miscigenadas como a brasileira. Uma vez consideradas comunidades tradicionais, as comunidades quilombolas recebem atenção do Ministério da Saúde em meio ao crescente desenvolvimento demográfico e tecnológico do país, sendo relevante o conhecimento sobre determinantes sociais de saúde e o estilo de vida nessas populações para a construção de ações afirmativas e políticas públicas de saúde. A Fundação Nacional de Saúde (FUNASA), delegada ao Ministério da Saúde do governo brasileiro, tem incentivado projetos concernentes ao cuidado com a saúde das comunidades quilombolas. Entre as políticas se destaca a Política Nacional de Saúde Integral da População Negra, instituída pela Portaria nº 992, de 13 de maio de 2009, que visa promover a saúde da população negra, priorizando a redução das desigualdades étnico-raciais, o combate ao racismo e à discriminação nas instituições e serviços do Sistema Único de Saúde (SUS).

A contribuição relativa dos componentes genéticos e ambientais na ocorrência de doenças cardiovasculares (DCV) é amplamente debatida dentro da saúde pública, antropologia e medicina. Questiona-se dentro desse contexto: existe relação entre autotransclassificação fenotípica e ancestralidade individual nos quilombos? A ancestralidade genética teria um papel relevante na prevalência de doenças crônicas em quilombos, principalmente aqueles certificados e localizados no interior do país? Com base nessas questões, construímos a presente tese.

OBJETIVOS DA TESE

Considerando que as doenças cardiovasculares são complexas, o objetivo geral do presente trabalho foi verificar se existe uma relação entre fatores de risco associados a doenças cardiovasculares (ênfase em hipertensão, obesidade e diabetes), ancestralidade genética e autotransclassificação em três quilombos com diferentes grau de urbanização: Kalunga, Cocalinho e Pé do Morro.

Como objetivos específicos têm-se:

- ✓ Discutir o conceito ampliado de quilombo considerando a história demográfica de quilombos com distintos graus de urbanização;
- ✓ Estimar estrutura e ancestralidade genética individual e populacional nessas comunidades;

- ✓ Investigar se há associação entre autotclassificação fenotípica e ancestralidade genética considerando essas comunidades;
- ✓ Analisar a prevalência de doenças crônicas não transmissíveis (hipertensão, obesidade e diabetes) e seus fatores de risco entre homens e mulheres em cada comunidade;
- ✓ Identificar dentre os fatores avaliados, aqueles que mais individualizam (discriminam) as comunidades;
- ✓ Investigar a existência de relação entre fatores de risco associados a doenças cardiovasculares e autotclassificação fenotípica;
- ✓ Investigar a existência de relação entre fatores de risco associados a doenças cardiovasculares e ancestralidade genética.

FORMATO DA TESE

O presente trabalho segue o esquema representado abaixo (**Figura 1**).

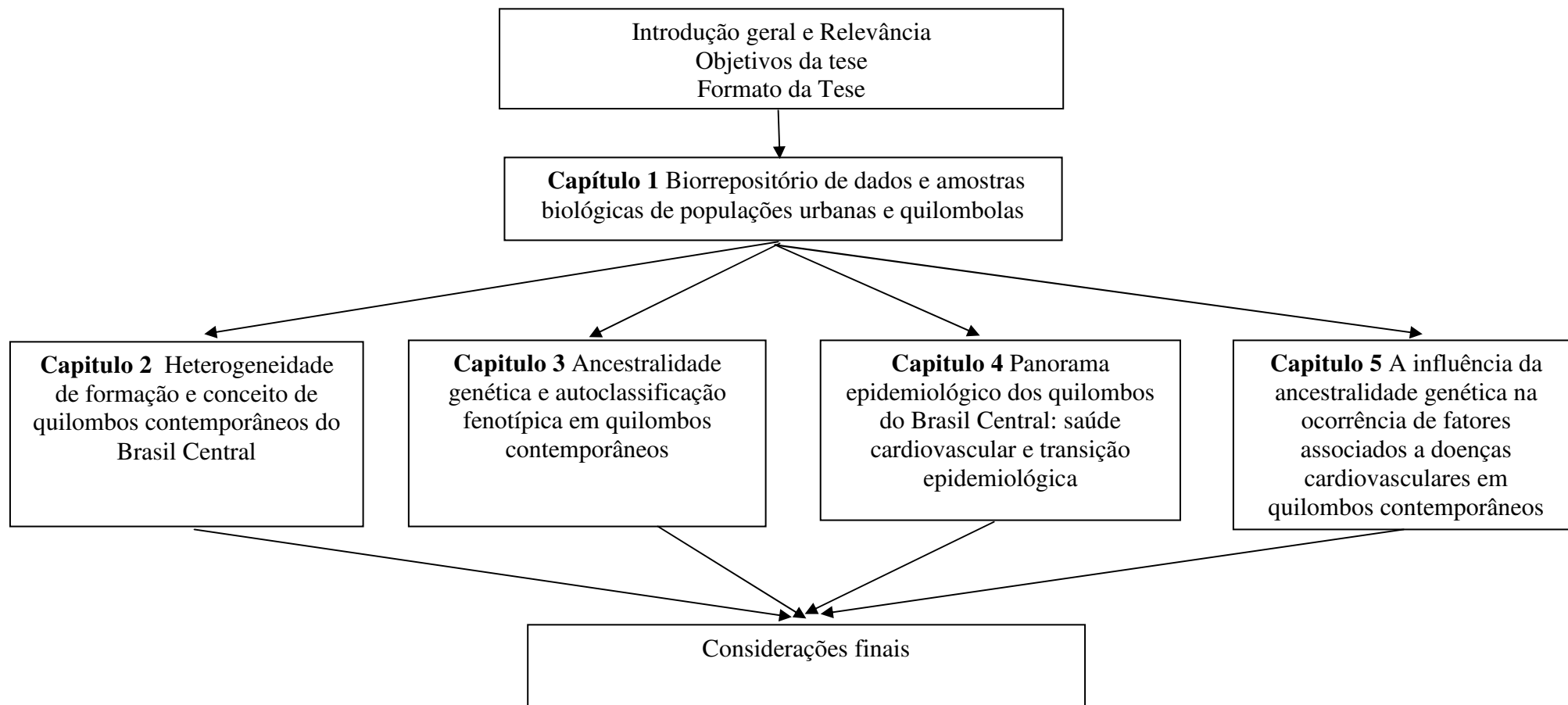


Figura 1 Esquema de organização da tese

O primeiro capítulo apresenta uma caracterização das comunidades quilombolas do estudo, bem como todos os procedimentos e instrumentos utilizados no campo e na composição do biorrepositório utilizado. Ressalta-se a importância desse capítulo, pois a partir desse estudo nosso conjunto de dados e amostras biológicas foi registrado como biorrepositório do Laboratório de Genética da Universidade de Brasília, em cumprimento à Portaria nº 2.201, de 14 de setembro de 2011 e à Resolução CNS nº 441, de 12 de maio de 2011 que tratam das diretrizes para Biorrepositório e Biobanco de Material Biológico Humano com Finalidade de Pesquisa.

O segundo capítulo apresenta a história demográfica, por meio do padrão de migração das comunidades quilombolas e discussão do conceito *quilombo*.

O terceiro capítulo apresenta um estudo da composição genética das comunidades quilombolas por meio das estimativas de ancestralidade genética individual e populacional, obtidas por um painel de marcadores bialélicos do tipo INDEL, além da investigação da relação autotaxonomia fenotípica e ancestralidade genética.

O quarto capítulo apresenta um estudo epidemiológico descritivo de desenho transversal, mostrando os dados de prevalência dos fatores associados a doenças cardiovasculares entre homens e mulheres, bem como a influência da urbanização no estilo de vida das comunidades e a percepção individual sobre o estado geral de saúde.

E finalmente o quinto capítulo, apresenta um estudo sobre a influência da autotaxonomia fenotípica e ancestralidade genética individual na distribuição e variação de fatores associados a doenças cardiovasculares em cada quilombo avaliado.

CAPÍTULO 1 BIORREPOSITÓRIO DE DADOS E AMOSTRAS BIOLÓGICOS DE POPULAÇÕES URBANAS E QUILOMBOLAS

1.1 Descrição das comunidades quilombolas

O Laboratório de Genética do Instituto de Ciências Biológicas da Universidade de Brasília tem trabalhado com comunidades quilombolas certificadas pela Fundação Cultural Palmares desde 1998 (Oliveira et al., 2001; Oliveira et al., 2002; Ribeiro et al, 2009; Amorim et al, 2011; Ribeiro et al, 2011; Gontijo et al, 2014).

As comunidades Cocalinho, Pé do Morro e Kalunga estão localizadas na região Central do Brasil (Figura 1.1). Kalunga está situada em uma zona rural de difícil acesso, apresentando-se como um conjunto de povoados, Cocalinho está localizada em uma vila na zona rural, e Pé do Morro, dentro do município de Aragominas, mais urbanizado que as outras comunidades. Kalunga já apresenta terras tituladas, Cocalinho está em avaliação por antropólogos do Instituto Nacional de Colonização e Reforma Agrária (INCRA) e Pé do Morro, com certificação mais recente em relação às outras comunidades avaliadas, ainda não apresenta terras tituladas.



Figura 1.1 Localização geográfica das comunidades quilombolas analisada no presente estudo. A) Mapa do Brasil, em destaque o Estado de Goiás e Tocantins no centro do território brasileiro; B) Mapas do Estado do Tocantins e Goiás (marcador amarelo: Comunidade Quilombola Cocalinho, marcador preto: Comunidade Quilombola Pé do Morro e marcador vermelho: Comunidade Quilombola Kalunga) (Google Earth)

Kalunga

A comunidade mais antiga entre as estudadas é a comunidade quilombola Kalunga, que foi reconhecida como Sítio Histórico e Cultural pelo estado de Goiás em 1991 e foi certificada pela Fundação Cultural Palmares em 2001. Está situada no nordeste do Estado de Goiás, em regiões dos municípios de Cavalcante, Monte Alegre e Teresina de Goiás, a aproximadamente 360 quilômetros (www.google.com.br/maps) de Brasília, Distrito Federal (Figura 1.2)

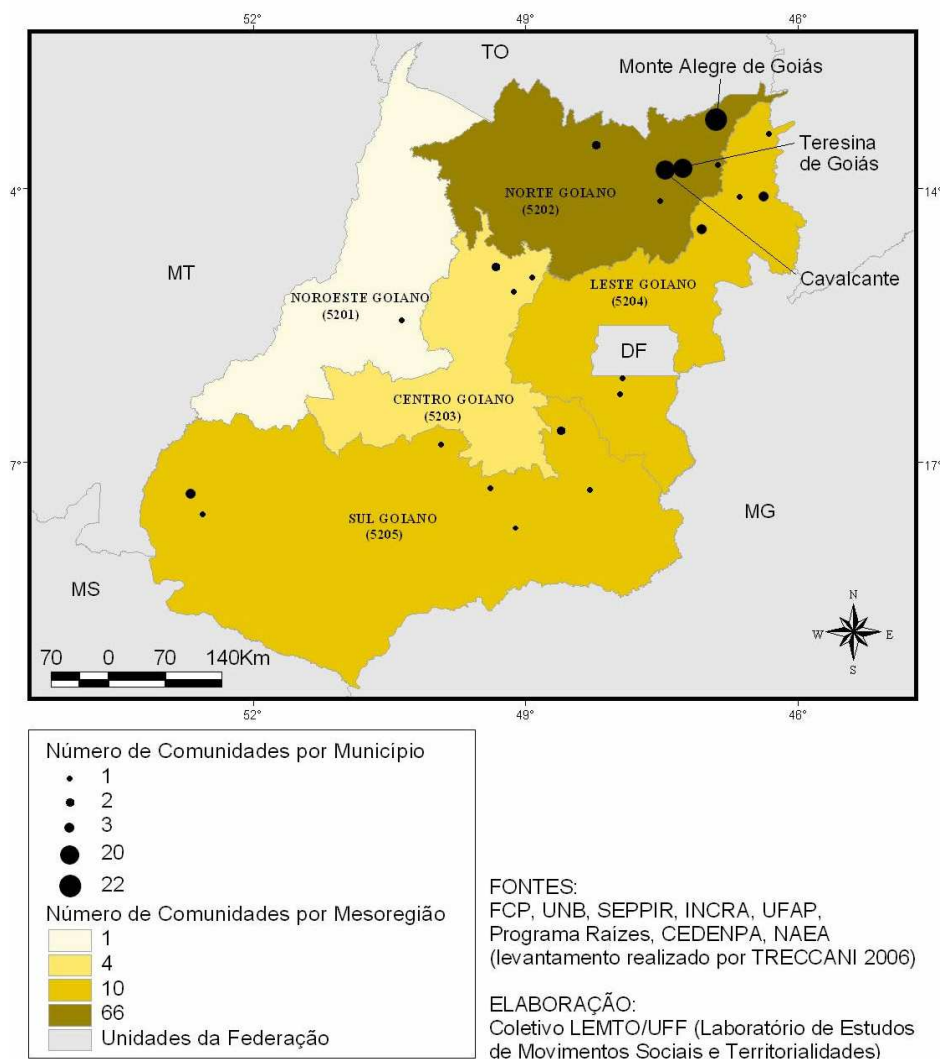


Figura 1.2 Distribuição das comunidades e territórios quilombolas auto-identificados no Estado de Goiás. Fonte: http://laced.etc.br/site/sistema_quilombo/mapas/quilombos_ident_geocod_go.jpg

Kalunga é um dos maiores remanescentes de quilombos do Brasil (cerca de 5300 habitantes) e com alto destaque histórico na região Centro-Oeste. Para os povos chamados Congo ou Angola, Kalunga era uma palavra ligada às suas crenças religiosas. A partir de outra inferência, Kalunga poderia ser o ato de incorporar àqueles que passam para uma outra

dimensão da vida - a força dos seus antepassados (Siqueira, 2007). A comunidade ocupa uma área de aproximadamente 258 mil hectares na zona rural do estado. Está estruturada em vários povoados, sendo os principais Vão de Almas, Vão de Moleque e Engenho. Estes povoados estão dispersos pelo território Kalunga, sem que haja, entretanto, um isolamento geográfico entre eles. Apesar disso, há uma identidade dos próprios habitantes em relação a qual povoado pertencem (ANEXO 1). Sua população é formada por descendentes de escravos que foram levados para a região da atual cidade de Monte Alegre para trabalharem nas “Minas do Tocantins”. De acordo com Soares (1995), escravos teriam fugido das minas no final do século XVIII e formado o quilombo. Contudo, relatos de moradores apontam que seus ancestrais foram abandonados pelos bandeirantes quando o ouro das minas acabou e, com receio de serem novamente capturados, eles permaneceram escondidos por várias décadas. Ao longo do tempo, vilas e cidades cresceram nas proximidades da área Kalunga e os quilombolas começaram a manter relações comerciais com os habitantes dos centros urbanos (Meegen-Silva, 1999).

Cocalinho e Pé do Morro

Cocalinho foi reconhecida oficialmente como Remanescente de Quilombo no ano de 2006 pela Fundação Cultural Palmares e está localizada aproximadamente a sete quilômetros de distância do município de Santa Fé do Araguaia, Tocantins, município com 6599 habitantes. A comunidade de Pé do Morro está localizada dentro município de Aragominas, Tocantins, município com 5882 habitantes (IBGE, 2010) e foi oficialmente reconhecida no ano de 2010. As duas comunidades de Tocantins são geograficamente próximas (aproximadamente 60 quilômetros - www.google.com.br/maps), fazendo parte da micro-região Araguaína. Araguaína tem aproximadamente 154.484 habitantes (IBGE, 2010) e está entre as sedes regionais do Estado e assume uma posição de pólo para a região norte do estado do Tocantins, para o sudeste do Pará e sul do Maranhão. A Figura 1.3 apresenta a distribuição de comunidades quilombolas no Estado de Tocantins.

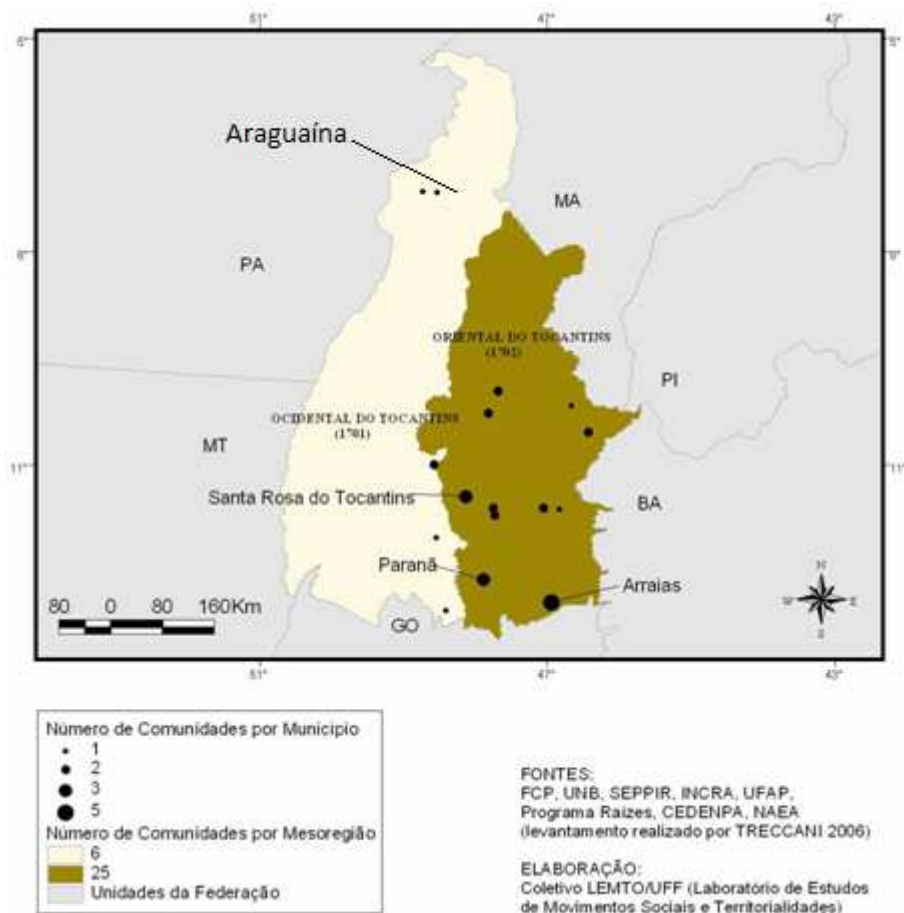


Figura 1.3 Distribuição das comunidades e territórios quilombolas auto-identificados no Estado de Tocantins Adaptado de: http://laced.etc.br/site/sistema_quilombo/mapas/quilombos_ident_geocod_to.jpg.

A formação das comunidades quilombolas do extremo norte do Tocantins ocorreu quando famílias inteiras oriundas, em sua maioria, do Maranhão, se estabeleceram na área. Sabe-se que as frentes de expansão da Romaria Negra iniciaram na década de 50, na Microrregião do Araguaia, sendo que uma partia de Goiás e a outra do Maranhão (Velho, 2009). Pode-se afirmar que este movimento de ocupação teve início com a chamada Marcha para o Oeste, política do primeiro governo Vargas (1930-1945), iniciada na década de 1930, cujo objetivo era povoar o Centro Oeste do país. Esse processo gerou um movimento intenso na região até as décadas de 1960. Além disso, o isolamento do extremo Norte goiano em relação ao Sul do estado facilitava uma rede de comércio entre aquela região e os estados do Pará e Maranhão. Não havia uma unidade econômica em Goiás até a construção da rodovia Belém-Brasília nas décadas de 1950 a 1960, pois as únicas rotas que permitiam o acesso a região eram os rios Araguaia e Tocantins (Oliveira, 2010). O ANEXO 2 apresenta a distribuição das comunidades quilombolas do Tocantins por micro-regiões.

Segundo os moradores de Pé do Morro, 22 famílias maranhenses e piauienses - uma única cearense – foram guiados por uma beata negra nordestina Antônia Barros de Souza, que afirmou ter tido uma visão, que dizia haver um local que todos o habitariam e que tal lugar guardava um cruzeiro e era sagrado e, portanto, podiam viver “segundo a tradição dos antigos” (Coelho, 2010). A partir de 1954, uma nova onda de migrantes nordestinos aumentou a circunferência de ocupação ao redor do morro. Com a eclosão do fenômeno de autoidentificação de comunidades quilombolas em 2003, iniciou-se uma intensa atividade intelectual nas comunidades quilombolas com o objetivo de expressar sua condição de coletivo.

1.2 Aspectos éticos

Este estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa (CEP) da Faculdade de Ciências da Saúde da Universidade de Brasília (UnB) no dia 16/09/2013 sob registro 214/13 CAAE: 16542613.8.0000.0030 (ANEXO 3). O projeto foi desenvolvido no Laboratório de Genética do Departamento de Genética e Morfologia do Instituto de Ciências Biológicas da UnB, tendo apoio do Laboratório Sabin para realização dos exames referentes às análises clínicas e Laboratório de Genética Humana e Médica da Universidade Federal do Pará (UFPA) para as análises de marcadores genéticos. Após aprovação pelo Comitê de Ética em Pesquisa foram entrevistados os presidentes das Associações das Comunidades Quilombolas, com a finalidade de explicar os objetivos da pesquisa, bem como coletar dados gerais sobre as comunidades (APÊNDICE 1) e estabelecer o plano de recrutamento dos sujeitos de pesquisa. O Termo de Consentimento Livre e Esclarecido (TCLE) (APÊNDICE 2) foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa e assinado por todos os participantes dessa pesquisa ou por seus responsáveis.

1.3 Plano de recrutamento e levantamento dos membros da comunidade

A estratégia de amostragem para Cocalinho e Pe do Morro foi baseada no número de quilombolas registrados na associação e no caso de Kalunga, indivíduos convidados pelos agentes de saúde local. Foram convidados prioritariamente os moradores e/ou casais mais idosos ou mais antigos das comunidades de forma aleatória, buscando representar a maioria das famílias. A **Tabela 1.1** mostra a cobertura do estudo considerando o número estimado de indivíduos associados e o número de indivíduos incluídos no estudo. A participação dos sujeitos de pesquisa ocorreu após o preenchimento do TCLE.

Tabela 1.1 Caracterização da amostragem dos três quilombos com relação ao número de quilombolas registrados nas suas respectivas associações e cobertura do estudo (em %)

Quilombos	Número de associados*	Participantes da pesquisa	Porcentagem de cobertura (%)
Kalunga	2000	214**	10,70
Cocalinho	272	70	25,74
Pé do Morro	398	63	15,83

* Considerados apenas os indivíduos adultos cadastrados na Associação Quilombola da comunidade correspondente.

** 91 indivíduos do povoado de Vão de Almas e 123 indivíduos de Vão do Moleque

O estudo foi conduzido por uma equipe interdisciplinar constituída por professores, estudantes e técnicos da UnB, professores e estudantes do Instituto Federal do Tocantins (IFTO), técnicos de enfermagem, agentes de saúde e, no caso de Kalunga, enfermeiros da Secretaria Municipal de Saúde de Cavalcante, Estado de Goiás. O trabalho de campo foi delineado em dois eixos, a coleta de dados por meio de questionários, com finalidade de acessar dados de relevância histórica, demográfica e epidemiológica, e a coleta de amostras biológicas para avaliação de dados relacionados à saúde e avaliação dos marcadores genéticos. Por questões logísticas, considerando disponibilidade de transporte, recursos humanos e operacionalização para realização dos exames laboratoriais, cada comunidade foi estudada por um período correspondente a três semanas, aproximadamente, sendo a primeira semana destinada ao levantamento dos membros da comunidade e recrutamento, e a segunda e terceira semanas aos questionários, parâmetros antropométricos, aferição de pressão arterial e coleta de amostras biológicas. A coleta de dados e amostras biológicas das comunidades quilombolas de Cocalinho e Pé do Morro ocorreu durante os meses de maio e setembro de 2014, respectivamente. A coleta na comunidade Kalunga ocorreu durante os meses de abril e maio de 2015 e as amostras obtidas representam dois dos povoados localizados no território da comunidade, Vão de Almas e Vão do Moleque. De acordo com lideranças das comunidades, o local adequado para coleta de dados e amostras foi a sede da associação. Imagens ilustrativas das comunidades estudadas e trabalho de campo podem ser observadas no ANEXO 4.

1.3.1 Critérios de Inclusão

Os indivíduos selecionados para o estudo foram aqueles maiores de 18 anos registrados na Associação da Comunidade Quilombola e recrutados aleatoriamente. As amostras

selecionadas para avaliação da ancestralidade genética foram de indivíduos não aparentados entre eles (grau de parentesco máximo aceitável = 1/16). Ressalta-se maior inclusão de casais representantes de cada família.

1.4 Instrumentos de coleta de dados

A noção de posição desigual dentro da sociedade brasileira levou o Ministério da Saúde a elaborar um plano voltado para o estudos da magnitude e dinâmica dos problemas relacionados à saúde da população negra. Este plano está dentro da Agenda Nacional de Prioridades de Pesquisa em Saúde (Saúde, 2008) e nos direcionou na formulação dos instrumentos e definição dos exames laboratoriais do presente trabalho. Entre os estudos da agenda, podemos destacar : "a situação de saúde das populações negras vivendo em remanescentes dos antigos quilombos (quilombolas); informação estatística do quesito cor e de outras variáveis, importantes no monitoramento da equidade em saúde; análise epidemiológica da morbimortalidade por doenças genéticas e por doenças agravadas pelas condições de vida; revisão sistemática sobre saúde da população negra, doenças, agravos e condições da população negra; hemoglobinopatias, hipertensão, diabetes mellitus e seus agravos"

Todos os participantes receberam um código e foram fotografados. Em seguida, foram submetidos a um questionário estruturado (APÊNDICE 3). A coleta de dados por meio de questionário estruturado busca garantir a padronização das informações. O questionário foi aplicado a todos os indivíduos participantes da pesquisa. Além disso, foram baseados nos questionários da 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 foca principalmente em morbidade, estilos de vida e uso de serviços de saúde, primordialmente em âmbito urbano. Apesar das informações referentes ao nível nacional não permitirem realizar inferências locais, a elaboração de instrumentos padronizados favorece o seu uso em distintos níveis e a realização de estudos em amostras populacionais específicas, como os remanescentes de quilombos. Para minimizar problemas de subjetividade de avaliação, os entrevistadores foram previamente treinados. A padronização dos procedimentos foi garantida pelos manuais específicos de antropometria e coleta de amostras biológicas

disponibilizados no site da Pesquisa Nacional em Saúde, com instruções detalhadas sobre os procedimentos adequados para a coleta de cada medida.

1.4.1 Determinantes sociais de saúde

Foram coletados dados, por meio do questionário estruturado, sobre determinantes sociais de saúde como: tipo de habitação, fornecimento de água, energia elétrica, coleta de lixo, alimentação, acesso a serviços de saúde, educação, trabalho e meio ambiente, entre outros (Quadro 1). Após tabulação, os dados receberam escalas e scores para análise estatística. Foi inserida questão sobre autodeclaração sobre saúde (SRH, do inglês *Self-Rated Health*), por ser esta uma medida de saúde amplamente reconhecida em pesquisas populacionais nos Estados Unidos e América Latina (Perreira e Telles, 2014).

Quadro 1 Áreas e variáveis referentes aos dados sobre determinantes sociais de saúde.

Área das variáveis	Variáveis
Biologia Humana	Sexo Dados fenotípicos (cor da pele e traços físicos) Idade Histórico de doenças transmissíveis e não transmissíveis, incluindo genéticas Fertilidade Dados antropométricos Pressão arterial Exames laboratoriais Ancestralidade genômica
Condições sociais, econômicas e ambientais	Escolaridade Renda Estado civil Ocupação Tipo de habitação Saneamento ambiental Tratamento de água Animais domésticos
Estilo de vida	Atividade física Tabagismo Consumo de álcool Alimentação Uso de medicamentos/drogas Uso de plantas medicinais Exposição a produtos tóxicos Comportamento sexual (incluindo uso de métodos contraceptivos)
Serviços de saúde	Utilização de serviços médico-odontológicos

1.4.2 Pressão arterial e dados antropométricos

A pressão arterial dos voluntários foi aferida por profissionais habilitados com uso de estetoscópio (SOLIDOR®) e esfigmomanômetro (SOLIDOR®), por método indireto, com manguitos de tamanhos apropriados, seguindo as recomendações das VI Diretrizes Brasileiras de Hipertensão (2010). Foram realizadas três medições, com intervalo mínimo de cinco minutos, e calculando-se na sequência a média das aferições. A primeira medida das pressões

sistólica e diastólica foi obtida assim que o indivíduo se apresentou para o pesquisador, após ter ficado em repouso por pelo menos 15 minutos. Cerca de 5 minutos após a primeira, duas novas aferição das pressões foram obtidas. Os valores de PA adotados para o estudo foram a média das três aferições de pressão sistólica e diastólica. A hipertensão foi definida como pressão arterial sistólica ≥ 140 mmHg e/ou pressão arterial diastólica ≥ 90 mmHg ou uso de medicamentos antihipertensivos.

Para mensuração do peso e altura foi utilizada balança antropométrica (MICHELETTI MIC 1/CA classe III Série 76193/2013 Portaria Inmetro: 258/02) com capacidade para 150 quilogramas (kg), estando os indivíduos descalços, com o mínimo de roupas e adereços. A altura foi aferida na posição ortostática, braços estendidos ao longo do corpo, cabeça erguida, sendo utilizado o estadiômetro acoplado da balança antropométrica. A circunferência abdominal (CA) foi mensurada no ponto médio, situado entre a crista ilíaca e o último arco costal, com fita métrica inelástica com capacidade de 150 cm e precisão de 0,1cm. As medidas antropométricas e a aferição de pressão arterial seguiram técnicas previamente estabelecidas e publicadas nos Manuais da Pesquisa Nacional em Saúde (Szwarcwald et al., 2014)

Existem diferentes maneiras de mensuração da obesidade e do acúmulo da gordura abdominal. O cálculo do índice de massa corporal – IMC (por meio do peso e altura) e a aferição da circunferência abdominal (CA) são medidas objetivas, de baixo custo e de simples obtenção, tanto em inquéritos populacionais como na prática clínica e no monitoramento em saúde (Tomasi et al., 2014). A classificação do IMC dos indivíduos adultos, proposta oficialmente pela Organização Mundial de Saúde (OMS), é útil para identificação de indivíduos que possuem risco de morbidade e mortalidade devido à obesidade. Os sujeitos de pesquisa foram classificados em: subpeso, se $IMC < 18,5 \text{ kg/m}^2$; normal se $18,5 \leq IMC < 24,9 \text{ kg/m}^2$; com sobrepeso, se $25 \leq IMC < 29,9 \text{ kg/m}^2$, e obesos, se $IMC \geq 30,0 \text{ kg/m}^2$, de acordo com a Organização Mundial de Saúde. A OMS estabelece como ponto de corte para risco cardiovascular aumentado em europeus a medida de circunferência abdominal igual ou superior a 94 cm em homens e 80 cm em mulheres. Porém, estabelece para os indivíduos sul-asiáticos, centro e sul-americanos um ponto de corte para homens correspondente à medida de CA igual ou superior a 90 cm para homens e igual ou superior a 80 cm para mulheres.

De acordo com as Diretrizes Brasileiras de Obesidade (2009), o cálculo do IMC é um bom indicador, mas não totalmente correlacionado com a distribuição de gordura corporal. Esse índice não distingue massa gordurosa de massa magra, podendo ser pouco estimado em

indivíduos com idade mais avançada, em decorrência de sua perda de massa magra e diminuição do peso, e superestimado em indivíduos com maior percentual de massa muscular (Godoy-Matos et al., 2009). No presente estudo, além das recomendações da OMS, foi calculada a razão circunferência abdominal-estatura (CA/E), que tem se mostrado mais adequado na literatura do que o IMC e CA, na detecção de fatores de risco para doenças cardiovasculares e metabólicas, em ambos os sexos. Tal medida foi categorizada em $< 0,5$ (normal) e $\geq 0,5$ (aumentada) (Ashwell et al., 2012).

1.4.3 Amostras biológicas

No dia anterior à coleta de amostras biológicas foi realizada uma palestra explicativa com as orientações sobre jejum e procedimento adequado para coleta de urina e fezes, bem como a distribuição de panfletos explicativos e frascos coletores. Para o exame parasitológico de fezes foi utilizado o coletor COPROPLUS, que contém líquido conservante específico.

No dia da coleta, as amostras de sangue foram coletadas em seis tubos à vácuo (cada um correspondente a um volume de 5 mL) BD Vacutainer® , específicos para os exames. Foram coletados dois tubos contendo anticoagulante EDTA para os exames hematológicos (hemograma, tipagem sanguínea, falcização e eletroforese de hemoglobina), um tubo contendo anticoagulante fluoreto para dosagem da glicose, um tubo sem anticoagulante para os exames de perfil lipídico, creatinina e aminotransferases e dois tubos EDTA para painel de ancestralidade. Após coleta de sangue, a equipe de campo juntamente com membros da associação quilombola ofereceram lanche para os participantes.

Todas as amostras biológicas foram encaminhadas ao laboratório por meio de transporte terrestre em caixas refrigeradas com gelox (Polar Técnica®) no mesmo dia da coleta até os Laboratórios Sabin, localizado em Palmas, Tocantins e Brasília, Distrito Federal. Todas as amostras biológicas, destinadas à eletroforese de hemoglobina e análise do DNA foram encaminhadas para Brasília, Distrito Federal.

Amostras de sangue (aproximadamente 10 mL) foram destinadas à extração de DNA utilizando-se o método de extração do Puregene modificado, de acordo com o protocolo (ANEXO 5). O DNA extraído das amostras foi codificado, utilizando-se números e letras, havendo uma única identificação para cada indivíduo. Estas amostras de DNA genômico foram armazenadas mediante assinatura do Termo de consentimento livre e esclarecido para armazenamento de amostras biológicas (APÊNDICE 4).

Cada amostra de DNA foi quantificada com o auxílio de um espectrofotômetro (Nanodrop ND-1000, da Thermo Scientific). O DNA extraído foi armazenado em microtubos devidamente etiquetados com códigos e mantidos em freezer a -20°C no Laboratório de Genética da Universidade de Brasília em biorrepositório, conforme regulamento aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa (APÊNDICE 5).

1.4.4 Exames laboratoriais

Com relação as análises hematológicas e bioquímicas, foram selecionados exames de triagem, que representam exames para indivíduos assintomáticos para a identificação presuntiva de doença não reconhecida anteriormente. Os exames realizados, com seus respectivos métodos (fornecidos pelo laboratório de apoio) e valores de referência estão listados no Quadro 2.

Os resultados dos exames laboratoriais foram entregues para os participantes, mediante avaliação dos médicos colaboradores do projeto, que orientaram cada um dos participantes e encaminharam os resultados ao médico da Unidade Básica do município referência, Cavalcante para Kalunga, Santa Fé do Araguaia para Cocalinho e Aragominas para Pé do Morro.

Quadro 2 Métodos e valores de referência dos exames laboratoriais.

Exame laboratorial	Método/Reagentes/Análise ou equipamento	Valores de referência		
Hemograma	Citometria de fluxo/ SIEMENS /ADVIA 120	Eritrograma	Homens	Mulheres
		Hemáceas	4,50 a 6,10	4,00 a 5,40 milhões/mm ³
		Hemoglobina	13,0 a 16,5	12,0 a 15,8 g/dL
		Hematócrito	36,0 a 54,0	33,0 a 47,8 %
		VCM	80,0 a 98,0	80,0 a 98,0 fL
		HCM	26,8 a 32,9	26,2 a 32,6 pg
		CHCM	30,0 a 36,5	30,0 a 36,5 g/dL
		RDW	11,0 a 16,0	11,0 a 16,0
		Leucograma		
		Leucócitos	3.600 a 11.000/mm ³	100 (%)
		Bastonetes	0 a 550/mm ³	0-5 (%)
		Segmentados	1.480 a 7.700/mm ³	40-70 (%)
		Eosinófilos	0 a 550/mm ³	0-7 (%)
		Linfócitos	740 a 5.500/mm ³	20-50 (%)
		Monócitos	37 a 1.100 /mm ³	3-14 (%)
		Plaquetas		
		Plaquetas	140.000 a 450.000/mm ³	
		VMP	6,8 a 12,6 fL	
Grupo sanguíneo e Fator Rh	Prova em tubo/Fresenius/Visualização	Não se aplica		

Exame laboratorial	Método/Reagentes/Análise ou equipamento	Valores de referência
Pesquisa de falcização de hemáceas	Metabissulfito de sódio/ CROMOLINE/Microscopia	Negativo
Perfil lipídico	Colesterol total: Enzimático/SIEMENS/ DIMENSION; Triglicérides: TRINDER sem branco do soro/SIEMENS/ DIMENSION; HDL: enzimático, Homogêneo sem etapa de centrifugação/SIEMENS/ DIMENSION; LDL: Cálculo pela formula de Friedwald, Colesterol Não HDL: Calculado	<p>Colesterol Total Desejável: Inferior a 200 mg/dL Limítrofe: 200 a 239 mg/dL Alto: Igual ou superior a 240 mg/dL</p> <p>Colesterol Não HDL Ótimo < 130 mg/dL Desejável - 130 a 159 mg/dL Alto - 160 a 189 mg/dL Muito alto - Igual ou superior a 190 mg/dL</p> <p>Colesterol HDL Desejavel: Superior a 60 mg/dL Baixo: Inferior a 40 mg/dl</p> <p>Triglicérides Desejável: Inferior a 150 mg/dL Limítrofe: 150 a 199 mg/dL Alto: 200 a 499 mg/dL Muito alto: Igual ou superior a 500 mg/dL</p> <p>Colesterol LDL Ótimo: Inferior a 100 mg/dL Desejável: 100 a 129 mg/dL Limítrofe: 130 a 159 mg/dL Alto: 160 a 189 mg/dL Muito alto: Igual ou superior a 190 mg/dL</p>
Transaminase oxalacética TGO (AST)	IFCC modificado/SIEMENS/ DIMENSION	15 a 37 U/L
Transaminase oxalacética pirúvica TGP (ALT)	IFCC modificado/ SIEMENS/ DIMENSION	12 a 78 U/L

Exame laboratorial	Método/Reagentes/Análise ou equipamento	Valores de referência
Creatinina	Enzimático Jaffe modificado/ SIEMENS/ DIMENSION	Feminino : 0,50 - 1,10 mg/dL Masculino : 0,60 - 1,30 mg/dL
Glicose	Hexoquinase/SIEMENS/ DIMENSION	Normal : 70 a 99 mg/dL Intolerancia glicose Jejum: 100 a 125 mg/dL Diabetes mellitus : > 126 mg/dl
Eletroforese de hemoglobina	Eletroforese Capilar/Sebia/ Capillarys	Hemoglobina A: Adultos 96,5 a 98,0 % Hemoglobina A2: 2,2 a 3,5% Hemoglobina F: 0,0 a 1,0%
Rotina de urina	Automatizado e microscopia/Fita COMBUR/Microscopia	<p>Características gerais</p> <p>Cor amarela</p> <p>Aspecto límpido</p> <p>pH 5,0 a 7,5</p> <p>Densidade a 25° C : 1.015 a 1.020</p> <p>Elementos anormais</p> <p>Proteínas Negativo</p> <p>Glicose Normal</p> <p>Corpos cetônicos Negativo</p> <p>Bilirrubinas Negativo</p> <p>Hemoglobina Negativo</p> <p>Urobilinogênio Normal: < 1,0 mg/dL</p> <p>Nitrito Negativo</p> <p>Sedimentoscopia</p> <p>Células epiteliais Ausentes</p> <p>Leucócitos até 10.000 /mL</p> <p>Hemáceas até 10.000 /mL</p> <p>Cilindros Ausentes 0 /mL</p> <p>Cristais Ausentes</p> <p>Muco e filamentos ausentes</p> <p>Flora bacteriana Normal</p>
Parasitológico de fezes	Sedimentação e concentração/COPROPLUS/Microscopia	Negativo

Após a finalização da amostragem foram selecionadas amostras e sub-amostras, a partir da coleta total do biorrepositório, sendo que na Figura 1.4 elencamos o número de amostras utilizadas em cada capítulo da presente tese.

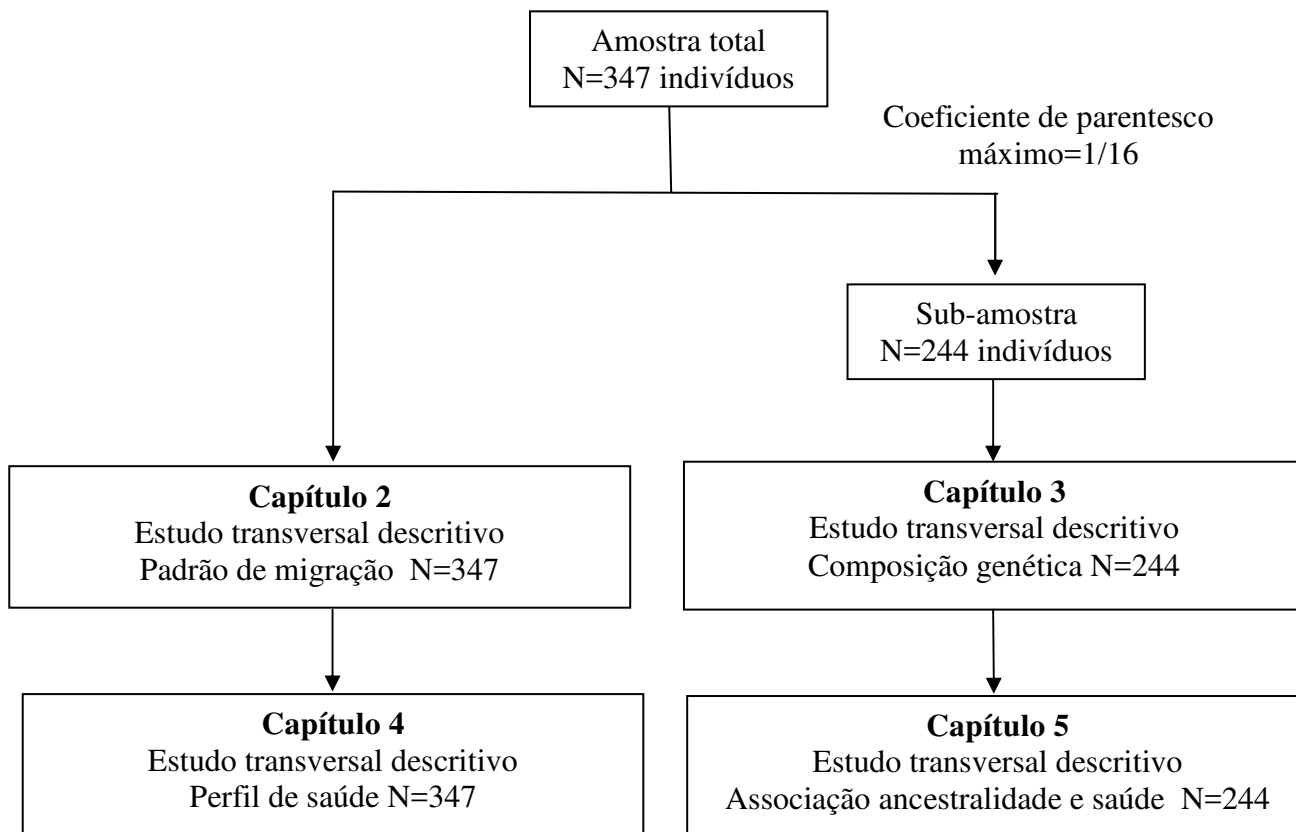


Figura 1.4 Esquema referente ao universo amostral utilizado no estudo apresentado em cada capítulo. Para os Capítulos 2 e 4 foi utilizada a amostra total N=347 e para os Capítulos 3 e 5 foi utilizado a sub-amostra N=244.

O presente estudo foi estruturado em cinco capítulos interdependentes, com o objetivo de descrever o delineamento e métodos utilizados (Capítulo 1), analisar a história de migração das comunidades quilombolas elencadas (Capítulo 2), a composição genética (Capítulo 3), o panorama epidemiológico (Capítulo 4) e a investigação da associação entre estimativas de ancestralidade genética e ocorrência de fatores de risco para doenças cardiovasculares. Para melhor entendimento foram destacados os métodos específicos em seu respectivo capítulo.

CAPÍTULO 2 HETEROGENEIDADE DE FORMAÇÃO E PADRÃO DE MIGRAÇÃO EM QUILOMBOS CONTEMPORÂNEOS

2.1 INTRODUÇÃO

2.1.1 A formação dos quilombos

Uma das questões estruturais relacionadas à população brasileira, que continua merecendo investigação, são os aspectos historiográficos e antropológicos da formação e distribuição da população de ancestralidade africana no território brasileiro. O registro histórico sobre o período de comércio e tráfico de escravos é bastante incompleto, em parte pela imprecisão e escassez de documentos da época. A primeira metade do século XIX foi caracterizada por vários tratados visando abolir o tráfico negreiro, o que no Brasil só ocorreu efetivamente em 1850 (Anjos, 2011). No quadro da ilegalidade e clandestinidade imprecisos, os portos de saída na África e entrada no Brasil deixaram de ser registrados e passaram a ser constantemente modificados para escapar à fiscalização. Estima-se que 40% de todos os africanos trazidos para as Américas como escravos (3,6 a 10 milhões de indivíduos) foram direcionados para portos brasileiros. Esse é o período em que foram dissolvidas as rotas do tráfico triangular entre a América, a África e a Europa. No Brasil, os colonizadores europeus e seus descendentes escravizaram e importaram sete vezes mais africanos do que os colonizadores da América do Norte (Telles, 2004; Anjos, 2011).

Os escravos de origem africana resistiram ao cativeiro de diversas formas, como aborto, suicídio, redução da capacidade e qualidade do trabalho (Neme e Andrade, 1987; Vila Real, 1996). Contudo, a fuga e o refúgio em lugares de difícil acesso, formando os quilombos ou mocambos, era a maneira que os escravos encontravam de se livrarem da escravidão. Há atualmente registros e vestígios da presença de quilombos em todas as regiões do Brasil, com exceção dos estados do Acre e Roraima (FCP, 2014).

Dado o amplo predomínio numérico de homens no tráfico transatlântico e na própria composição do sistema de escravidão, as mulheres e os escravos nascidos no Brasil obtinham liberdade numa proporção muito maior do que as expectativas estatísticas. Este grupo constituiu 69% do universo das alforrias, contra apenas 31% de africanos libertados. A alforria preferencial de mulheres escravas em idade fértil afetou a reprodução demográfica auto-sustentável da escravidão brasileira, o que acabou por acentuar o papel estrutural do tráfico negreiro transatlântico para repor a força de trabalho escrava (Marquese, 2006). Esse padrão demográfico se consolidou com as descobertas auríferas na virada do século XVII para

o XVIII, ampliando-se geograficamente. A atração que a possibilidade de enriquecimento rápido exerceu sobre a população metropolitana e colonial foi imensa, levando grandes contingentes humanos a se transferirem para a nova região das minas. Esse afluxo constituiu a primeira grande migração maciça na história demográfica brasileira (Marcílio, 1999 *apud* Marquese, 2006).

Os quilombos se ampliaram no século XVIII, com o aumento do volume do tráfico negreiro transatlântico e a formação dos núcleos de mineração no interior do território, assumindo diferentes modalidades de norte a sul da América portuguesa. Além dos numerosos quilombos de dimensões variáveis, verificou-se no território brasileiro no início do século XIX outra forma de resistência escrava coletiva, já presente no Caribe inglês, o ciclo de revoltas africanas que agitou o Recôncavo Baiano entre 1807 e 1835 (Marquese et al., 2006). Desde o princípio da colonização no século XVI, os africanos escravizados se engajaram em um combate firme contra a condição de escravizados em núcleos de resistência diversos, entre os quilombos destaca-se a República de Palmares, a Revolta dos Alfaiates, Balaiada, Revolta dos Malês, entre tantos outros núcleos que continuaram no pós-abolição em oposição às conseqüências da escravidão. Após Palmares, um dos maiores e mais representativos quilombos formados no Brasil, houve uma progressiva especificação das funções do capitão-do-mato, responsável legal nas diferentes localidades da América portuguesa pela captura de escravos fugitivos e delimitação do que seria uma comunidade quilombola. A institucionalização da figura do capitão-do-mato e a definição de quilombo como qualquer ajuntamento composto de alguns poucos escravos fugitivos teriam tolhido a formação de comunidades rebeldes com as proporções de Palmares (Nascimento, 1980; Marquese, 2006).

Além dos quilombos constituídos no período escravocrata, a maioria deles foi formado após a abolição formal da escravatura, pois essa forma de organização comunitária continuaria a ser, para muitos, a única possibilidade de viver em liberdade e de integração social. Constituir um quilombo tornou-se um imperativo de sobrevivência, posto que a Lei Áurea, diferentemente do propugnado pelo movimento abolicionista, não considerou mecanismos de integração social e redistribuição de terras (SEPPIR, 2012). Os egressos do cativeiro e os afro-descendentes de um modo geral foram privados e tiveram dificuldades de acesso ao emprego, à moradia, à educação, à saúde pública, à participação política, enfim, ao exercício pleno da cidadania. Dessa forma, uma parte deles não permaneceu passiva, dando origem a múltiplos movimentos de protesto, impulsionando os movimentos de mobilização

negra no Brasil, como o Movimento negro. Este movimento, desde o fim do sistema de escravidão, já acumula experiência de gerações, consolidando a busca na resolução de problemas sociais provenientes da discriminação racial praticamente por todo o período republicano (Domingues, 2007).

2.1.2 Aspectos jurídicos e etnográficos

A importância de destacar a dimensão étnico-racial nos estudos populacionais e na legislação se deve ao reconhecimento da discriminação histórica que os povos africanos e indígenas sofreram e que resultaram em condições de marginalidade e vulnerabilidade da abolição da escravidão até a atualidade. Após a Convenção Nacional "O Negro e a constituinte", realizada no Distrito Federal, foi aprovado o Artigo 68 do Ato das Disposições Constitucionais Transitórias (ADCT), da Constituição Federal de 1988, que dispõe que "aos remanescentes das comunidades de quilombos é reconhecida a propriedade definitiva, devendo o Estado emitir-lhes os respectivos títulos". O artigo centrou no direito coletivo de titulação da terra, como um patrimônio cultural, sendo detido por comunidades de remanescentes dos quilombos existentes no período da escravidão brasileira (Santos e Doula, 2008).

Segundo Decreto 4.887, artigo 2º, de 20 de novembro de 2003, remanescentes de quilombos são "grupos étnico-raciais, segundo critérios de auto-atribuição, com trajetória histórica própria, dotados de relações territoriais específicas, com presunção de ancestralidade negra relacionada com a resistência à opressão histórica sofrida". Este documento regulamenta o procedimento para identificação, reconhecimento, delimitação, demarcação e titulação das terras ocupadas por remanescentes das comunidades de quilombo. Muitos países latino americanos também reconheceram legalmente comunidades afro-derivadas. Na Colômbia, o direito das comunidades afrodescendentes consta na Constituição Política de 1991 (artigo 55) e na Lei 70/1993. A Nicarágua reconhece os direitos territoriais e a autonomia dessas comunidades na Constituição Política de 1987. No entanto, a efetivação de tais direitos tornou-se possível por meio da Lei nº445/2003, voltada ao que nesse país se denominam as comunidades étnicas. A Constituição da República do Equador de 2008, por sua vez, reconhece direitos coletivos ao povo afro equatoriano, dentre eles direitos territoriais (especialmente nos artigos 56, 57 e 58). O Equador está em processo de elaboração de uma norma para definir a implementação das "Circunscripciones territoriales" (INCRA, 2012).

Legalmente, a certificação, reconhecimento e titulação dos quilombos competem ao Ministério de Desenvolvimento Agrário, por meio do Instituto Nacional de Colonização e Reforma Agrária - INCRA, que pode estabelecer convênios diversos a fim de que esta atribuição seja cumprida. Ao Ministério da Cultura, por meio da Fundação Cultural Palmares, cabe o trabalho de acompanhamento do processo, conferindo seguridade no que tange a questões culturais. A Secretaria Especial de Promoção da Igualdade Racial cabe assistir o INCRA nas questões relativas aos direitos raciais e territoriais.

Os Territórios Quilombolas são titulados de forma coletiva e indivisa. Essa medida se dá em proveito da manutenção desse território para as futuras gerações, sendo que, esta terra uma vez reconhecida, não poderá ser vendida. Trata-se de uma política que frequentemente desagrade a terceiros, pois retira terras do mercado imobiliário e da exploração particular de recursos naturais, assim dificultando o processo de titulação. De acordo com o relatório sobre os Territórios Quilombolas de 2012, existiam naquela ocasião 121 títulos emitidos, regularizando 988.356,6694 hectares em benefício de 109 territórios, 190 comunidades e 11.946 famílias quilombolas (INCRA, 2012). Segundo relatório atualizado do INCRA (2017) existem 220 títulos emitidos, regularizando 754.811,0708 hectares em benefício de 152 territórios, 294 comunidades e 15.910 famílias quilombolas, assim distribuídos.

Além da legislação relacionada à certificação e titulação de terras, foi criado o Programa Brasil Quilombola, lançado em 12 de março de 2004, com o objetivo de consolidar os marcos da política de Estado para as áreas quilombolas. Esse programa é coordenado pela Secretaria Especial de Política de Promoção da Igualdade Racial - SEPPIR - em ação conjunta com os organismos federais vinculados ao já citado Decreto nº 4.887/2003, estabelece estratégias destinadas ao desenvolvimento sustentável dos quilombolas em consonância com aspectos históricos, direito à titulação e a permanência na terra, da regulamentação fundiária, da saúde, da educação, dentre outros.

2.1.3 Comunidade negra rural brasileira e migração interna

A mobilidade dos trabalhadores de áreas rurais já ocorria desde a época colonial, porem se intensificou no período pós-abolição. O deslocamento entre cidades era comum durante a escravidão, embora haja dificuldade em identificar os migrantes internos por ser um movimento populacional pouco documentado (Santos, 2015). Em busca da possibilidade de contrair matrimônio, aliada à possibilidade de obtenção de terras, muitos homens livres não brancos migraram (Costa, 2015). Ressalta-se que as comunidades negras rurais brasileiras se

formaram a partir das senzalas, quilombos e romeiros livres que comercializavam produtos da sua economia agrária. No Estado do Maranhão (localizado na região Nordeste do Brasil), por exemplo, o campesinato que articulou quilombos e senzalas, deu origem às comunidades negras rurais ainda na escravidão (Gomes, 2011; Santos, 2015). Diante da marginalização e da ausência de uma política de integração social, grande parte dos libertos e seus descendentes migraram em busca de terras distantes nas quais pudessem praticar agricultura de subsistência e ocupar periferias distantes dos centros urbanos (Silva, 2011).

Pode-se afirmar que a comunidade quilombola tem origem no campesinato negro, povos que conseguiram ocupar uma terra e obter autonomia política e econômica. Entre essas, diversas comunidades rurais negras foram formadas a partir da doação de terra a libertos, por seus ex-proprietários, da ocupação de terras devolutas, do estabelecimento em fazendas abandonadas e da compra de terras não legalizadas. Antes da Abolição da escravatura (1888), libertos e negros livres subsistiram como caboclos ou como pequenos plantadores nas margens e nos interstícios das fronteiras agrícolas em expansão, ao lado de quilombos formadas por cativos fugidos. Dessa condição emergiu um conjunto de trabalhadores expropriados ou semi-expropriados, constituído por ex-trabalhadores escravizados, negros, mulatos, índios e mestiços marginalizados em um contexto econômico de subsistência (Brazil, 2006).

Em determinadas regiões, a decadência das grandes fazendas e de sistemas de porte médio favoreceu o deslocamento dos libertos para terras contíguas aos locais de moradia anterior, seja por meio de compra ou da ocupação de terras devolutas ou terras de ingerência da própria igreja católica, onde continuaram a viver da agricultura e da manufatura para subsistência e abastecimento dos mercados locais. A formação de redes familiares extensas, em moldes bastante similares aos africanos, resultaria em um modo de produção coletivo que persiste no Brasil. Foi assim que os sítios foram se configurando em povoados, onde famílias negras compartilham modos de vida, crenças, mitos e memórias, aspectos de uma cultura própria que nutriu as identidades sociais atualmente identificadas e reconhecidas como “comunidades quilombolas” (ABA, 2012).

2.1.4 Comunidades quilombolas no Estado de Goiás e Tocantins

No Brasil, a geografia dos quilombos é muito fragmentada, podendo se observar remanescentes por todo o território nacional (Diniz, 2008) (Figura 2.1). A Fundação Cultural Palmares (órgão federal responsável pelo reconhecimento e certificação das comunidades

quilombolas no Brasil) certificou, de janeiro de 2004 a fevereiro de 2015, 2.474 comunidades remanescentes de quilombos em todo o país. A Região com maior número de comunidades quilombolas é a região Nordeste, que conta com 1805 grupos remanescentes de quilombos, correspondendo a 63,35% do seu total, seguida das Regiões Sudeste, com 402 (14,11%), Norte, com 345 (12,10%), Sul com 172 (6,04%) e finalmente Centro-Oeste, com 126 comunidades, equivalendo a 4,4% das comunidades certificadas pela Fundação (FCP, 2015). O Estado do Maranhão abrigou um grande número de escravos, fato que determinou a formação de um número significativo de quilombos (Fiabani, 2008).

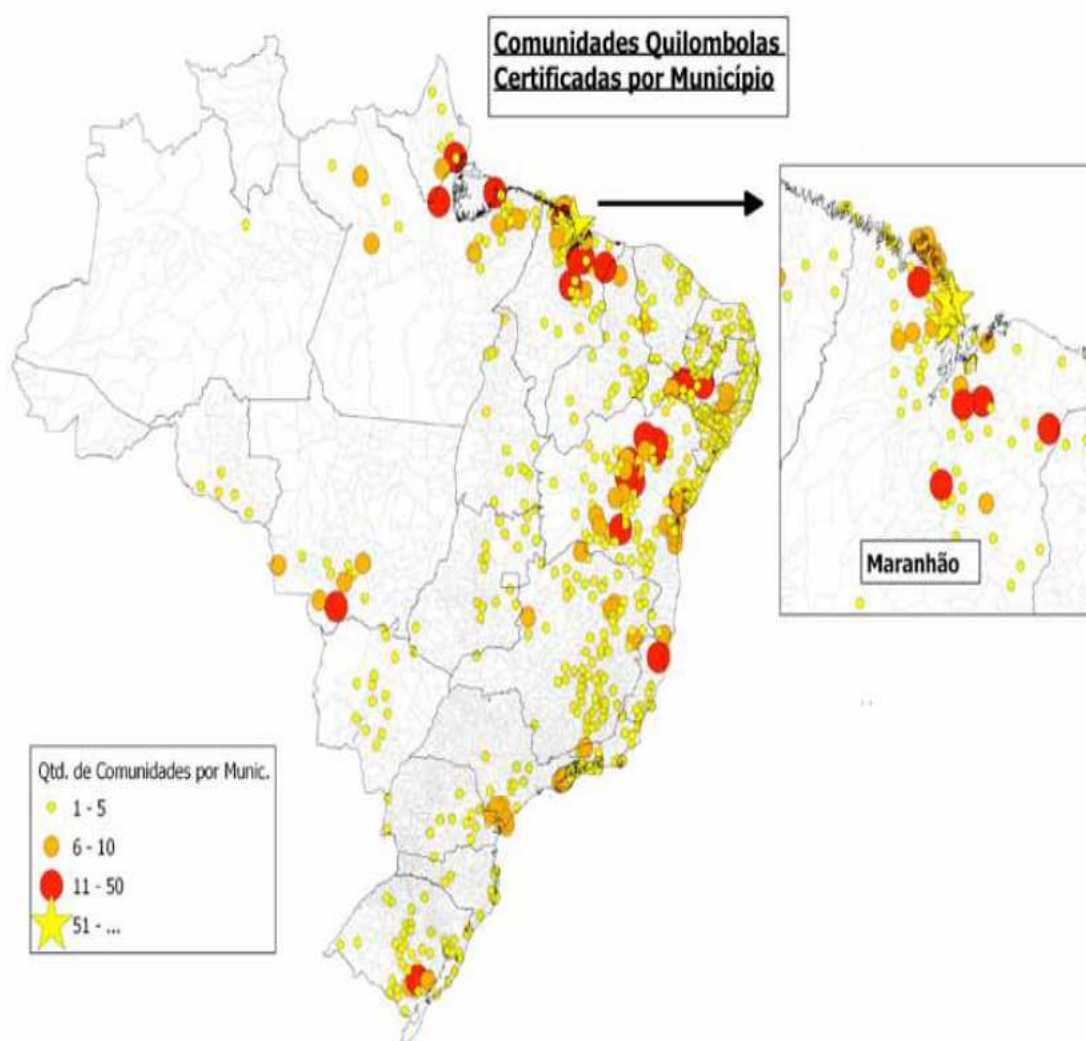


Figura 2.1 Distribuição das comunidades quilombolas brasileiras por município. Em destaque o Estado do Maranhão, apresentando mais de 51 comunidades quilombolas por município. Fonte: Programa Brasil Quilombolas - Secretaria de Políticas de Promoção da Igualdade Racial (2012).

A região central do país foi uma das últimas áreas do Brasil a ser povoada, tendo seu povoamento intensificado no século XVIII com a descoberta de ouro na região de Goiás. O primeiro levantamento populacional, realizado em 1804, mostrou que 41% da população era constituída por escravos (Palacín, 1994). No que diz respeito à região do antigo norte do Estado de Goiás, hoje Tocantins, pode-se afirmar que foi durante os séculos XVII e XVIII que se deu o início da ocupação dessa tensa área. O sertão do norte da capitania de Goiás, termo mais usado na literatura que trata da região, foi devassado por sertanistas, missionários, criadores de gado e aventureiros em busca de ouro. A partir do descobrimento das minas do norte de Goiás, formaram-se os primeiros povoados com pequenos aglomerados populacionais constituídos por barracos que, mais tarde, tomaram feições urbanas e constituíram os chamados arraiais, nos quais os negros foram maioria entre os anos de 1780 e 1785. Os negros eram escravos fugidos de áreas mineradoras de outros arraiais e por esse motivo ela ficou conhecida como Chapada de Negros (Anjos, 2006; Lopes, 2009). Isso se deve ao fato desta região apresentar território com relevo favorável para formação dessas comunidades e exército não muito forte, diante dos conflitos contra nativos americanos e o contrabando de ouro (Karash, 1996).

O Estado do Tocantins foi criado em 1988, após um século e meio de lutas em favor da separação do norte de Goiás, localizando-se na região Norte do Brasil, que possui a maioria do seu território incluído na área do Cerrado e da Amazônia Legal. De acordo com os dados da Fundação Cultural Palmares (2015), foram reconhecidas 33 comunidades quilombolas no Estado de Goiás e 44 comunidades quilombolas no Tocantins, a maioria situada em municípios da Bacia do Rio Tocantins e do Rio Araguaia.

2.2 OBJETIVOS

O objetivo desse capítulo foi discutir o conceito ampliado de quilombo com base na autoclassificação fenotípica, proporção de migrantes e nas estruturas de casamentos em comunidades quilombolas com diferentes níveis de urbanização, assim como com as discussões presentes na literatura.

2.3 MATERIAIS E MÉTODOS

As populações, procedimentos e instrumentos utilizados nas atividades de campo estão descritos detalhadamente no Capítulo 1 do presente trabalho. Em destaque os métodos

utilizados para o presente capítulo, localização das comunidades quilombolas do estudo e comunidades quilombolas utilizadas em estudo comparativo (Figura 2.2).

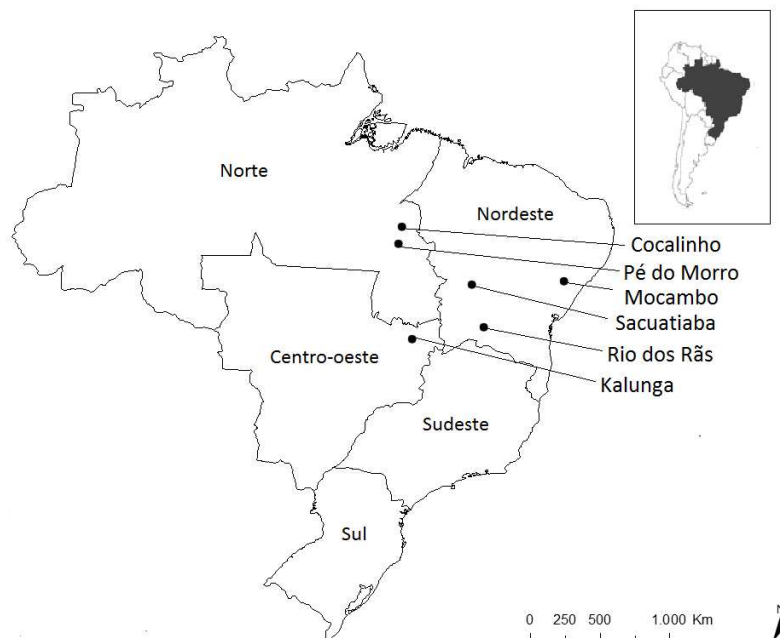


Figura 2.2 Mapa do Brasil mostrando as cinco regiões administrativas e a localização das comunidades quilombolas abordadas nesse capítulo.

2.3.1 Análise demográfica

A caracterização demográfica foi baseada em entrevistas com 347 indivíduos residentes de três comunidades quilombolas e registrados nas associações quilombolas locais. Todos aqueles indivíduos que relataram ter um cônjuge, foram adicionalmente questionados sobre o local de nascimento de cada membro do casal. Aos imigrantes foi questionado o motivo da migração. Estimou-se a proporção nativos/migrantes e homens/mulheres, bem como a proporção de casamentos endogâmicos. A endogamia trabalhada no presente estudo se refere à endogamia local, na qual o indivíduo se casa com outro da sua população ou comunidade, e não à endogamia de parentela. Foi considerado nativo o indivíduo nascido no território da comunidade.

Para a categorização dos casamentos, os entrevistados (participantes) forneceram dados sobre seus ascendentes (pais e avós), o que permitiu estimar a proporção de casais formados por dois membros nativos (casamento endogâmico), por um membro nativo e outro migrante (casamento exogâmico) e por dois membros imigrantes (casamento entre migrantes).

Entre os casamentos categorizados como exogâmicos, foi estimada a proporção de patrilocais (a esposa é imigrante) e matrilocais (o esposo é imigrante), assim determinando a proporção e categorias de casamentos, patrilocais e matrilocais. A partir desses dados, foi calculado o índice P:M, que representa a razão entre o número de casamentos patrilocais e matrilocais. O número de cada tipo de casamento foi obtido por contagem direta. As gerações foram numeradas na seguinte ordem: geração 1 (G1) representando os avós, geração 2 (G2) representando os pais e geração 3 (G3) os filhos, esta última a geração que participou do estudo respondendo o questionário. A Tabela 2.1 apresenta o número de casais obtidos por contagem em cada geração nas comunidades quilombolas estudadas. Assim, estimou-se a relação entre nativos e imigrantes, bem como a proporção de casamentos endogâmicos e exogâmicos.

Tabela 2.1 Estimativas do número de casais, por geração (G1 - avós, G2 - pais e G3 – respondentes), nas comunidades quilombolas.

Comunidades Gerações	Estimativas do número de casais		
	Cocalinho	Pé do Morro	Kalunga
Geração 1 (G1)	87	70	242
Geração 2 (G2)	52	52	133
Geração 3 (G3)	46	40	126

2.3.2 Análise fenotípica

Os participantes desse estudo foram questionados sobre a classificação fenotípica, utilizando as categorias do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE). O Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística – IBGE é o órgão governamental brasileiro responsável pela formulação e coleta dos censos populacionais a cada década no Brasil. Desde 1950, o IBGE aplica as categorias de branco, pardo (misto), preto, amarelo (asiático) e, desde 1991, incluiu a categoria indígena (Telles, 2004). A cor da pele é considerado a forma de classificação étnico-racial utilizada no Brasil. Embora as categorias estruturais do IBGE aparentemente se refiram à cor da pele, na verdade se relacionam a um complexo de pigmentação da pele, cor e textura do cabelo, cor dos olhos, forma do nariz e espessura dos lábios, que conjuntamente compõem a classificação "cor" (Pena, 2005). Os dados obtidos foram comparados com os dados do Censo 2010 (IBGE, 2010) da área urbana próxima das

comunidades, isso é, referentes à macrorregião de localização das comunidades quilombolas, a unidade federativa e municípios próximos, estes últimos representando referência para a comunidade em relação a serviços, educação e saúde.

Acessou-se os seguintes dados: idade, sexo, local de nascimento, número de casamentos e categorias de casamento ao longo de três gerações (avós, pais e filhos) e classificação fenotípica e motivo da migração (Quadro 2.1).

Quadro 2.1 Questões utilizadas para a coleta de dados para o presente capítulo

Questões	Objetivo
Sexo?	Determinação da proporção de homens e mulheres adultos na comunidade
Qual sua data de nascimento?	Determinação da faixa etária da amostra
Onde nasceu? Cidade e Estado?	Identificação do indivíduo como nativo ou migrante
Qual seu estado conjugal? Opções: Solteiro, Casado, Separado, União Estável, Viúvo	Determinação da proporção de casamentos
Qual a cor da sua raça? Opções: Branco, Negro, Misto (pardo), Amarelo (asiático), Indígena	Determinação da autoclassificação fenotípica
Onde nasceu seu esposo (a)? Cidade e Estado?	Classificação do estrutura do casamento (endogâmico, exogâmico e entre migrantes)
Onde nasceram seus pais? Cidade e Estado?	
Onde nasceram seus avós maternos? Cidade e Estado?	
Onde nasceram seus avós paternos? Cidade e Estado?	
Se nasceu em outro lugar, por que veio para a comunidade? Opções: Acompanhamento da família, Trabalho em um local específico da comunidade (fazenda, mata, margem do rio etc), busca de trabalho e melhores condições de vida, convite de algum membro da comunidade, não sabe informar	Identificar o motivo da migração para a comunidade quilombola

2.3.3 Análise estatística

As comparações entre as variáveis categóricas (sexo, padrão de migração e autoclassificação fenotípica) foram testadas em pares pelo teste Qui-quadrado de Pearson. O teste ANOVA foi utilizado na análise das variáveis quantitativas (idade). Todas as variáveis contínuas foram testadas para a normalidade. As análises foram realizadas utilizando o software IBM SPSS Statistics 2.0. Statistical Program (SPSS, Chicago, IL, USA) e SAS, versão 9.4 (StataCorp.,CollegeStation, Estados Unidos).

2.4 RESULTADOS

2.4.1 Padrão de migração e autoclassificação fenotípica

151 homens e 196 mulheres, com faixa etária de 18 a 87 anos, mediana= 51 e média de idade equivalente a $54,68 \pm 13,31$ participaram do estudo. A maioria dos indivíduos envolvidos no estudo se autoclassificaram negros 188 (54,18%) e mistos 133 (38,33%), enquanto 16 (4,61%) brancos e 3 (0,86%) ameríndios. Considerando o estado conjugal, maioria dos indivíduos declararam ser casados (46,40%) e ter uma união estável (22,48%).

A distribuição de imigrantes e nativos não foi a mesma entre as comunidades. Kalunga apresentou maior frequência de nativos (apenas três migrantes identificados no estudo), enquanto nas comunidades Cocalinho e Pé do Morro, observou-se maior proporção de imigrantes 82,86% e 93,65%, respectivamente. Entre os indivíduos da Comunidade de Cocalinho e arredores, 37,14% nasceram, no Estado do Maranhão, 24,29% no Tocantins, 20,00% no Piauí e o restante em demais localidades do país. A formação de Cocalinho está intimamente relacionada a seis famílias pioneiras do Estado do Maranhão que apresentam muitos descendentes ainda hoje na pequena vila. Já em Pé do Morro, 23,81% e 17,46% nasceram no Maranhão e Tocantins, respectivamente, e 15,87% no Estado do Ceará, com o restante nas demais localidades no país (Figura 2.3).

Considerando os motivos que acarretaram a migração para a comunidade, em Cocalinho, 20 (34,48%) dos migrantes alegaram acompanhamento de familiares, 11 (18,97%) vieram para um trabalho específico, 24 (41,38%) em busca de melhores condições de vida e ocupação de terras, 1 (1,72%) foi convidado por um membro da comunidade e 2 (3,45%) não souberam responder. Em Pé do Morro, 36 (61,01%) alegaram acompanhamento de familiares, 5 (8,47%) vieram em busca de trabalho específico, 16 (27,12%) em busca de

melhores condições de vida e terras, 1(1,70%) foi convidado e 1(1,70%) não soube responder. Em Kalunga, foram observados apenas três migrantes, dois que migraram acompanhando a família e um em busca de trabalho específico e casamento com nativo.

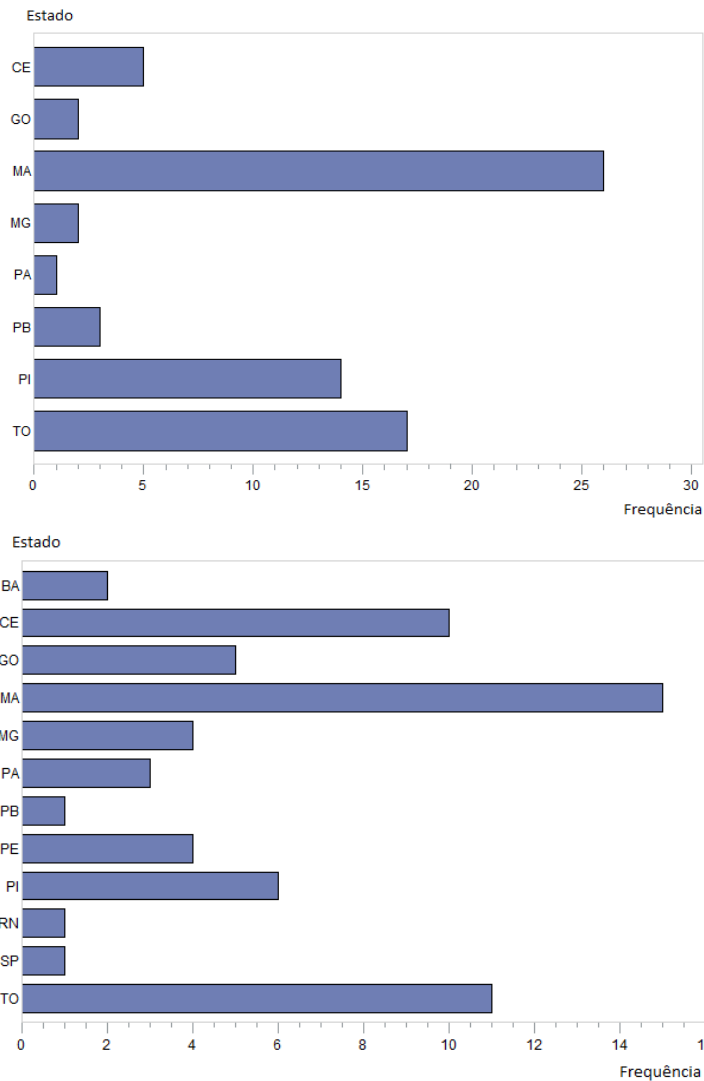


Figura 2.3 Distribuição dos indivíduos quilombolas avaliados da Comunidade de Cocalinho (n=70) e da Comunidade de Pé do Morro (n=63) de acordo com o Estado de nascimento.

Analisando-se a proporção de nativos e imigrantes entre os sexos, em Kalunga não foi observado nenhum imigrante do sexo feminino. Em Cocalinho foi observada uma diferença significativa, apresentando um maior número de homens imigrantes e mulheres nativas. Já a comunidade Pé do Morro apresentou proporções similares na distribuição de homens e mulheres entre nativos e imigrantes (Tabela 2.2).

Tabela 2.2 Distribuição da proporção de homens e mulheres, nativos e imigrantes nas comunidades quilombolas estudadas.

Quilombo	Migração	Sexo				Valor p
		Mulher		Homem		
		N	%	N	%	
Cocalinho	Imigrante	31	73,8	27	96,4	0,014
	Nativo	11	26,2	1	3,6	
Pé do Morro	Imigrante	35	94,6	24	92,3	0,714
	Nativo	2	5,4	2	7,7	
Kalunga	Imigrante	--	--	3	3,1	0,055
	Nativo	117	100,0	94	96,9	

Testes de Qui-quadrado de Pearson
gl: graus de liberdade (graus de liberdade)=1

Considerando a relação entre migração e idade, verificou-se uma diferença significativa na distribuição de imigrantes e nativos entre as diferentes faixas etárias na amostra populacional da comunidade Pé do Morro (Tabela 2.3). Analisando-se a proporção de nativos e migrantes entre as categorias fenotípicas, não foi observada associação significativa entre a distribuição de imigrantes e nativos e a autoclassificação fenotípica (Tabela 2.4).

Os dados relativos a comparação dos dados com os dados do Censo 2010 (IBGE, 2010) estão apresentados na Tabela 2.5. Pela análise descritiva, observou-se diferença na distribuição das categorias fenotípicas entre as amostras populacionais estudadas e demais regiões avaliadas pelo censo demográfico, com proporção maior de autoclassificados negros nas comunidades do estudo. A partir de um teste de aderência entre os dados do Brasil e os dados do presente estudo, observou diferença significativa entre as distribuições das frequências fenotípicas relativas entre as populações envolvidas na análise (valor $p=0,000$).

Tabela 2.3 Distribuição da proporção de nativos e imigrantes entre faixas etárias

Quilombo	Faixa Etária	Migração				Valor p
		Imigrante		Nativo		
		N	%	N	%	
Cocalinho	Até 20 anos	--	0,0	0	0,0	0,120
	De 21 a 30 anos	6	10,3	4	33,3	
	De 31 a 40 anos	8	13,8	2	16,7	
	De 41 a 50 anos	13	22,4	4	33,3	
	De 51 a 60 anos	9	15,5	2	16,7	
	De 61 a 70 anos	14	24,1	0	0,0	
	De 71 a 80 anos	8	13,8	0	0,0	
	De 81 a 90 anos	--	0,0	0	0,0	
Pé do Morro	Até 20 anos	--	0,0	1	25,0	0,010
	De 21 a 30 anos	1	1,7	0	0,0	
	De 31 a 40 anos	4	6,8	1	25,0	
	De 41 a 50 anos	10	16,9	0	0,0	
	De 51 a 60 anos	13	22,0	1	25,0	
	De 61 a 70 anos	18	30,5	1	25,0	
	De 71 a 80 anos	11	18,6	0	0,0	
	De 81 a 90 anos	2	3,4	0	0,0	
Kalunga	Até 20 anos	--	0,0	1	0,5	0,310
	De 21 a 30 anos	--	0,0	2	1,0	
	De 31 a 40 anos	1	33,3	11	5,4	
	De 41 a 50 anos	--	0,0	65	32,2	
	De 51 a 60 anos	--	0,0	56	27,7	
	De 61 a 70 anos	2	66,7	48	23,8	
	De 71 a 80 anos	--	0,0	16	7,9	
	De 81 a 90 anos	--	0,0	3	1,5	

Testes de Qui-quadrado de Pearson

gl: graus de liberdade= 5 (Cocalinho) 2 (Kalunga e Pé do Morro)

Tabela 2.4 Distribuição da proporção de nativos e imigrantes entre as categorias fenotípicas adotadas no presente estudo.

Quilombo	Migração	Autoclassificação fenotípica								valor p
		Ameríndio		Branco		Misto		Negro		
		N	%	N	%	N	%	N	%	
Cocalinho	Imigrante	2	100,0	7	87,5	13	92,9	36	78,3	0,531
	Nativo	--	--	1	12,5	1	7,1	10	21,7	
Pé do Morro	Imigrante	--	--	6	100,0	33	94,3	20	90,9	0,702
	Nativo	--	--	--	--	2	5,7	2	9,1	
Kalunga	Imigrante	--	--	--	--	3	3,6	--	--	0,216
	Nativo	1	100,0	2	100,0	81	96,4	120	100,0	

Testes de Qui-quadrado de Pearson

gl: graus de liberdade=3 (Cocalinho e Kalunga) 2 (Pé do Morro)

Tabela 2.5 Autoclassificação fenotípica nas diferentes comunidades quilombolas estudadas, no Brasil, regiões Norte e Centro-Oeste, unidades federativas de Tocantins e Goiás, municípios de Aragominas (TO), Santa Fé do Araguaia (TO) e Cavalcante (GO).

	Total		Branca		Preta		Amarela		Parda		Indígena		Sem declaração	
	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%
Dados do presente estudo														
Kalunga	207		2	0,97	120	57,97	-	-	84	40,58	1	0,48	-	-
Cocalinho e arredores	70		8	11,43	46	65,71	-	-	14	20,00	2	2,86	-	-
Pé do Morro	63		6	9,52	22	34,92	-	-	35	55,56	-	-	-	-
Total da pesquisa	340		16	4,71	188	55,29	-	-	133	39,12	3	0,88	-	-
População brasileira por cor ou raça no ano de 2010 (IBGE, 2010)														
Brasil	190.755.799		90.621.281	47,51	14.351.162	7,52	2.105.353	1,10	82.820.452	43,42	821.501	0,43	36.051	0,02
Norte	15.864.454		3.686.144	23,24	1.033.504	6,51	176.721	1,11	10.659.535	67,19	305.152	1,92	3.398	0,02
Centro-Oeste	14.058.094		5.838.123	41,53	926.905	6,59	208.743	1,48	6.951.395	49,45	130.414	0,93	2.514	0,02
Tocantins	1.383.445		338.388	24,46	125.847	9,10	27.036	1,95	879.318	63,56	12.843	0,93	13	0,00
Goiás	6.003.788		2.487.674	41,44	387.673	6,46	100.797	1,68	3.019.262	50,29	8.016	0,13	366	0,01
Aragominas - TO	5.882		1.172	19,93	743	12,63	266	4,52	3.679	62,55	21	0,36	-	-
Santa Fé do Araguaia - TO	6.599		1.712	25,94	530	8,03	99	1,50	3.973	60,21	284	4,30	-	-
Cavalcante - GO	9.392		1.205	12,83	2.670	28,43	318	3,39	5.166	55,00	34	0,36	-	-

2.4.2 Categorias dos casamentos

Na comunidade quilombola Kalunga, observou-se maior proporção de casamentos endogâmicos, predominantes nas três gerações analisadas. Os casamentos entre migrantes foram observados nas gerações 1 e 2 e os exogâmicos nas três gerações, com predominância de matrilocais. Já os casamentos classificados entre migrantes foram predominantes em todas as gerações das comunidades da Bacia do Araguaia, enquanto os casamentos endogâmicos não foram observados. Foram observados casamentos exogâmicos na geração 3, sendo os matrilocais mais frequentes em Cocalinho e patrilocais em Pé do Morro, como apontado pelos índices P:M. Comparando-se os dados das comunidades quilombolas do Brasil Central com comunidades localizadas no Nordeste previamente estudadas, verificou-se no nosso estudo dois extremos, duas comunidades essencialmente formadas por migrantes e uma comunidade formada por nativos. Já as comunidades do Nordeste apresentaram uma proporção de migrantes entre 16% e 30%, com predominância de casamentos endogâmicos e patrilocais (Amorim et al., 2011). A comunidade Pé do Morro, localizada em área urbana foi a menor comunidade entre as estudadas, e apresentou a maior proporção de migrantes e Kalunga, localizada em área rural semi-isolada foi a maior entre as estudadas, apresentando o maior percentual de casamentos endogâmicos. Os dados referentes às categorias de casamentos ao longo das três gerações investigadas estão apresentados na Tabela 2.6.

Tabela 2.6 Distribuição das categorias de casamentos endogâmicos, exogâmicos e entre migrantes ao longo das três gerações das comunidades quilombolas estudadas por nosso grupo.

Quilombo	Geração	Nº de casais	Proporção N (%) das categorias de casamento					Referências
			EN	EX	BM	P:M	Valor p	
Cocalinho	1	87	-	-	87 (100,0%)	-	0,000	Presente estudo
	2	52	-	-	52 (100,0%)	-		
	3	46	-	9 (19,57%)	37 (80,43%)	0,13		
Pé do Morro	1	70	-	-	70 (100,0%)	-	0,002	Presente estudo
	2	52	-	-	52 (100,0%)	-		
	3	40	-	4 (10,0%)	36 (90,0%)	3		
Kalunga	1	242	223 (92,15%)	5 (2,07%)	14 (5,78%)	0,6	0,008	Presente estudo
	2	133	121 (90,98%)	6 (4,51%)	6 (4,51%)	0,5		
	3	126	120 (95,24%)	6 (4,76%)	-	0,5		
Mocambo	1	188	144 (76,6%)	29 (15,4%)	15 (8,0%)	0,7	0,000	Amorim et al., 2011
	2	143	95 (66,4%)	37 (25,9%)	11 (7,7%)	1,1		
	3	80	44 (55,0%)	32 (40,0%)	4 (5,0%)	1,1		
Sacutiaba	1	59	27 (45,8%)	25 (42,4%)	7 (11,9%)	0,09	0,0320	Amorim et al., 2011
	2	46	26 (56,5%)	18 (39,1%)	2 (4,4%)	0,64		
	3	46	20 (43,5%)	16 (34,8%)	10 (21,7%)	7		
Rio das Rãs	1	161	123 (76,4%)	17 (10,5%)	21 (13,0%)	6,2	0,000	Amorim et al., 2011
	3	160	108 (67,5%)	40 (25,0%)	12 (7,5%)	1,5		
	3	166	82 (49,4%)	69 (41,6%)	15 (9,0%)	1,6		

Testes de chi-quadrado de Pearson EN: casamento endogâmico, EX: casamento exogâmico, BM: casamento entre migrantes, P:M: razão entre casamentos patrilocais e matrilocais.

2.5 DISCUSSÃO

Comunidades quilombolas contemporâneas afirmam sua origem à resistência ao sistema de escravidão, porém há dificuldades de se encontrar registros sobre sua história e outras evidências. A reconstrução histórica destas populações resulta principalmente de dados historiográficos, sendo grande parte da história proveniente de narrativas orais (Funari, 1996; Silva, 1997; Ribeiro, 2005). Verificou-se no estudo, dois tipos de composição demográfica de comunidades quilombolas, um tipo essencialmente formado por indivíduos migrantes e outro formado por indivíduos nascidos e criados na comunidade há pelo menos três gerações.

Segundo a Associação Kalunga, o quilombo foi formado há aproximadamente 200 anos e seus moradores viveram escondidos na região por mais de 150 anos sem entrar em contato com o mundo exterior. De acordo com pesquisadores, Kalunga foi descoberto pelo governo federal entre os anos 60 e 70, quando a extinta Superintendências de Campanhas de Saúde Pública (SUCAM), agência do governo federal brasileiro, buscou estabelecer contato com essa população. Foi em 1982, quando um grupo de antropólogos chamou a atenção para a construção de uma usina hidrelétrica no Rio Paranã, que prejudicaria centenas de famílias de Kalunga, que o resto do país conheceu essa comunidade. O projeto hidrelétrico foi cancelado. Nesse ponto, não havia informações sobre o povo Kalunga e, a partir disso, começaram o processo para reivindicar suas terras (Bahiocci, 1996). Portanto, Kalunga se encaixa na definição tradicional de um quilombo e, desde 1991, sua área foi oficialmente reconhecida pelo governo estadual de Goiás como um local histórico - Patrimônio Cultural Kalunga. Entretanto, em 2001 foi certificada como comunidade quilombola pela Fundação Cultural Palmares.

Em Cocalinho e Pé do Morro, foi observada uma proporção de imigrantes, oriundos principalmente do Maranhão. Ressalta-se que Estado do Maranhão abrigou um grande número de escravos, fato que determinou a formação de um número significativo de quilombos e comunidades negras rurais (Fiabani, 2008). Aliado a isso, o Estado do Maranhão apresentou a formação de uma cultura camponesa marcada pela presença de negros, índios e outros grupos da sociedade. Ainda na atualidade, este estado matém preponderantemente a maioria da sua população em áreas rurais, existindo muitas comunidades negras rurais (Gomes, 2011). De fato, a migração de famílias nordestinas para a Bacia do Araguaia representou uma alternativa em busca de oportunidades e melhores condições de vida, contudo o deslocamento não foi associado à questão econômica apenas, mas também à consolidação das relações afetivas e familiares (Santos, 2015). Um movimento intenso

ocorreu na região até as décadas de 1960, visto que as terras das regiões envolvidas no projeto de interiorização do Brasil valorizaram-se, ensejando que as comunidades tradicionais, em boa parte afro-descendentes, de origens históricas diversas, que haviam passado até então quase despercebidas, conhecessem uma fortíssima pressão fundiária" (Brazil, 2006). De fato, os dados demonstram uma configuração de comunidades quilombolas resultantes de migração recente de comunidades negras, o que nos permite apontar que Cocalinho e Pé do Morro possivelmente se encaixam na definição ampliada de quilombo.

Novos significados vêm sendo construídos acerca das populações quilombolas, já que há uma diversidade de histórias de formação, representando estas uma categoria social alvo de discussões governamentais e políticas públicas. Além de dois diferentes padrões de migração, os quilombos do presente estudo estão localizadas em áreas rural e urbana. É importante destacar que as disposições legais não criam uma nova forma de quilombo, mas sim incorporam na nomenclatura as comunidades negras, rurais ou urbanas, que assumem a responsabilidade de preservar o legado cultural a eles passados por seus ancestrais, estando elas localizadas em terras de antigos quilombos ou não (Santos e Doula, 2008). Ressalta-se que essas comunidades não são a continuidade ou remanescente do mundo africano, da resistência escrava que ocorreu no Brasil ou que apresentam vínculo obrigatório a um passado de escravidão (Arruti, 2006), mas de fato são compreendidas como um grupo que apresenta características étnico-culturais próprias.

Cercados de representações preconceituosas que são atribuídas ao termo quilombo, um significado negativo somado ao desconhecimento de seus direitos legais pode acarretar na renúncia do reconhecimento. A negação de ser negro, escravidão e aspectos relacionados retarda a existência oficial dessas comunidades quilombolas (Santos e Doula, 2008). Já um exemplo contrário ocorreu no município de Ponte Nova, Minas Gerais, onde há três comunidades reconhecidas pela Fundação Palmares (Santos e Doula (2008). Uma das comunidades de remanescentes identificada é, na realidade, um bairro urbano em que há a ocorrência de dois grupos de atividades artísticas de origem afro: um de cantoria (canções entoadas nas senzalas) e outro de manifestações artísticas gerais. O coordenador do grupo de manifestações artísticas afirma ser um dos responsáveis pelo pedido de certidão de Registro que assegura a identificação do bairro como comunidade quilombola. Um outro exemplo de um quilombo em Mato Grosso do Sul que merece ser mencionado em nosso texto foi detalhado por Brazil (2006):

O caso de Furnas de Dionísio é emblemático. Segundo informações orais, Antônio Vieira Dionísio chegou à área rural de Jaraguari, a 48 km de Campo Grande, em 1901, como “escravo fugido” procedente de Minas Gerais ou Goiás, acompanhado de familiares, à busca de espaço de sobrevivência. O que se trata, possivelmente, de fusão de memória histórica, que deve ser elucidada, e não consolidada. Ou seja, possivelmente, Dionísio foi, ou seus genitores, escravos, e, após a Abolição, imigrou e se estabeleceu na região. Em 1901, os quilombos eram fenômenos historicamente superados, devido à abolição da escravatura, treze anos antes. Os estudos antropológicos realizados em 2000 apontaram que a comunidade negra de Furnas do Dionísio recebera a denominação de "remanescente de quilombos". Parece claro que o núcleo de Furnas de Dionísio não constitui população remanescente de quilombo, no seu sentido histórico, mas resultado de ocupação, como tantas outras no Brasil, não legalizada e, portanto, geradora de direito inarredáveis sobre a terra, devido a fenômeno decorrente da exclusão social, econômica, racial, etc. Toda uma realidade que exige elucidação histórica.

Esses exemplos apontam a variação no processo de auto-identificação e interpretações existentes no debate sobre o conceito "quilombo" e a condição de quilombola.

Outro ponto a ser discutido é a localização das comunidades quilombolas, tradicionalmente conhecidas como grupos populacionais rurais. Contudo, em função da expansão dos centros urbanos, vários territórios quilombolas foram inseridos e se tornaram parte de um espaço até então compreendido como não histórico. Por outro lado, outras comunidades quilombolas foram formadas próximas a áreas urbanas, como é o caso da comunidade Pé do Morro. A sobreposição comunidade e município possivelmente tem influenciado na descaracterização da comunidade, já que favorece a modificação de hábitos, migrações e uso da terra. Contudo, há uma visão diferenciada em relação à influência da urbanização. Para Carril (2005), o quilombo urbano se organiza em um meio que é hostil e a identidade quilombola é construída em função de uma história de luta e escassez. Essa história comum unifica o que o contexto espacial parece dividir: o quilombo rural e o quilombo urbano.

Um exemplo de quilombo brasileiro urbano é o quilombo Luízes localizado na capital mineira Belo Horizonte, em um bairro de classe média alta, denominado Grajaú, com aproximadamente 100 membros. Sua origem remete ao final do século XIX, quando a região ainda era conhecida como Curral Del Rei e a uma troca de territórios com a empresa multinacional *Saint John Del Rey Mining Company Limited*, conhecida como Companhia Morro Velho (Comissão Pró-Índio de São Paulo, 2014). Várias comunidades, resultantes da resistência africana, não se confirmaram apenas pela concentração de negros fugidos, o que pode ser evidenciado no Vale do Ribeira, ao sul do estado de São Paulo, onde se observa a presença de inúmeros aglomerados de comunidades quilombolas. Mesmo marcados pelo preconceito, as populações quilombolas não se mantiveram completamente fixas em seus

territórios originais, observando-se a presença da migração como um processo comum, por mais que seja de pequena monta, tanto se originando no quilombo, quanto para ele se dirigindo (Macedo e Suzuki, 2010).

Considerando a dimensão étnico-racial, ações afirmativas e políticas públicas, com a intenção de promover a igualdade de oportunidades aos indivíduos de todas ancestralidades estão sendo implementadas no Brasil ao longo da última década e têm colaborado com um aumento na autoestima e, conseqüentemente, também a um aumento na quantidade de pessoas que se autoclassificam nas categorias “pardo” e “preto”, como o Programa Brasil Quilombola e a Política Nacional de Saúde Integral da População Negra, ambos programas do governo federal voltados para a população negra brasileira. O aspecto étnico-racial foi abordado com base na autoclassificação fenotípica, sendo observada uma proporção maior de auto classificações de afrodescendentes (negros e mistos), o que já era esperado, por serem comunidades quilombolas reconhecidas e inseridas em contexto sociocultural e político específico. Em um ambiente de discriminação, os indivíduos afrodescendentes podem ou não se declarar como tais, mas em uma situação contrária, indivíduos de diferentes categorias étnico-raciais podem se autoidentificar por afinidade, por acesso a políticas específicas e por outras razões (Del Popolo, 2009).

Embora a autoclassificação fenotípica seja um aspecto importante para o reconhecimento como membro de um quilombo, esses grupos exibem todas ou algumas das seguintes características: definição de etnia, rituais ou religiosidade, origem ou ascendência comum, laços de parentesco, relação com a escravidão e, especialmente uma ligação com o seu território (Marques e Gomes, 2013). Para as comunidades afro-derivadas, o reconhecimento cultural, a conexão com a ascendência africana e as tradições culturais tornaram-se um meio primário de obter direitos coletivos à terra e inclusão social (Farfan-Santos, 2015). Muitas comunidades afirmam sua origem em quilombos antigos, no entanto, muitos, se não a maioria dos quilombos, são incapazes de fornecer documentação escrita de sua história e outras evidências. Desde 2007 por meio da Portaria nº 98 de 26 de novembro de 2007, o governo passou a solicitar documentação de história das comunidades quilombolas e as certidões de autodefinição emitidas anteriormente a esta portaria continuaram com sua plena eficácia, não havendo comprometimento relacionado ao reconhecimento.

Visando contribuir com a discussão acerca do conceito de quilombo, nós revelamos a estrutura dos casamentos das três últimas gerações nas três comunidades do estudo. O maior percentual de casamentos entre migrantes nas comunidades de Tocantins justifica-se pela

migração do campesinato negro em busca de terras e oportunidades de trabalho, em contraste com as comunidades do Nordeste previamente estudadas por Amorim e colaboradores (2011), onde foi observado uma maior proporção de casamentos exogâmicos patrilocais quando comparada à proporção de casamentos entre migrantes. De acordo com Wortman (1990), a migração do tipo "viagem" é comum entre as comunidades rurais brasileiras e é caracterizada pela migração de homens para áreas metropolitanas e depois o regresso para suas comunidades com suas esposas migrantes, contexto não observado nas comunidades do Brasil Central. Em Kalunga, observou-se uma predominância de casamentos endogâmicos ao longo das três gerações investigadas e os migrantes, quando presentes, eram do sexo masculino. Esse cenário possivelmente é justificado pela localização e ausência de recursos, região de difícil acesso, ausência de estradas, de energia elétrica, de água encanada e baixa possibilidade de irrigação, o que, conseqüentemente, dificulta a migração. Em Cocalinho e Kalunga, os casamentos exogâmicos matrilocais foram mais comuns que os patrilocais, o que de fato está associado à maior mobilidade dos homens em busca de trabalho (Oliveira e Januzzi, 2005).

Contudo, nas comunidades do Nordeste, os casamentos exogâmicos patrilocais foram mais comuns, provavelmente associados à migração do tipo "viagem", herança patrilocal de terras e mobilidade feminina acompanhando a família (Wortman, 1990; Oliveira e Januzzi, 2005; Wilkins e Malawe, 2006; Chaix et al., 2007). Já a diminuição de casamentos entre migrantes deve ser destacada. De fato, durante o processo de regularização da terra, o acesso à comunidade é mais controlado, pela própria comunidade, de forma a impedir a entrada de imigrantes oportunistas (Véran, 2000). Em Sacutiaba, por exemplo, foi observado um aumento da proporção de casamentos entre migrantes, todavia a proporção de casamentos endogâmicos foi alta, indicando que o processo de regulação da terra acarreta menor entrada de migrantes (Amorim et al., 2011).

De acordo com Gomes (2015) em seu livro "Mocambos e quilombos - Uma história do campesinato negro no Brasil", inúmeras associações rurais, o movimento negro e principalmente o movimento nacional de articulação política quilombolas identificaram mais de cinco mil comunidades que lutam pelo reconhecimento, cidadania, terras e políticas de educação e saúde. Longe de investir nesta noção de quilombo como formação social única, imutável e fixa no tempo, a noção sócio-antropológica está baseada na pesquisa das situações reconhecidas em campo, que se apresentam como uma forma de organização social, diversa, dinâmica e persistente dos afro brasileiros (ABA, 2012). A resistência coletiva em

permanecer em um determinado local composto por referências territoriais de sua memória, representa o elo de ligação da contemporaneidade com a história de resistência à escravidão, que caracterizou o quilombo do período escravista colonial.

2.6 CONCLUSÕES

- ✓ Os indivíduos das comunidades quilombolas se autoclassificam como negros e mistos nessas comunidades com maior frequência do que os habitantes das populações não quilombolas do entorno.
- ✓ Há maior proporção de migrantes no quilombo urbano e no rural não isolado do que no quilombo rural semi-isolado
- ✓ Há um maior número de casamentos exogâmicos nos quilombos urbano e rural não isolado, sendo que casamentos dessa natureza são muito inferiores no quilombo rural semi isolado. Por outro lado, nos quilombos urbano e rural não isolado não foram observados casamentos endogâmicos.
- ✓ Diante dos dados e da literatura, conclui-se que o conceito clássico de quilombos não contempla a diversidade de quilombos atuais e que, portanto, um conceito ampliado é necessário.

CAPÍTULO 3 ANCESTRALIDADE GENÉTICA E AUTOCLASSIFICAÇÃO FENOTÍPICA EM QUILOMBOS CONTEMPORÂNEOS

3.1 INTRODUÇÃO

3.1.1 O componente étnico-racial

A categorização dos humanos em grupos étnico-raciais é um dos temas mais controversos. Embora seja amplamente utilizada em estudos científicos, tanto em epidemiologia quanto na área biomédica, seus significados são frequentemente confundidos ou mesmo desconhecidos. Existem diferentes conceitos utilizados nessa categorização, tais como raça, etnia, etnicidade e ancestralidade, contudo, considerando as implicações biológicas em uma pesquisa, particularmente na área médica, a aplicação desses conceitos pode acarretar uma investigação simplista dos fatores biológicos, sociais ou políticos de um determinado grupo populacional (Rebeeck e Sankar, 2005; Wagner et al., 2016).

A definição clássica de raça, tal como é aplicada em nossa espécie, é baseada em fenótipos como cor da pele, características faciais, forma do nariz e textura do cabelo que diferem claramente quando comparamos os nativos de diferentes regiões do mundo. Porém, essas são características complexas e, portanto, dependentes de interação entre componentes genéticos e ambientais. Com relação ao componente genético, as regiões genômicas responsáveis por esses traços representam uma porção ínfima do genoma humano (Pena, 2005). Dessa forma, a variabilidade de pigmentação da pele, tanto intrapopulacional como interpopulacional, principalmente entre continentes, depende da associação genótipo-ambiente, sendo que essa diversidade apresenta alta correlação com a localização geográfica das populações (Stokowski, 2007) e incidência de raios ultravioleta (RUV) (Walter, 1971). No entanto, na espécie humana, as características de natureza sócio-culturais também devem ser levadas em consideração (Salzano, 2007; Stevens et al., 2015). De fato, raça é uma construção social que prevalece em nosso meio devido à identificação dos traços fenotípicos mencionados, porém a variação humana tende a ser clinal e definida por variações contínuas nas frequências gênicas entre os continentes e não por um modelo taxonômico-racial em categorias (Madrigal e Barbujani, 2007; Wagner et al., 2016).

O termo etnia se estrutura de forma mais ampla que o termo raça, pois inclui o biológico enfatizando a noção de identidade do grupo. Dentro de cada um dos grupos continentais existe um número variável de etnias, com suas características próprias como

cultura, religião, hábitos, estilo e história de vida, língua, padrões econômicos e sócio-ecológicos (Santos, 2010; Silva, 2010). Já o termo etnicidade incorpora variáveis culturais, comportamentais, sociais, religiosas e linguísticas, além de diferenças geográficas, sociais e biológicas são abarcadas pelo termo (Rebeek e Sankar, 2005). Um ponto relevante desse conceito é que ele sempre se baseia na autoclassificação, mostrando, geralmente, uma ligação a um determinado território, o que, de fato, destaca a identidade de um determinado grupo (Silva, 2010).

O conceito de ancestralidade se baseia na categorização de grupos populacionais com diferentes origens geográficas e pode ser confirmada por meio de marcadores genéticos que, por sua vez, mostram frequências gênicas distintas entre esses grupos (Rebeek e Sankar, 2005; Yu et al., 2012). Ressalta-se que todos esse conceitos estão sempre sendo revisados em função das necessidades sociais, culturais, históricas e dos avanços da ciência (Silva, 2010).

É clara a controvérsia na categorização dos grupos populacionais, em especial quando se considera populações miscigenadas distribuídas no mundo como os latino-americanos, os Afro-americanos e hispanos nos Estados Unidos, os caribenhos (origem africana, europeia e nativo-americana), os caboverdianos na África (origem africana e europeia), os *coloured* na África do Sul (origem europeia, africana e indiana), as populações da Ásia Central, como os *kazakos* e *uigures*, que resultam da miscigenação entre asiáticos ocidentais e orientais, dentre outros (Tarazona-Santos et al., 2016). Em geral, a autoclassificação fenotípica é a forma mais utilizada para captar as informações sobre o componente étnico-racial, destacando tanto as características morfológicas e a cor da pele, como ocorre no Brasil, quanto a ancestralidade geográfica, como ocorre nos Estados Unidos (Alves et al, 2005; Stevens et al., 2017).

A autoclassificação fenotípica vem sendo muito utilizada, porém há grandes limitações, em especial com relação aos métodos de coleta de informações e estimativas, que podem variar com a época assim como com o contexto social. Correntemente a autoclassificação pode não corresponder à classificação étnico-racial realizada por terceiros (Perreira e Telles, 2014). Além disso, tem-se variações no desenho do levantamento, redação e conteúdo das perguntas, cobertura do levantamento em áreas de difícil acesso, falta de capacitação dos entrevistadores, dificuldade de comunicação e participação dos indivíduos a serem entrevistados (Ánton e Del Popolo, 2009).

Apesar das limitações operacionais, o interesse de diversos países latino-americanos na investigação da composição étnico-racial por meio de censos demográficos tem aumentando de forma significativa. Entre 1970 e 1980 estavam disponíveis apenas alguns

dados isolados, enquanto que o volume de dados disponíveis aumentou significativamente, sugerindo que esses países, em especial, têm tomado consciência da participação desses grupos na organização da sociedade (Antón e Del Popolo, 2009).

De acordo com os dados oficiais de cada país e considerando as limitações dos métodos empregados na estimativa do componente étnico-racial, pode-se afirmar que os afrodescendentes estão dispersos por todos os países latino-americanos, com elevadas proporções no Caribe, onde pode-se observar países com 97,4% (Jamaica), 95% (Haiti) e 90% (Barbados) de afro-descendentes (Cardim e Dias-Filho, 2011). O Brasil e Cuba alcançavam uma proporção de 45% e 35 % de afro-descendentes, respectivamente, Colômbia e Equador, 11% e 5%, respectivamente, e o restante dos países avaliados, menos de 2% (Antón e Del Popolo, 2009). O Quadro 3.1 mostra a diversidade de perguntas associadas à autodeclaração étnico-racial em censos demográficos de países latino americanos, envolvendo desde aspectos físicos a socioculturais.

Quadro 3.1 Perguntas associadas à autodeclaração utilizadas em censos demográficos de países latino americanos. (Fonte: Ánton e Del Popolo, 2009)

País (data)	Pergunta	Categorias
Brasil (2000)	Qual a cor da sua raça?	1. Branco, 2. Negro, 3. Pardo, 4. Amarelo, 5. Indígena
Colômbia (2005)	De acordo com sua cultura, traços físicos do seu povo... você se reconhece como?	1. Indígena, 2. Rom, 3. Do Arquipélago de San André e Providencia, 4. Palenquero de San Basilio, 5. Negro, mulato, afrocolombiano, afrodescendente, 6. Nenhuma das anteriores
Costa Rica (2000)	Pertence a qual cultura?	1. Indígena, 2. Afrocostarricense ou negro, 3. <i>China</i> , 4. Nenhuma das anteriores
Cuba (2000)	Qual a cor da sua pele?	1. Indígena, 2. Negro, 3. Mestiço ou mulato
Equador (2001)	Como se considera?	1. Indígena, 2. Negro (afroequatoriano), 3. Mestiço, 4. Mulato, 5. Branco, 6. Outro
El Salvador (2007)	a) O que você é? b) Se é indígena, a que grupo pertence?	a) 1. Branco, 2. Mestiço (branco com indígena), 3. Indígena, 4. Negro, 5. Outro b) 6. Lenca, 7. Kakawira (Cacaopera), 8. Nahuea Pipil, 9. Outro
Guatemala (2002)	A que grupo étnico pertence?	São listados 22 povos indígenas e outras categorias afro-indígenas entre outras
Honduras (2001)	A que grupo populacional pertence?	1. Garífuna, 2. Negro inglês, 3. Tolupán, 4. Pech (Paya), 5. Misquito, 6. Lenca, 7. Tawahka (Sumo), 8. Chorti, 9. Outro
Nicarágua (2005)	Se considera pertencente a um povo indígena ou a uma etnia? A qual dos seguintes grupos indígenas ou etnia pertence?	1. Sim, 2. Não São listadas 13 categorias de povos indígenas, afrodescendentes e outros grupos étnicos

O primeiro censo da população brasileira foi realizado em 1872, ainda durante o Império, e em 1890, já sob regime republicano, foi realizado o segundo censo demográfico do país. A partir desse ano, o censo se tornou decenal, com exceção das interrupções ocorridas em 1910 e 1930 (Figura 3.1). A autoclassificação pelas cores de pele foi estabelecida nos censos a partir de 1950 – branco, preto, pardo, amarelo (Piza e Rosemberg, 1999).

Além de contabilizar a população, os censos nacionais são importantes porque estabelecem e institucionalizam categorias que podem vir a representar modelos para organização social e estruturação das relações étnico-raciais (IBGE, 2011). No último censo por exemplo, pela primeira vez desde o século XX, a população autodeclarada branca deixou de compor a maioria da população brasileira: 47,7% se autodeclararam da cor branca, 43,1% parda e 7,6% preta, além de 1,1% amarela e 0,4% indígena. A maior proporção de indivíduos autoclassificados como “pretos” ou “pardos” é observada na região Nordeste e a menor, na região Sul (IBGE, 2010; Petrucelli, 2012).

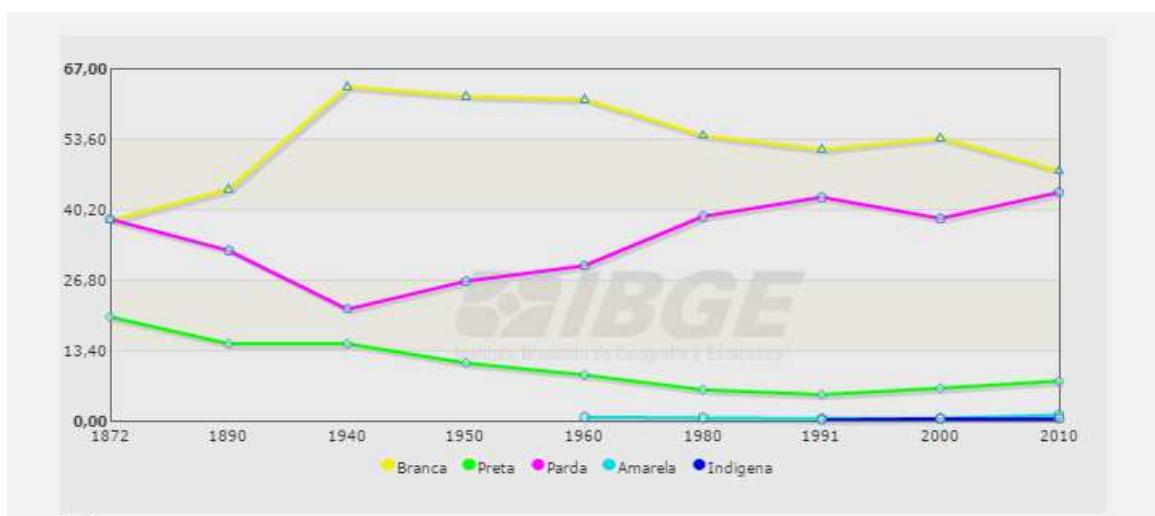


Figura 3.1 Distribuição percentual da população branca, preta, parda, amarela e indígena na série histórica dos censos modernos decenais – Brasil – 1940-2010.

Fonte: <http://serieestatisticas.ibge.gov.br/series.aspx?no=10&op=2&vcodigo=POP106&t=populacao-presente-residente-cor-raca-dados>

Dados históricos e genéticos mostram que a população brasileira é uma das mais heterogêneas do mundo, resultado de um processo intenso de miscigenação entre três grupos parentais principais: ameríndios, africanos subsaarianos e europeus, em sua maioria, ibéricos (Salzano e Sans, 2014; Moura et al., 2015). Entretanto, a distribuição desses três grupos ao longo do território brasileiro não ocorreu de forma homogênea, ou seja, a proporção desses grupos populacionais difere significativamente da região geográfica (Salzano e Sans, 2014).

As discussões sobre a miscigenação, que foram iniciadas por volta de 1850, tinham como foco o "branqueamento" da população brasileira e o objetivo era um processo de migração seletivo direcionado à discussão da política de imigração. O fluxo migratório voltado para esta estratégia ocorreu principalmente entre 1880 e 1920, sendo que a maioria dos imigrantes europeus era proveniente da Itália (Seyferth,1996). Com o intuito de atingir seus objetivos, o Estado brasileiro impôs restrições à entrada de imigrantes no país, sendo absolutamente restrita a entrada de imigrantes negros, enquanto os asiáticos tinham uma cota anual de 3% dos imigrantes ingressos no país. A imigração europeia foi incentivada com uma série de propostas de estímulo à migração e política de colonização, aumentando assim a possibilidade de "branqueamento" da população brasileira (Ramos, 1996).

De acordo com Callegari-Jacques e Salzano (1999), dos imigrantes que chegaram ao Brasil entre 1500 e 1972, 58% eram europeus, 40% africanos e 2% asiáticos. Estimativas mostram que de 1820 a 1975, tenha entrado no Brasil 6 milhões de europeus (70% portugueses e italianos). Além disso, podemos citar a migração de japoneses para os Estados de São Paulo e Pará e espanhóis, alemães, sírios e libaneses, dentre outros, para diversas regiões do país (IBGE, 2010; Salzano e Sans, 2014).

Mesmo após cinco séculos de mistura desses grupos populacionais, ainda é possível encontrar grupos humanos relativamente isolados que conservam muito das características das populações ancestrais a exemplo das comunidades quilombolas e tribos indígenas, principalmente por conta do isolamento de áreas geográficas e dos casamentos endogâmicos. Tal situação demonstra que a espécie humana, assim como muitos animais têm uma tendência a viverem em agrupamentos (isolados ou semi-isolados) (Salzano e Freire-Maia, 1970)

3.1.2 Ancestralidade genética

A inferência de ancestralidade genética por meio de marcadores genéticos, isto é, a avaliação da contribuição de grupos parentais na formação de uma população tem sido amplamente utilizada em estudos de genética de populações. Entre eles, estão estudos que buscam contribuir para o entendimento da história e relacionamento de grupos humanos (Tang et al., 2007; Martinez et al., 2007; González-Andrade et al., 2007; Martinez-Marignac et al., 2007; Wang et al., 2008; Tarazona-Santos et al., 2016; Bryc et al., 2015;) e em análises de estruturação populacional como base para estudos de mapeamento gênico por desequilíbrio de ligação (Loh et al., 2013; Shriver et al., 1997), dentre outros. Ainda, esse tipo de dados pode auxiliar, por exemplo, no entendimento das relações evolutivas entre populações e na

reconstrução das rotas e origens dos povoamentos (Salzano e Callegari-Jacques, 1988; Saitou, 1995). Com a inovação e menor custo das técnicas moleculares, marcadores genéticos situados em cromossomos autossômicos, cromossomos sexuais e no DNA mitocondrial vêm sendo utilizados na estimativa de ancestralidade genética (Shriver e Kittles, 2004; Yang et al., 2007). O acesso a um alto volume de dados, como por SNParray e genoma completo, vem contribuir ainda mais com o melhor conhecimento da dinâmica e relacionamento das populações humanas.

3.1.2.1 Marcadores Informativos da Ancestralidade (AIM)

Marcadores Informativos de Ancestralidade - do inglês *Ancestry Informative Markers* (AIM) - são regiões do genoma que podem pertencer a qualquer classe molecular e que apresentam uma diferença nas frequências alélicas (δ) entre duas populações com valor, em geral, superior a 30% (Parra et al., 1998; Shriver et al., 1997; Bonilla et al., 2004). Como o valor de δ determina diretamente a precisão das estimativas de miscigenação (Chakraborty et al., 1991), os marcadores do tipo AIM são utilizados na inferência de ancestralidade e desequilíbrio de ligação por terem maior poder na detecção de estruturação populacional advinda de mistura (Bonilla et al., 2004; Collins-Schramm et al., 2004; Enoch et al., 2006).

Em um processo de miscigenação, espera-se que os indivíduos parentais apresentem cromossomos de uma única origem parental, enquanto que na segunda geração pode ser observado blocos longos ininterruptos de sequências de DNA representando as diferentes ancestralidades parentais. Quando o processo de miscigenação persiste, estes blocos de sequências ficam cada vez menores. Todo o processo depende do número de gerações, padrões de casamento, migração e características dos indivíduos envolvidos (Salzano e Sans, 2014), assim determinando a complexidade e as particularidades de cada população miscigenada. Dessa forma, quando observa-se que os segmentos de DNA herdados são longos e ininterruptos, extrapola-se que a miscigenação ocorreu recentemente, e se menores, a mistura é mais antiga. Logo, a estimativa da ancestralidade de uma população miscigenada significa a inferência de porcentagens dos genomas dos indivíduos miscigenados que são provenientes de cada uma das populações parentais originais (Hellenthal et al., 2014).

As inferências de ancestralidade em uma população miscigenada podem se dar em três diferentes níveis (Figura 3.2): populacional, individual e cromossômico, sendo que todas essas medidas estão associadas. A ancestralidade populacional corresponde às estimativas do conjunto de genomas de todos os indivíduos da população oriundos de cada população

parental. A ancestralidade individual representa as estimativas do genoma de cada indivíduo provenientes de cada população parental. Já a ancestralidade cromossômica, mostra a origem ancestral de cada fragmento de um determinado cromossomo de um indivíduo (Tarazona-Santos et al., 2016).

Em um maior nível de detalhamento, é possível visualizar que os cromossomos dos indivíduos miscigenados são compostos de segmentos de diferentes ancestralidades, constituindo verdadeiros mosaicos de diferentes origens. Devido ao aumento no conhecimento sobre a diversidade do genoma humano em diferentes populações, tornou-se possível utilizar AIM em alta densidade nas populações parentais e miscigenada, e inferir a ancestralidade de diferentes fragmentos cromossômicos dos indivíduos miscigenados. Essa abordagem é chamada de inferência de ancestralidade cromossômica, ou seja, inferência da ancestralidade de fragmentos de um mesmo cromossomo de um indivíduo (Tarazona-Santos et al., 2016).

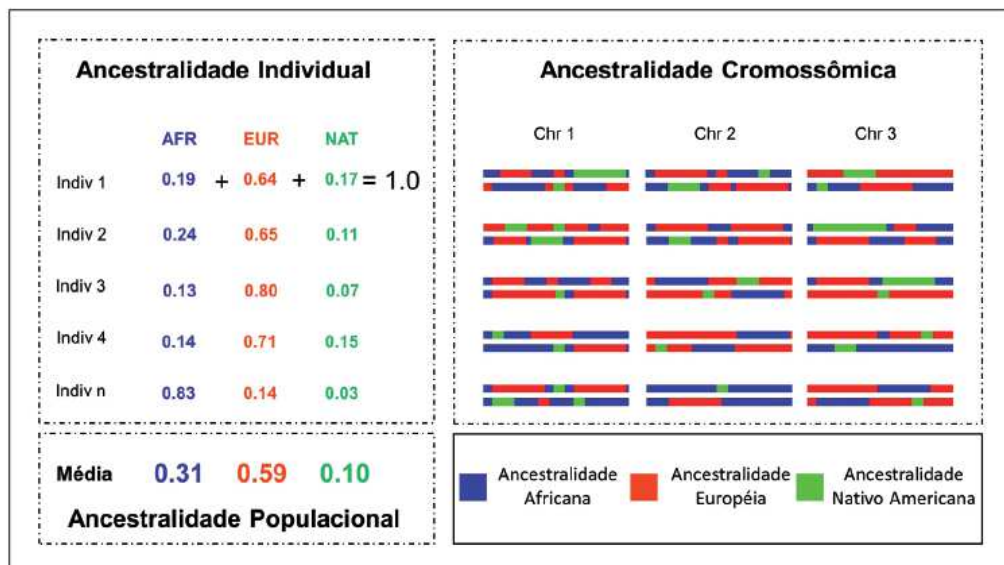


Figura 3.2 Níveis de inferência de ancestralidade em uma população miscigenada: ancestralidade individual, populacional e cromossômica (Fonte: Tarazona-Santos et al., 2016).

A precisão destas estimativas é diretamente proporcional ao número de marcadores utilizados e à magnitude da diferença das frequências alélicas destes (Shriver e Kittles, 2004; Yang et al., 2007). No entanto, em geral, não há um consenso sobre o número de AIM necessários para estimar precisamente a miscigenação. A quantidade de marcadores pode ser definida pela proposta da análise que se deseja realizar. Por exemplo, se a proposta for estimar as proporções parentais de indivíduos, 15 SNP podem ser suficientes, mas se o objetivo é

estimar a miscigenação para determinar a associação com fenótipo ou determinar proporções de miscigenação entre casos e controles, sugere-se ao menos 100 AIMs (Yang et al., 2007).

Um estudo a partir da análise de 100 inserções *Alu* e 60 STR envolvendo amostras de indivíduos não aparentados de diferentes etnias da África subsaariana, leste asiático, Europa e Índia, estimou a proporção de ancestralidade de cada indivíduo com base em seu genótipo, sendo a estimativa considerada correta quando coincidia com o grupo de origem. Com o aumento do número de loci analisados, o poder de discriminação aumentou e o intervalo de confiança obtido se tornou ainda mais estreito (Bamshad et al, 2003).

Na investigação da ancestralidade genética de populações podem ser utilizados tanto marcadores autossômicos como uniparentais (Shriver e Kittles, 2004). Devido à natureza do tipo de herança desses marcadores, sua análise permite afirmar a origem geográfica continental – ou ainda mais específica – da linhagem materna ou paterna de um indivíduo, mas não o conjunto da ancestralidade que os autossômicos permitem (Shriver e Kittles, 2004) nem toda a história de formação de uma população (Bedoya et al., 2006). Ainda, marcadores situados no cromossomo X apresentam um comportamento intermediário a herança bi e uniparental. Nesse caso, os resultados podem ainda mostrar um terceiro panorama. Por exemplo, Bedoya e colaboradores (2006), estudando populações colombianas, observaram que as estimativas da contribuição parental utilizando dados de marcadores do cromossomo X diferiam das estimativas com marcadores autossômicos na formação da população da região de Antioquia.

Na população brasileira, marcadores uniparentais mostraram um padrão concordante com os dados históricos: dados de DNA mitocondrial mostraram contribuição feminina europeia e ameríndia altas (Barcelos, 2006) e dados de marcadores do cromossomo Y mostram contribuição europeia predominante e africana e ameríndia variáveis em cada região do país (Alves-Silva et al., 2000; Carvalho-Silva et al., 2001; Barcelos, 2006). Ressalta-se que marcadores uniparentais são considerados bons marcadores porque não existe troca de segmentos genômicos, ou seja, não ocorre modificações nas matrilineagens e patrilineagens ao longo das gerações, a não ser quando ocorre mutação. Uma limitação para a utilização dos marcadores uniparentais é a dificuldade em encontrar um marcador que seja restrito à população do estudo e o acesso à uma porcentagem pequena do nosso genoma (Pena e Bortolini, 2004).

3.1.2.2 Marcadores INDEL

Marcadores do tipo inserção-deleção (indels) são marcadores genéticos bialélicos caracterizados pela inserção ou pela deleção de um fragmento. Em 2002, Weber e colaboradores identificaram e caracterizaram 2000 INDEL bi-alélicos humanos e ressaltaram a aplicação destes marcadores em estudos genéticos apontando a sua abundância e facilidade de análise. Estima-se que os marcadores do tipo INDEL perfaçam aproximadamente 20% dos polimorfismos humanos, podendo ser agrupados, de acordo com a origem, em aqueles originados de um evento de retrotransposição, como as inserções *Alu*, aqueles oriundos de outros eventos mutacionais. As inserções e deleções podem apresentar grande variação de tamanho, apesar da grande maioria ser composta de poucos nucleotídeos (Weber et al., 2002).

A inserção ou deleção (indel) de uma única base pode também ser incluída na categoria *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP), de acordo com certos pesquisadores. Porém, os mecanismos de origem e a taxa de mutação difere entre os diferentes tipos de marcadores genéticos. Por exemplo, considerando os SNPs, as substituições de base única ocorrem em média numa taxa na ordem de 10^{-8} por base por geração e são aproximadamente dez vezes mais frequentes que indels (10^{-9}). A taxa de mutação dos SNPs é, ainda, cem mil vezes menos frequentes que as dos *Short Tandem Repeats* (STR) (10^{-3}) (Jobling et al., 2014).

Para a análise de Indels podem ser utilizadas metodologias laboratoriais similares pois essa classe de marcadores genéticos compartilha características moleculares com SNPs e STRs. Com SNPs, compartilha, além de uma maior estabilidade no genoma, o pequeno tamanho do produto amplificado que possibilita a amplificação a partir de DNA degradado. Já com STRs, a simplicidade metodológica da eletroforese capilar, em que o produto amplificado é diretamente analisado em sequenciador automático, exclui a necessidade de passos intermediários (Pereira et al., 2012). Painéis de marcadores do tipo INDEL têm sido utilizados com sucesso para avaliar a contribuição genética parental em populações brasileiras (Santos et al., 2010; Lopes Maciel et al, 2011) e foi o tipo de marcadores genético selecionado para esse trabalho.

3.1.2.3 Estimativa genética de miscigenação

O Brasil nunca teve leis de segregação definindo quem deveria pertencer a um grupo étnico-racial, como os Estados Unidos e África do Sul tinha. Isso provavelmente foi resultado da decisão da elite brasileira de "branquear" a população brasileira, por meio da miscigenação, em vez de impor a segregação (Telles, 2004). Entre os países da América

Latina, o Brasil é um dos que mais apresentam publicações sobre estimativas genéticas de miscigenação populacional (Salzano e Sans, 2014; Moura et al., 2015). Quando se analisa o povoamento do Brasil e da América como um todo, a miscigenação entre indígenas, africanos, europeus, asiáticos e americanos representa um amplo laboratório de estudo da miscigenação em populações humanas (Mathias et al., 2016). Em uma revisão sistemática sobre miscigenação na América Latina, Salzano e Sans (2014) mostraram que as estimativas de ancestralidade ameríndia são mais elevadas nas populações do México, Guatemala, Peru e Equador, enquanto a ancestralidade europeia é mais frequente em Cuba, Porto Rico, Nicarágua, Costa Rica, Argentina e Uruguai. Na população venezuelana, as estimativas europeia, ameríndia e africana são similares, enquanto na população colombiana, observa-se uma elevada variabilidade interpopulacional. Na população chilena, as contribuições ameríndia e europeia são equivalentes. A distribuição étnico-racial no Brasil, segue um padrão geográfico, com maior influência europeia nas regiões sul e sudeste, africana no nordeste e ameríndia no norte.

Investigando a ancestralidade geográfica na formação de uma comunidade em Limón, na Costa Rica, Castri e colaboradores (2007) observaram que a contribuição parental da linhagem masculina não seguia um padrão como no Brasil, onde há uma maior contribuição europeia quando analisada a linhagem masculina (Carvalho-Silva et al., 2001; Barcelos, 2006; Palha et al., 2011) e maior contribuição africana e ameríndia quando analisada a linhagem feminina (Bernardo et al., 2014; Fridman et al., 2014; Cardena et al., 2013; Cardena et al., 2016). Nesse contexto, nem sempre uma determinada ancestralidade tem maior contribuição que a outra, todavia estudos em populações latino americanas apontaram que os homens ameríndios foram praticamente eliminados durante a colonização, enquanto as mulheres ameríndias foram mantidas como esposas de europeus e africanos (Castri et al. 2007).

Diversos estudos já foram conduzidos em populações brasileiras com o objetivo de estudar a ancestralidade genética de comunidades quilombolas. Esses estudos, no entanto, têm analisado marcadores uniparentais (Lima, 2002; Ribeiro, 2009; Barcelos, 2006; Ribeiro-dos-Santos et al., 2002; Carvalho-Silva et al., 2001; Alves-Silva et al., 2000) ou pequenos conjuntos de marcadores autossômicos (Callegari-Jaques et al., 2003; Parra et al., 2003; Pedrosa, 2006; Bomfim, 2008; Gontijo, 2008; Amorim, 2009; Amorim et al., 2011;; Gontijo et al., 2014). Em geral, marcadores uniparentais (DNA mitocondrial e marcadores do cromossomo Y) revelaram no Brasil o fenômeno demográfico da reprodução direcional de homens europeus com mulheres ameríndias e africanas (Kimura et al., 2013).

Embora vários estudos tenham sido realizados no Brasil, a maioria envolveu principalmente centros urbanos, como apresentado na Tabela 3.1. No entanto, estudos envolvendo comunidades quilombolas, em especial da Amazônia e Vale do Ribeira tem sido realizados nos últimos anos, como apresentados na Tabela 3.2. Ambas as tabelas apresentam diversidade de marcadores genéticos e uma heterogeneidade de estimativas genéticas entre as diferentes populações.

Tabela 3.1 Estimativa da ancestralidade genética de centros urbanos e macro-regiões brasileiras utilizando marcadores autossômicos (VNTR, STR e AIM)

Ancestralidade genética (%)						
Centros urbanos e Macro-regiões	Marcadores genéticos	N	Europeu	Africano	Ameríndio	Referências
Ribeirão Preto- SP (Sudeste)	VNTR/STR	NI	21,80	73,10	5,10	Bortolini et al., 1999
Porto Alegre- RS (Sul)	VNTR/STR	NI	46,40	53,60	--	
Maceió-AL (Nordeste)	STR	598	56,00	27,00	17,00	Ferreira da Silva et al., 2002
Norte	STR	253	68,00	14,00	18,00	
Nordeste	STR	164	75,00	15,00	10,00	
Centro-Oeste	STR	286	71,00	18,00	11,00	Callegari-Jacques et al., 2003
Sudeste	STR	109	75,00	18,00	7,00	
Sul	STR	226	81,00	11,00	8,00	
Porto Alegre-RS (Sul)	STR	104	86,00	3,00	11,00	Leite et al., 2003
São Luís-MA (Nordeste)	VNTR	161	33,00	67,00	--	Ramos et al., 2004
Campinas-SP (Sudeste)	VNTR	206	64,00	36,00	--	
São Luís-MA (Nordeste)	VNTR/STR	177	42,00	19,00	39,00	Ferreira et al., 2005
Belém-PA (Norte)	STR	325	46,00	34,00	20,00	Ribeiro-Rodrigues et al., 2007
São Paulo-SP (Sudeste)	STR	294	52,00	34,00	14,00	São Bento et al., 2008
Brasília-DF (Centro-Oeste)	STR	153	67,00	21,00	12,00	Godinho et al., 2008
São Paulo-SP (Sudeste)	STR	70	62,00	26,00	12,00	Netto-Muniz et al., 2008
Bagé-RS/Alegrete-RS (Sul)	STR	20	70,00	10,00	20,00	Wang et al., 2008
Belo Horizonte-MG (Sudeste)	STR	234	65,00	34,00	1,00	Scliar et al., 2009
Norte	AIM	40	71,00	18,00	11,00	
Nordeste	AIM	40	77,00	14,00	9,00	Lins et al., 2010
Sudeste	AIM	40	80,00	14,00	6,00	
Sul	AIM	40	88,00	7,00	5,00	
Belém-PA (Norte)	AIM	196	54,6	14,8	30,6	Santos et al, 2010
Macapá-AP (Norte)	STR	307	46,00	19,00	35,00	Francez et al., 2011
Brasília-DF (Centro Oeste)	AIM	189	62,90	25,40	11,70	Lins et al., 2011
Belém-PA (Norte)	AIM	203	68,60	10,60	20,90	
Fortaleza-CE/Ilhéus-BA (Nordeste)	AIM	82	60,10	29,30	8,90	
Rio de Janeiro -RJ (Sudeste)	AIM	264	74,20	17,30	7,30	Pena et al., 2011

Ancestralidade genética (%)						
Centros urbanos e Macro-regiões	Marcadores genéticos	N	Europeu	Africano	Ameríndio	Referências
Porto Alegre-RS (Sul)	AIM	189	79,50	10,30	9,40	
Macapá-AP (Norte)	AIM	130	50,00	29,00	21,00	Francez et al., 2012
São Paulo-SP (Sudeste)	AIM	138	56,00	27,00	17,00	Giolo et al., 2012
São Paulo-SP (Sudeste)	AIM	180	58,00	29,00	13,00	Silbiger et al., 2012
Belém-PA (Norte)	AIM	226	53,70	16,80	29,50	Pereira et al., 2012
Rio de Janeiro-RJ (Sudeste)	AIM	280	55,20	31,10	13,70	Manta et al., 2013a
São Paulo-SP (Sudeste)	AIM	492	57,40	28,30	14,30	Cardena et al., 2013
Ouro Preto-MG (Sudeste)	AIM	189	52,00	38,00	10,00	Queiroz et al., 2013
Manaus-AM (Norte)	AIM	42	45,90	16,30	37,80	
Pernambuco (Nordeste)	AIM	133	56,80	27,90	15,30	
Alagoas (Nordeste)	AIM	104	54,70	26,60	18,70	
Mato Grosso do Sul (Centro-Oeste)	AIM	84	58,80	25,90	15,30	Manta et al., 2013b
Minas Gerais-MG (Sudeste)	AIM	88	59,20	28,90	11,90	
Espírito Santo-ES (Sudeste)	AIM	92	74,10	13,40	12,50	
São Paulo-SP (Sudeste)	AIM	49	62,90	25,50	11,60	
Paraná-PR (Sul)	AIM	21	71,00	17,50	11,50	
Santa Catarina-SC (Sul)	AIM	20	79,70	11,40	8,90	
Rio Grande do Sul- RS (Sul)	AIM	23	72,90	14,0	13,0	
Fortaleza-CE (Nordeste)	AIM	616	48,9	15,7	35,4	Silva et al., 2014
Salvador-BA (Nordeste)	AIM	511	50,8	40,5	8,7	
Recife-PE (Nordeste)	AIM	192	59,70	23,00	17,30	Coelho et al., 2015
Bambuí-MG*(Sudeste)	AIM	1272	84,00	9,600	5,3	Lima-Costa et al., 2016

N: número de indivíduos; NI: não foi identificado o número de indivíduos nas publicações referentes VNTR: variable number of tandem repeats, STR: short tandem repeats, AIM: ancestry informative markers.* Valores apresentados correspondem à mediana.

Tabela 3.2 Estimativas de ancestralidade genética de comunidades quilombolas rurais utilizando marcadores autossômicos (VNTR, STR e AIM)

Rural Quilombos (região)	Marcadores genéticos	N	Ancestralidade genética (%)			Referências
			Europeu	Africano	Ameríndio	
Paredão-RS (Sul)	VNTR/STR	NI	38,00	49,20	12,80	
Cajueiro-MA (Nordeste)	VNTR/STR	NI	26,20	48,80	25,00	Bortolini et al., 1999
Cametá-PA (Norte)	VNTR/STR	NI	22,40	53,40	24,20	
Trombetas-PA (Norte)	VNTR/STR	NI	32,50	57,60	9,90	
Curiaú-AM (Norte)	VNTR/STR	34	33,20	42,80	24,00	Vallinoto et al., 2003
Pacoval-AM (Norte)	VNTR/STR	30	11,20	51,30	37,50	
Kalunga-GO (Centro-oeste)	AIM	72	29,77	61,05	9,18	
Rio das Rãs-BA (Nordeste)	AIM	102	30,78	60,56	8,66	Pedrosa, 2006
Riacho de Sacutiaba-BA (Nordeste)	AIM	30	43,33	53,94	2,73	
Mocambo-SE (BA) (Nordeste)	AIM	77	37,77	43,42	18,81	
Valongo-SC (Sul)	AIM	NI	31,90	68,10	--	
Barra-BA (Nordeste)	AIM	118	--	95,40	4,60	Luizon, 2007
São Gonçalo-BA (Nordeste)	AIM	44	21,60	68,10	10,30	
Marinhos-MG (Sudeste)	STR	60	33,00	67,00	--	Scliar et al., 2009
5 comunidades Amazônia Brasileira (Norte)	AIM	103	15,00	69,00	16,00	Santos et al., 2010
7 comunidades Amazônia Brasileira (Norte)	AIM	294	29,00	48,00	23,00	Lopes Maciel et al., 2011
Rio das Rãs-BA, Riacho de Sacutiaba-BA, Mocambo-SE (Nordeste)	AIM	207	39,00	49,00	12,00	Amorim et al., 2011
Vale do Ribeira-SP (Sudeste)	AIM	307	39,70	39,70	21,30	Kimura et al., 2013
Santo Antonio do Guaporé -RO (Norte)	AIM	31	20,40	37,60	42,0	Gontijo et al., 2014
Santiago do Iguape-BA (Nordeste)	AIM	37	2,50	56,80	40,70	

NI: não foi identificado o número de indivíduos nas publicações referentes VNTR: variable number of tandem repeats, STR: short tandem repeats, AIM: ancestry informative markers.

3.1.3 Ancestralidade genética X classificação fenotípica (autoclassificação fenotípica)

A autoclassificação fenotípica foi descrita como um método altamente correlacionado com a ancestralidade genética de determinados grupos populacionais. Nos Estados Unidos, por exemplo, um estudo envolvendo 5.269 autodeclarados Afro-americanos, 8.663 latinos, e 148.789 Euro-americanos, mostrou correspondência entre a autodeclaração étnico-racial e ancestralidade genética para grande parte da amostra (Bryc et al., 2015). Já em populações latino-americanas, tanto a autodeclaração quanto medidas antropométricas e cor da pele têm gerado controvérsias (Gravlee et al., 2009; Lins et al., 2011; Ramos et al., 2016).

No Brasil, a classificação étnico-racial é mais complexa do que nos países onde a segregação foi imposta por lei, a tal ponto que vários estudos continuam questionando a associação entre classificação étnico-racial e ancestralidade genética (Silva et al., 2014; Durso et al., 2014; Ruiz-Linhares et al., 2014). Estudos que buscaram investigar associações entre classificação étnico-racial e ancestralidade genética no Brasil, seja utilizando o critério de autodeclaração ou um conjunto de traços fenotípicos, têm apresentado diferentes resultados. Podemos citar três exemplos de estudos realizados em populações brasileiras, utilizando diferentes marcadores genéticos, com o objetivo de verificar a existência de associação entre ancestralidade genética e classificação étnico-racial.

No primeiro estudo, indivíduos da comunidade rural de Queixadinha, município do Estado de Minas Gerais, foram avaliados para um conjunto de dez marcadores autossômicos do tipo AIM e classificados por terceiros quanto a características fenotípicas como cor e textura do cabelo, cor da pele, cor dos olhos, formato do nariz e dos lábios. Não foi observada associação entre as características fenotípicas e a ancestralidade genética, sugerindo que o fenótipo não constitui um bom indicador da origem geográfica dos ancestrais de um indivíduo nessa população (Parra et al., 2003). O segundo consistiu na análise de nove marcadores do tipo AIM em uma amostra de Salvador, capital do Estado da Bahia, e verificou, por sua vez, uma elevada concordância entre autodeclaração fenotípica e a ancestralidade genética estimada a partir desses marcadores (Bonfim, 2008). O terceiro, utilizando um painel de 40 AIM, estimou individualmente os componentes da ancestralidade europeia, africana e ameríndia de indivíduos autoclassificados como brancos, mistos (pardos) e negros das quatro regiões geográficas mais populosas do país. Os pesquisadores verificaram uma grande diversidade entre as regiões geográficas do país, com discordâncias entre auto-

classificação fenotípica e ancestralidade genética mais frequentes na região norte do que na região sul do Brasil (Pena et al., 2011).

Diante do exposto e considerando a heterogeneidade de história de formação das comunidades quilombolas no Brasil, o presente capítulo buscou investigar a composição genética das comunidades quilombolas do estudo por meio de marcadores informativos de ancestralidade.

3.2 OBJETIVOS

- ✓ Estimar a ancestralidade genética individual e populacional utilizando AIMs do tipo INDEL;
- ✓ Estudar a ancestralidade genética em relação ao sexo e ao padrão de migração;
- ✓ Avaliar a diferenciação genética entre as populações quilombolas do estudo com base nesses marcadores;
- ✓ Verificar se existe associação entre a autotranscrição fenotípica e a ancestralidade genética individual nas comunidades estudadas;

3.3 MATERIAIS E MÉTODOS

As populações, procedimentos e instrumentos utilizados nas atividades de campo estão descritos detalhadamente no Capítulo 1.

Da amostra total de 347 indivíduos oriundos das três comunidades quilombolas, foram selecionados indivíduos não relacionados, considerando o coeficiente de parentesco máximo aceitável (coeficiente de parentesco=1/16). Dessa seleção foram obtidos um total de 244 indivíduos, sendo 54 de Cocalinhos, 58 de Pé do Morro e 132 de Kalunga. Para as estimativas de ancestralidade genética foi utilizado um painel composto por marcadores informativos de ancestralidade (do inglês *Ancestry Informative Markers*) do tipo INDEL. A análise dos marcadores AIMs foi realizada em parceria com o Laboratório de Genética Humana e Médica da Universidade Federal do Pará (UFPA), sob supervisão do professor Dr. Sidney Emanuel Batista dos Santos, utilizando um painel de 61 AIM do tipo INDEL (inserção-deleção) (Santos, 2015, comunicação pessoal).

3.3.1 Seleção e análise dos marcadores genéticos do tipo INDEL

Os marcadores do tipo INDEL foram selecionados para o presente estudo por apresentarem diferenças de frequências alélicas entre africanos, europeus e nativos americanos ($\delta \geq 40\%$) (ANEXO 6), estarem em cromossomos diferentes ou em regiões fisicamente distantes quando no mesmo cromossomo e apresentarem amplicons curtos, permitindo a genotipagem simultânea em sistema multiplex (ANEXO 7). O painel do presente estudo foi padronizado e validado por meio da análise de amostras da população brasileira e amostras populacionais parentais que consistiram de indivíduos dos três principais grupos de ascendência da população brasileira: os africanos subsarianos- indivíduos de Angola, Moçambique, Zaire, Camarões e Costa do Marfim; Europeus-indivíduos (principalmente Portugueses); e Nativo Americanos-indivíduos de sete tribos indígenas da Amazônia brasileira (Santos et al., 2010).

O DNA foi extraído a partir de sangue total usando procedimentos padrão, conforme apresentado no Capítulo 1. As amostras de DNA foram genotipados para 61 marcadores INDEL bialélicos por meio de duas ampliações PCR multiplex contendo 31 e 30 pares de primers marcadores, respectivamente (ANEXO 7), submetidos à análise em termocicladores VERITI 96 Well Thermal Cycler (Applied Biosystems). O painel de 48 AIM, foi expandido e otimizado para 62 AIM – 1 marcador ainda está em fase de otimização (Santos, 2015 - comunicação pessoal). A eletroforese capilar foi realizada em sequenciador automático ABI PRISM 3130 Genetic Analyzer (Applied Biosystems). As condições de ciclagem e eletroforese capilar são descritas por Santos e colaboradores (2010).

3.3.2 Análises estatísticas

Após a obtenção dos perfis genéticos para as 244 amostras das três comunidades quilombolas, procedeu-se a uma análise dos dados obtidos, empregando-se diferentes ferramentas estatísticas.

Análise de estruturação populacional e inferência de ancestralidade individual e populacional

Para testar a estrutura das populações e estimar proporções de ancestralidade foi utilizado o software STRUCTURE v. 3.2. Este programa consiste na utilização de um método Bayesiano de agrupamento ou *clustering* genético baseado em diferentes modelos, em que é assumida a existência de K *clusters* ou populações, sendo os indivíduos agrupados com base no seu genótipo, e considerando que cada população é caracterizada por um conjunto de frequências alélicas ancestrais em cada locus (Pritchard et al. 2000). A partir do estabelecimento desse número K (que pode tanto ser determinado previamente quanto inferido pelo programa), as amostras são probabilisticamente atribuídas a uma ou mais de uma população, caso as frequências genotípicas de um indivíduo indiquem um quadro de miscigenação.

O algoritmo básico foi descrito por Pritchard et al (2000). Todas as análises foram realizadas com 100.000 repetições *burn-in* etapas seguidas por 100.000 Markov Chain Monte Carlo (MCMC), com $K = 3$, o que corresponde aos dados históricos sobre a formação tri-híbrida da população brasileira. Entre as análises realizadas e que foram consideradas no presente estudo, estão o agrupamento das populações baseado na semelhança entre os indivíduos que as compõem – estruturação, a estimativa de mistura populacional e a estimativa de mistura individual, isto é, inferência de ancestralidade individual. Esse software gerou dois tipos de gráficos. Em um deles, em formato de triângulo, os indivíduos são agrupados de acordo com a semelhança entre seus genótipos, sendo que a distância representada reflete a distância genética entre os indivíduos (estrutura populacional). No outro gráfico, em forma de fita, é possível estimar a proporção da contribuição de populações parentais em cada indivíduo (correspondência e/ou afiliação genética). A ancestralidade genética populacional foi obtida da média aritmética das estimativas de ancestralidade genética individual geradas pelo STRUCTURE.

Análise de diferenciação genética populacional

Os parâmetros de diversidade genética entre as populações, índice F_{st} (medida de diversidade inter-populacional) e teste exato de diferenciação populacional foram estimadas com o programa Arlequin 3.5 (Excoffier e Lischer, 2010). O teste de F_{st} é baseado nas diferenças par-a-par, comparando-se diretamente as frequências alélicas entre os pares de populações testadas (Weir e Cockerham, 1984). A amplitude de 0 a 0,05 pode ser considerada

indicativa de pequena diferenciação genética; de 0,05 a 0,15 indica moderada diferenciação genética; de 0,15 a 0,25 indica grande diferenciação genética e valores acima de 0,25 indicam uma diferenciação genética muito elevada (Hartl e Clark, 2010). Para o teste de diferenciação exato para as populações definidas, testou-se a hipótese de distribuição aleatória dos indivíduos entre pares de populações, como descrito por Raymond e Rousset (1995). O valor de significância utilizado no presente estudo foi 0,05 ($p \leq 0,05$).

Análise da associação entre ancestralidade genética e autoclassificação fenotípica

Os dados foram analisados utilizando-se o software estatístico SAS, versão 9.4 (Stata Corp., College Station, Estados Unidos). A caracterização da população de acordo com as variáveis estudadas foi realizada utilizando cálculo das frequências absolutas e relativas. As variáveis quantitativas foram testadas quanto à normalidade com o teste de Shapiro-Wilk e em seguida testadas por testes paramétricos ou não-paramétricos. A análise comparativa foi realizada utilizando o teste de Kruskal-Wallis e Wilcoxon. Em particular, em trabalhos exploratórios como este, é comum inúmeras medições serem efetuadas e apenas a *posteriori*, partir para a interpretação sobre quais variáveis parecem ser relevantes para a investigação. Desta forma, um número elevado de testes de hipótese implica em maior probabilidade de falsos resultados positivos (Erro tipo I). Para essas correções de análises de múltiplas foi empregada a correção de Bonferroni para o grau de significância especificado ($\alpha = 5\%$) (Madrigal et al., 2012)

3.4 RESULTADOS

3.4.1 Inferência da ancestralidade genética individual e populacional

A representação gráfica ternária (Figura 3.3) apresenta a distribuição dos indivíduos analisados em relação a porcentagem estimada da contribuição genética de cada ancestralidade (africana, ameríndia e europeia), cada vértice do triângulo representa uma subpopulação parental. Os indivíduos das três comunidades quilombolas testadas (pontos amarelos) foram plotados no triângulo de acordo com a classificação bayesiana, sendo consideradas como uma única população. Cada ponto representa um indivíduo que foi classificado e plotado de acordo com a estimativa da miscigenação individual, baseada nos marcadores genéticos do tipo INDEL avaliados. Essa representação aponta que os indivíduos

das três comunidades avaliadas apresentaram uma composição genética trí-híbrida, com considerável heterogeneidade e contribuições africana e europeia superiores a ameríndia.

A Figura 3.4 apresenta as estimativas de ancestralidade dos indivíduos das três populações parentais (africana, ameríndia e europeia) e dos indivíduos das comunidades quilombolas estudadas. A barra horizontal é composta por finas linhas verticais, cada linha representando um indivíduo. Cada indivíduo das três populações parentais (1, 2 e 3) foi classificado e plotado no gráfico de acordo com a estruturação genética. Os números 4, 5 e 6 representam os indivíduos das comunidades quilombolas analisadas, mostrando ancestralidade tri-híbrida, isto é, contribuições genéticas de ancestralidade das três populações parentais, em proporções distintas. Essas estimativas demonstraram que as populações são heterogêneas, apontando uma grande contribuição de ascendência africana na população 6 e europeia nas populações 4 e 5. Portanto, a comunidade quilombola Kalunga apresentou contribuição de origem africana superior à ameríndia e europeia. Cocalinho e Pé do Morro apresentaram predominância de contribuição genética europeia em relação as demais ancestralidades. A maior contribuição de origem ameríndia foi verificada em Cocalinho.

Com relação as proporções de ancestralidade, observou-se que a contribuição da parental africana na constituição individual em Cocalinho variou de 5,90% a 72,40%, em Pé do Morro de 3,20% a 79,10% e em Kalunga de 14,50% a 90,00%. As proporções de ancestralidade ameríndia variaram de 6,20% a 53,00% em Cocalinho, de 3,70% a 57,70% em Pé do Morro e de 3,30% a 36,40% em Kalunga. As proporções de ancestralidade europeia, variaram de 10,70% a 84,20% em Cocalinho, de 12,70% a 87,90% em Pé do Morro e de 4,60% a 73,20% em Kalunga. Esses dados foram retirados da planilha geral gerada pelo programa Structure.

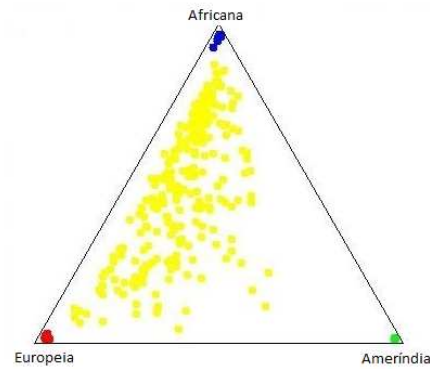


Figura 3.3 Esquema triangular da análise de estruturação genética obtido com a utilização do programa STRUCTURE v. 3.2. Cada ponto amarelo representa um indivíduo que foi classificado e plotado de acordo com a estimativa da miscigenação individual baseada nos marcadores genéticos do tipo INDEL avaliados. Cores Vermelha= parental europeia; Azul= parental africana; verde= parental indígena; Amarelo=amostras das três populações quilombolas analisadas como uma única população. Observa-se na figura maior concentração de pontos amarelos (indivíduos) próximos às ancestralidades africana e europeia.

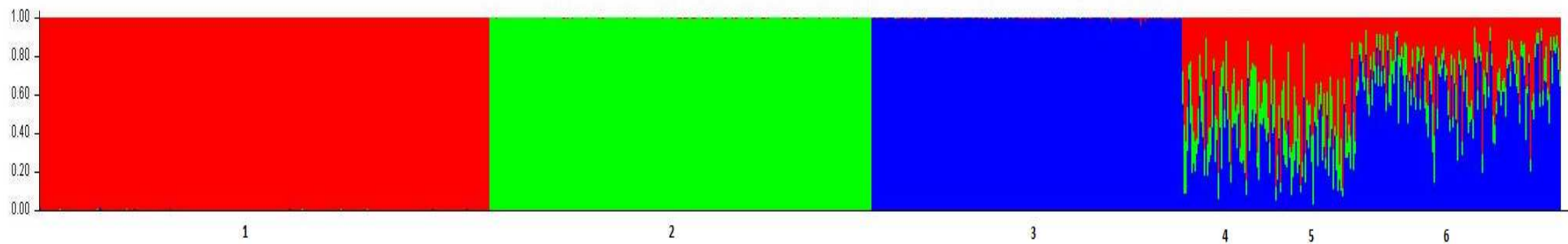


Figura 3.4 Representação gráfica da estruturação genética das populações parentais e quilombolas obtidas do programa STRUCTURE v. 3.2. (1) parental europeia, (2) parental ameríndia, (3) parental africana, (4) 54 indivíduos da comunidade quilombola Cocalinho, (5) 58 indivíduos da comunidade quilombola Pé do Morro e (6) 132 indivíduos da comunidade quilombola Kalunga.

A Tabela 3.3 mostra as porcentagens médias de ancestralidade estimadas pra cada uma das populações. A menor contribuição genética verificada entre as três comunidades foi a ameríndia. A comunidade quilombola Kalunga apresentou contribuição de material genético de origem africana superior a ameríndia e europeia. Cocalinho e Pé do Morro apresentaram predominância de contribuição genética europeia em relação as demais ancestralidades. A maior contribuição ameríndia foi verificada em Cocalinho.

Tabela 3.3 Estimativas da contribuição genética média nas três populações parentais (africana, ameríndia e europeia) na composição das comunidades quilombolas (N= número de indivíduos analisados em cada comunidade)

Quilombos	N	% média contribuição genética±desvio padrão		
		africana	Ameríndia	Europeia
Cocalinho	54	36,75±17,12	20,87±10,65	42,38±18,19
Pé do Morro	58	29,82±15,82	18,49±10,78	51,69±18,58
Kalunga	132	63,17±15,95	10,24±5,45	26,59±14,43
Media Total	244	49,40±22,13	14,55±0,61	36,05±19,53

3.4.2 Inferência da ancestralidade genética individual em relação ao sexo e padrão de migração

As estimativas de ancestralidade genética para três comunidades considerando as análises em relação ao padrão de migração (Capítulo 2) estão apresentadas na Tabela 3.4. Observou-se diferença estatisticamente significativa entre nativos e imigrantes em Cocalinho e Kalunga, com nativos apresentando maiores estimativas de ancestralidade africana. Em Kalunga, verificou-se que os indivíduos imigrantes apresentaram estimativas de ancestralidade europeia mais elevadas que os nativos, entretanto o número de imigrantes em Kalunga foi pequeno (N=3).

As estimativas de ancestralidade por sexo em cada comunidade (Tabela 3.5), demonstraram que os homens apresentaram estimativas de ancestralidade genética europeia mais elevadas do que as mulheres na comunidade Kalunga, enquanto em Cocalinho e Pé do Morro nenhuma diferença foi observada. A diferença entre os sexos não era esperada pois os marcadores genéticos são autossômicos.

Tabela 3.4 Estimativas da contribuição genética média das três subpopulações parentais (africana, ameríndia e europeia) na composição de nativos e migrantes nas comunidades quilombolas (N= número de indivíduos analisados em cada comunidade)

Quilombos	Migração	N	% média contribuição genética±desvio padrão					
			africana	Valor p	ameríndia	Valor p	Europeia	Valor p
Cocalinho	Nativos	6	52,11±16,74	0,0340	16,20±5,99	0,2258	31,65±17,48	0,1301
	Migrantes	48	34,82±16,33		21,45±11,00		43,72±18,01	
Pé do Morro	Nativos	2	25,20±14,99	0,6392	16,95±2,75	0,9321	57,80±17,82	0,5508
	Migrantes	56	29,99±15,96		18,54±10,96		51,48±18,73	
Kalunga	Nativos	129	64,13±14,77	0,0038	10,04±5,18	0,1815	25,82±13,57	0,0064
	Migrantes	3	21,87±8,20		18,83±10,78		59,30±14,82	

ANOVA/ Wilcoxon valor p≤0,05 em negrito

Tabela 3.5 Estimativas da contribuição genética média das três subpopulações parentais (africana, ameríndia e europeia) na composição dos homens e mulheres das comunidades quilombolas (N= número de indivíduos analisados em cada comunidade)

Quilombos	Sexo	N	% media contribuição genética±desvio padrão					
			africana	Valor p	ameríndia	Valor p	Europeia	Valor p
Cocalinho	Homens	23	35,85±14,90	0,7997	23,33±11,40	0,1174	40,82±18,04	0,5062
	Mulheres	31	37,41±18,81		19,04±9,86		43,54±18,53	
Pé do Morro	Homens	26	30,36±12,51	0,5064	21,23±12,75	0,1688	48,41±12,43	0,1416
	Mulheres	32	29,38±18,28		16,25±8,43		54,36±22,22	
Kalunga	Homens	65	60,73±17,51	0,1664	9,70±5,47	0,0082	29,55±15,79	0,0454
	Mulheres	67	65,53±14,00		10,76±5,42		23,70±12,43	

ANOVA/ Wilcoxon valor p≤0,05 em negrito

3.4.3 Análise de diferenciação genética

As medidas de diferenciação genética (F_{st}) calculadas entre as comunidades Cocalinho, Pé do Morro e Kalunga estão apresentadas na Tabela 3.6. Os resultados são estatisticamente significativos ($p \leq 0,05$) em todas as análises, indicando heterogeneidade entre o *pool* genético das três populações. O par Cocalinho/Pé do Morro apresentou o menor grau de diferenciação genética, enquanto Kalunga e Pé do Morro, apresentaram um valor de F_{st} superior a 5%, apontando maior diferenciação. A Figura 3.5 representa os resultados mencionados, mostrando das regiões mais claras até as mais escuras, o menor valor de diferenciação populacional para o par Cocalinho/Pé do Morro, seguido do par Cocalinho/Kalunga (cor intermediária, porém baixo valor de F_{st}) e por fim o valor mais elevado para o par Pé do Morro/Kalunga (cor mais escura).

Tabela 3.6 Índices de diferenciação genética (F_{st}) estimados entre as comunidades Cocalinho, Pé do Morro e Kalunga (abaixo da diagonal) e respectivos valores de p (acima da diagonal), em relação ao painel de 61 marcadores INDEL.

Quilombos	Cocalinho	Pé do Morro	Kalunga
Cocalinho	*	0,0148	0,00000
Pé do Morro	0,00375	*	0,00000
Kalunga	0,03552	0,05334	*

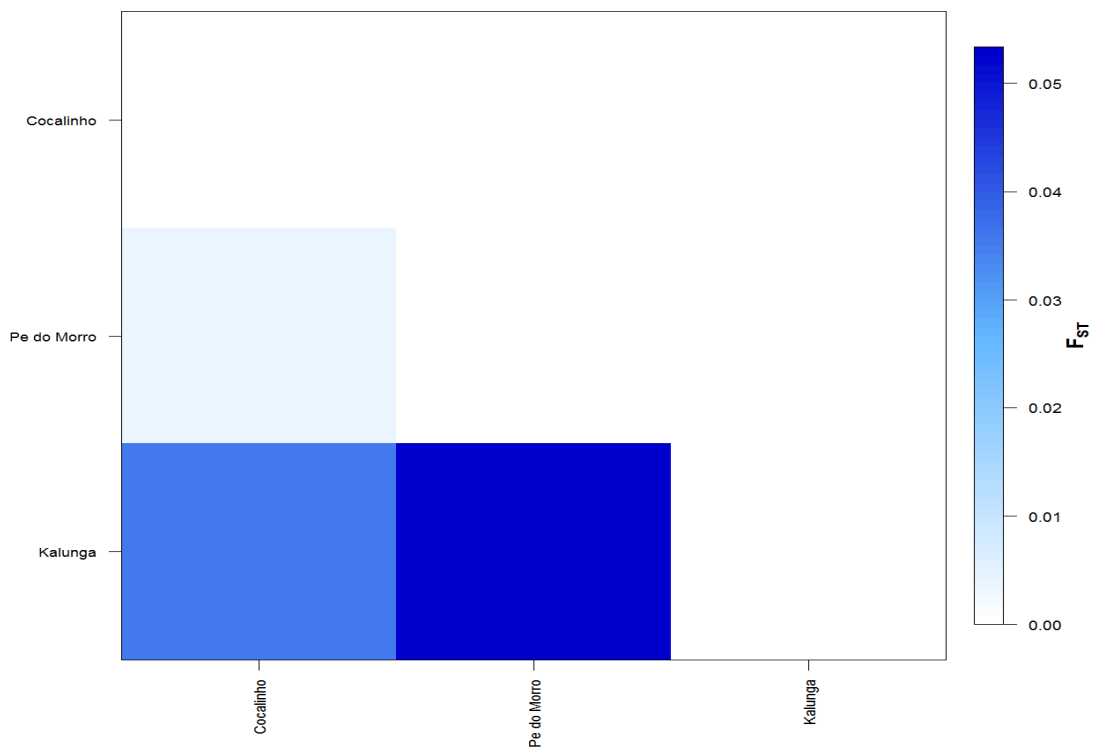


Figura 3.5 Resultado gráfico do índice de diferenciação populacional (F_{ST}) entre os pares de populações quilombolas avaliadas a a partir dos dados dos 61 marcadores genéticos INDEL.

3.4.4 Teste de associação entre ancestralidade genética e autoclassificação fenotípica

Analisando-se a distribuição da autoclassificação fenotípica e as estimativas de ancestralidade genética individual nas comunidades avaliadas, obtivemos os resultados apresentados na Tabela 3.7.

Tabela 3.7 Distribuição da frequência de autoclassificação fenotípica e estimativas de ancestralidade genética nas comunidades do estudo.

	Cocalinho (%)	Pé do Morro (%)	Kalunga (%)
Autoclassificação			
Branco	11,43	9,52	0,97
Negro	65,71	34,92	57,97
Ameríndio	2,86	--	0,48
Misto	20,00	55,56	40,58
Ancestralidade genética			
Africana	36,75	29,82	63,17
Ameríndia	20,87	18,49	10,24
Europeia	42,38	51,69	26,59

Observou-se uma associação significativa da contribuição genética africana e europeia às categorias de autotclassificação fenotípica negra e branca, respectivamente nas comunidades Cocalinho e Kalunga, mas não em Pé do Morro (Figuras 3.6, 3.7 e 3.8). Após correção de testes múltiplos, a associação entre ancestralidade genética europeia e autotclassificação fenotípica branca se manteve nas comunidades de Cocalinho e Kalunga, mas não a africana. (APÊNDICE 6).

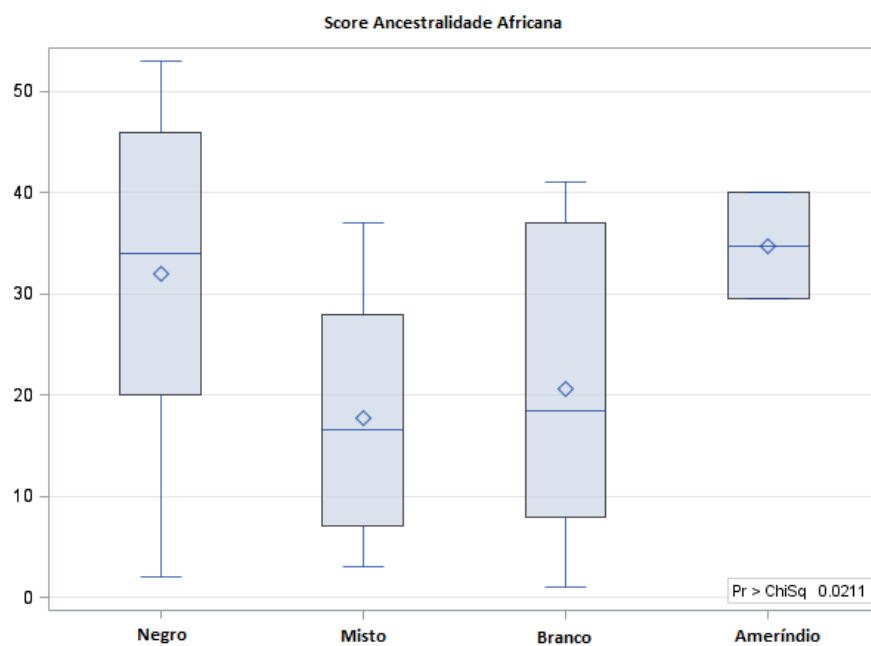


Figure 3.6 Box-plot da ancestralidade africana para cada categoria de autotclassificação fenotípica na amostra populacional de Cocalinho. O gráfico mostra a distribuição dos *scores* das estimativas de ancestralidade genética africana obtidos para os indivíduos pertencentes a cada categoria de autotclassificação fenotípica. Cada box representa os valores mais centrais da distribuição. O traço central representa a mediana e os limites inferior e superior representam o primeiro e terceiro quartis, respectivamente.

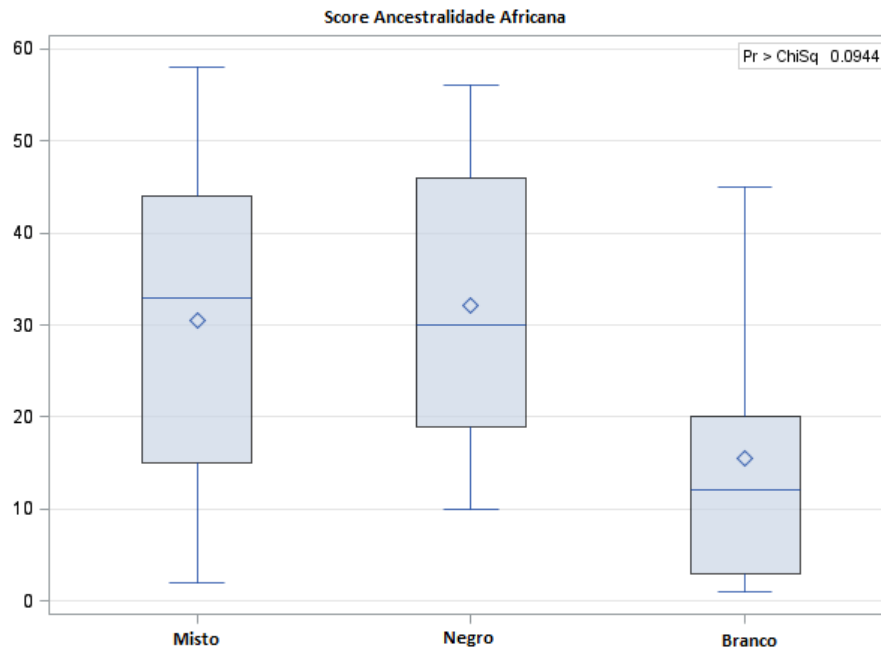


Figure 3.7 Box-plot da ancestralidade africana para cada categoria de autotclassificação fenotípica na amostra populacional de Pé do Morro. O gráfico mostra a distribuição dos scores das estimativas de ancestralidade genética africana obtidos para os indivíduos pertencentes a cada categoria de autotclassificação fenotípica. Cada box representa os valores mais centrais da distribuição. O traço central representa a mediana e os limites inferior e superior representam o primeiro e terceiro quartis, respectivamente.

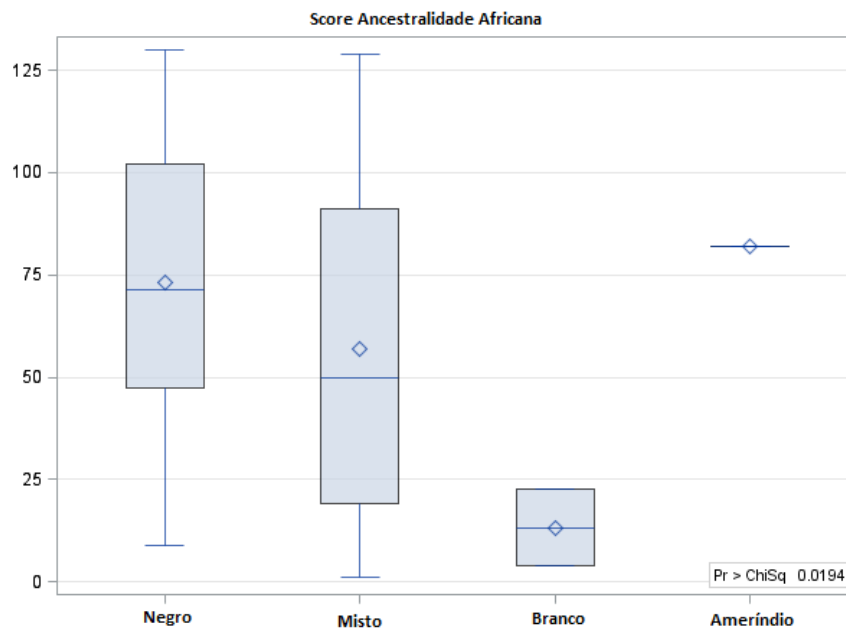


Figure 3.8 Box-plot da ancestralidade africana para cada categoria de autotclassificação fenotípica na amostra populacional Kalunga. O gráfico mostra a distribuição dos scores das estimativas de ancestralidade genética africana obtidos para os indivíduos pertencentes a cada categoria de autotclassificação fenotípica. Cada box representa os valores mais centrais da distribuição. O traço central representa a mediana e os limites inferior e superior representam o primeiro e terceiro quartis, respectivamente.

3.4.5 Composição genética das três comunidades quilombolas no contexto brasileiro

A Tabela 3.8 apresenta faixas de estimativas de ancestralidade genética individual, como sugerido por Santos (comunicação pessoal). Para a análise, a tabela apresenta também os dados das populações do presente estudo, em faixas de contribuição para cada componente ancestral.

Os dados dessas amostras brasileiras indicaram que apenas 0,2% da amostra da população brasileira apresentaram contribuição igual ou superior a 95% do componente europeu e que todos esses indivíduos que apresentaram contribuição maior da ancestralidade europeia eram residentes no sul do país. Quando considerado o limite de 70% de contribuição de cada um dos grupos ancestrais, aproximadamente 30% dos indivíduos da população brasileira apresentaram a contribuição europeia maior ou igual a 70%. Ressalta-se que na amostra avaliada pelo autor, não havia representante de nenhum grupo populacional da região centro-oeste (Santos, 2015).

No limite de 70% da contribuição genética parental, analisando-se nossos quilombos, observou-se em Cocalinho que 5,55% dos indivíduos apresentaram mais de 70% da contribuição europeia e 1,85% apresentaram mais de 70% da contribuição africana. Já em Pé do Morro, 15,52% da comunidade apresentaram mais de 70% contribuição europeia e 1,72% mais de 70% da contribuição africana. Em Kalunga, essas estimativas foram completamente diferentes, com maior percentual de indivíduos (41,67%) apresentando mais de 70% de contribuição africana e 1,52% dos indivíduos apresentando mais de 70% de contribuição europeia. Em linhas gerais os resultados revelaram que metade da amostra populacional de Cocalinho apresenta mais de 40% da contribuição europeia e a outra metade mais de 40% da contribuição africana. Em Pé do Morro, a contribuição europeia 70,68% dos indivíduos apresentam contribuição europeia maior. Em Kalunga observou-se mais de 90% dos indivíduos com contribuição africana acima de 40%, não sendo verificada elevada contribuição indígena. Em destaque na Tabela 3.8, as faixas de 70% e 40% das contribuições genéticas parentais. Considerando o painel de ancestralidade INDEL, compilamos as estimativas de ancestralidade genética de populações urbanas e quilombolas avaliadas com o mesmo painel (Tabela 3.9). Observou-se que a comunidade Kalunga apresentou estimativas similares às estimativas de outras comunidades quilombolas do país, enquanto as estimativas de Cocalinho e Pé do Morro foram similares às estimativas dos centros urbanos.

Tabela 3.8 Proporção da contribuição parental (africana, ameríndia e europeia) nos quilombos do presente estudo

% contribuição Faixas	Cocalinho N (%)			Pé do Morro N (%)			Kalunga N (%)		
	Africano	Ameríndio	Europeu	Africano	Ameríndio	Europeu	Africano	Ameríndio	Europeu
>95%	--	--	--	--	--	--	--	--	--
>90%	--	--	--	--	--	--	1 (1,52)	--	--
>80%	--	-	2 (3,70)	--	--	4 (6,90)	18 (13,64)	--	--
>70%	1 (1,85)	-	3 (5,55)	1 (1,72)	-	9 (15,52)	55 (41,67)	--	2 (1,52)
>60%	6 (11,11)	-	10 (18,52)	-	-	24 (41,38)	84 (63,64)	--	4 (3,03)
>50%	14 (25,92)	2 (3,70)	18 (33,34)	6 (10,34)	1 (1,72)	31 (53,45)	105 (79,55)	--	10 (7,58)
>40%	26 (48,14)	3 (5,55)	27 (50,00)	16 (27,59)	1 (1,72)	41 (70,68)	121 (91,67)	--	22 (16,67)

(N= n° de indivíduos (%))

Tabela 3.9 Estimativas de ancestralidade genética em populações urbanas e quilombos utilizando o painel de marcadores tipo INDEL (Santos et al., 2010).

Centros Urbanos	Quilombos	Nº de AIM	Nº de indivíduos	Ancestralidade genética (%)			Referência
				européia	africana	ameríndia	
Belém-PA (Norte)		48	196	54,60	14,80	30,6	
	5 comunidades Amazônia Brasileira (Norte)	48	103	15,00	69,00	16,00	Santos et al., 2010
Macapá-AP (Norte)		48	130	50,00	29,00	21,00	Francez et al., 2011b
	7 comunidades Amazônia Brasileira (Norte)	48	294	29,00	48,00	23,00	Lopes Maciel et al., 2011
	12 comunidades Vale do Ribeira (Sudeste)	48	307	39,70	39,70	21,30	Kimura et al., 2013
São Paulo-SP (Sudeste)		48	492	57,40	28,30	14,30	Cardena et al., 2013
	Cocalinho (Norte)	61	54	42,38	36,75	20,87	Presente estudo
	Pé do Morro (Norte)	61	58	51,69	29,82	18,49	Presente estudo
	Kalunga (Centro-oeste)	61	132	26,59	63,17	10,24	Presente estudo

3.5 DISCUSSÃO

A classificação da cor da pele, combinada a outros fatores, como os sociais e econômicos, configuram no Brasil uma identidade étnico-racial ligada estreitamente ao conceito de classe social. Contudo, a investigação da ancestralidade genética em amostras populacionais por meio de marcadores genéticos nos permite auxiliar na construção de hipóteses mais próximas da realidade e/ou menos subjetivas quanto à diversidade histórica de constituição, dinâmica e comparação da composição genética de populações reconhecidas como tradicionais.

Numerosos estudos genético-populacionais envolvendo centros urbanos e quilombos rurais revelaram uma variação nas estimativas de miscigenação, porém poucos estudos abordaram as populações quilombolas da região central brasileira, como destacado no nosso estudo. Possivelmente em determinado período, independentemente da região onde foram formados, os quilombos foram comunidades isoladas geneticamente, justificados pela resistência à opressão e formação de refúgios em locais de difícil acesso. Todavia, o influxo de rebelados, mestiços e ameríndios dissolveu parcialmente essas barreiras, o que pode ser evidenciado pela miscigenação observada nessas comunidades. Múltiplas estruturas sociais e econômicas foram estabelecidas entre os quilombos brasileiros, pois vários eram os fatores que interferiam na organização do quilombo, tais como geografia, demografia e cultura (Gomes, 2015). A comunidade Kalunga por exemplo, apresentou a maior contribuição africana, até mesmo mais elevada quando comparada a outras comunidades quilombolas previamente estudadas (Vallinoto et al., 2003; Santos et al., 2010; Maciel et al., 2011; Amorim et al., 2011; Kimura et al., 2013; Gontijo et al., 2014). Além disso, os imigrantes observados (apesar de em baixo número) nessa comunidade, apresentaram maior proporção da contribuição europeia. Entre os sexos, o componente europeu foi significativamente maior entre os homens do que entre as mulheres em Kalunga, o que pode estar associado à região semi-isolada em que se localiza a comunidade. Ressalta-se que Kalunga é uma comunidade localizada em uma região geográfica de difícil acesso e que ficou isolada por muitos anos (Meegen-Silva 1999). Os dados do projeto EPIGEN-Brasil, desenvolvido por Tarazona-Santos e colaboradores (2016) evidenciaram que, após cinco séculos de miscigenação no Brasil, existe ainda uma tendência dos brasileiros de se casarem com indivíduos de ancestralidade similar, o que provavelmente tenha ocorrido nas comunidades quilombolas, em especial na comunidade Kalunga, que além da história de isolamento, apresenta ainda hoje acesso limitado. Este cenário de casamentos étnico-raciais-mediados se deve também às

várias características fenotípicas, culturais e sociais, interligadas com a ancestralidade (Kehdy et al. 2015).

As comunidades de Tocantins apresentaram maior contribuição europeia, possivelmente justificadas pela história de formação, proximidade geográfica e fácil acesso a centros urbanos. Cocalinho e Pé do Morro têm como reflexo a similaridade genética entre elas, evidenciados por estimativas de diferenciação genética mais baixa. Ressalta-se que grande parte dos indivíduos que formaram os quilombos de Tocantins eram descendentes de europeus e mestiços, migrantes que acabaram refletindo a composição genética desses quilombos. Estudos em comunidades quilombolas rurais utilizando marcadores mitocondriais e do cromossomo Y mostraram uma alta contribuição feminina de origem africana, enquanto a europeia é baixa (Bortolini et al., 1999; Ferreira, 2006; Carvalho et al., 2008), e alta contribuição masculina europeia e africana, enquanto a ameríndia é praticamente ausente (Bortolini et al., 1999; Sousa, 2001; Ribeiro-dos-Santos et al., 2002; Ribeiro et al., 2010). Ainda, nessas populações os marcadores autossômicos indicaram alta contribuição das parentais europeia e africana e contribuição ameríndia variável, mas geralmente mais baixa (Bortolini et al., 1999; Vallinoto et al., 2003; Pedrosa e Oliveira, 2004; Pedrosa, 2006; Luizon et al., 2008; Gontijo, 2008; Amorim et al., 2011). Já o padrão das populações urbanas foi diferente (Callegari-Jaques et al., 2003; Parra et al., 2003; Bomfim, 2008; Manta et al., 2013; Moura et al., 2015), onde a contribuição europeia é a mais alta e a ameríndia a mais baixa.

A menor contribuição genética verificada entre as três comunidades avaliadas foi a ameríndia, mesmo sendo avaliadas duas comunidades localizadas na região Norte, apontadas como a região de maior contribuição indígena em relação às demais regiões brasileiras (Salzano e Sans, 2014). Em um estudo realizado por Gontijo e colaboradores (2014), utilizando 15 marcadores autossômicos informativos de ancestralidade (AIM), foram observadas comunidades quilombolas com elevada estimativa de ancestralidade ameríndia (mais de 40%), o que aponta ampla complexidade na história de formação e miscigenação da população brasileira (Tarazona-Santos et al., 2016).

Em geral, espera-se que um indivíduo que se auto-classifique como negro, apresente maior contribuição genética africana do que um que se auto-classifique como branco. Entretanto, em populações miscigenadas como a brasileira, tal situação é altamente complexa. Estudos sociológicos anteriores sugeriram que na autoclassificação étnico-racial, os indivíduos tendem evitar as categorias não-branca (parda e negra) (Telles, 2004). Considerando nossos resultados, esse efeito se mostrou contrário, onde indivíduos com maior

ancestralidade europeia se autotransformaram negros. Em consonância com outros estudos (Santos et al., 2009; Lima-Costa et al. 2015), é possível que a autotransformação fenotípica seja afetada por fatores não-biológicos. De fato, categorias intermediárias, como mistos (pardo) podem ser carregadas de conotações, tanto de exclusão como inclusão. Exclusão, no sentido de não se autotransformar como negro, temendo à opressão da escravidão e o estigma de ser descendente de escravos africanos, oprimidos e perseguidos, como demonstrado até meados da década de 70 pelos habitantes da área Kalunga, que se mantiveram escondidos em seu território mantendo pouco contato com o mundo fora da comunidade. Tal situação pode ser revelada pelo percentual de autotransformados mistos (40,58%) em Kalunga. E inclusão, no sentido de se identificar com a história africana, pertencer a uma comunidade coesa que busca seus direitos como forma de reparação pela vulnerabilidade social e econômica herdada de seus ancestrais, como observado na comunidade Cocalinho, 65,71% de autotransformados como negros.

Entretanto, torna-se relevante apontar as controvérsias nos resultados referentes à associação entre autotransformação fenotípica e ancestralidade genética do presente estudo, que mostraram associação significativa entre autotransformação fenotípica e ancestralidade genética europeia, mas não com a ancestralidade africana após correção de Bonferroni. É bastante provável encontrar no país indivíduos de ascendência exclusivamente europeia ou ameríndia, mas não africana. Além da subjetividade inserida no processo de autotransformação e percepções regionais, um ponto a ser considerado são as ações afirmativas e políticas públicas implementadas no Brasil, com a intenção de promover a igualdade de oportunidades aos indivíduos de todas as categorias étnico-raciais. Ao longo da última década, tais políticas contribuíram para um aumento na autoestima e, conseqüentemente, também para um aumento na quantidade de pessoas que se autotransformam nas categorias “pardo” e “negro”, justificado pelo histórico de opressão e herança econômica de seus ancestrais e não herança biológica (genética).

Nota-se que a mobilidade social produziu ao longo desses anos no nosso país uma reclassificação étnico-racial, destacando que quanto mais elevada a posição social maior tendência ao "branqueamento" (Ánton e Del Popolo, 2009), isto é, a herança da escravidão representada pelas disparidades nas classes sociais. Todavia, comparando-se os resultados do censo demográfico de 2000 com censo de 2010, verificou-se um aumento de 6,2% para 7,6% de autotransformados pretos e de 38,5% para 43,1% de autotransformados pardos (IBGE, 2010). Considerando as comunidades quilombolas, reconhecidamente comunidades relacionadas à

presença africana, não é surpreendente esperar um maior número de autoclassificados negros e mistos (pardos), bem como nativos com maior proporção de contribuição africana, como observado nas comunidades de Cocalinho e Kalunga.

Visando contornar as diferenças subjetivas regionais na percepção da autoclassificação fenotípica, Pena e colaboradores (2011) propuseram um cálculo de estimativa das proporções ancestrais gerais para cada uma de quatro das regiões geográficas do Brasil que eles estudaram. Esse cálculo revelou um nível muito mais elevado de uniformidade do que se esperava anteriormente onde observaram que em todas as regiões estudadas predominou a ancestralidade europeia, com proporções que variaram de 60,6% no Nordeste a 77,7% no Sul. Entretanto, tal resultado não pode ser extrapolado para grupos populacionais como os quilombos.

Estudos que correlacionam ancestralidade genética com uma série de características físicas como a cor da pele, autoclassificação étnico-racial, variáveis econômicas e culturais, apesar das controvérsias, têm sido realizados no Brasil (Ruiz-Linares et al. 2014, Lima-Costa et al. 2015), e de fato seus resultados têm mostrado que os indivíduos com maior ancestralidade africana têm menores oportunidades de desenvolvimento e menores níveis socioeconômicos (Telles, 2004). Esse panorama reforça a ideia de que comunidades tradicionais não são resultados de uma formação ligada somente à herança biológica (relacionada à contribuição de determinada ancestralidade genética), mas à herança social e econômica construída pelo processo de vulnerabilidade, discriminação e marginalização. Aliado a isso, os marcadores genéticos utilizados não são marcadores da cor de pele, mas um painel elaborado para estimar ancestralidade genética da população brasileira. Diante de resultados indicando ausência de associação significativa entre ancestralidade genética e autoclassificação fenotípica, debates acadêmicos questionam se a condição étnico-racial é definida principalmente pelo “repertório cultural”. Por exemplo, nos Estados Unidos, sugere-se que as distinções étnico-raciais também se aliam às diferenças culturais, tais como o idioma, a culinária, a religião e as vestimentas. Argumentos semelhantes têm sido apresentados sobre o Brasil (Telles, 2004). Conforme o autor anteriormente citado, há uma evidente cultura africana entre os brasileiros, que pode ser justificado pela permanência no Brasil de escravos nativos da África e maiores vínculos comerciais e culturais dos colonos portugueses com a África do que os ingleses ou os norte-americanos.

De acordo com Pena e colaboradores (2011) as divergências entre autoclassificação fenotípica e ancestralidade genética são mais frequentes no norte do que no sul do país. A

diversidade mais evidente observada pelos autores foi na categoria fenotípica mista (parda). Observou-se no Norte (Belém-PA), que indivíduos autoclassificados mistos apresentavam média de 68,6% ascendência europeia, seguido por 20,9%, ancestralidade ameríndia e 10,6% de ascendência africana, enquanto na região Sul apresentavam em média, 44,2% de componente europeu, 11,4%, ameríndio e 44,4% de componente africano.

O estudo de populações do Sul (Pelotas), Sudeste (Bambui) e Nordeste (Salvador) verificou que a associação autoclassificação étnico-racial e ancestralidade genética (estimada com 370.539 SNPs) variou amplamente entre as populações (Lima-Costa et al., 2015). Em um outro estudo brasileiro, que utilizou o mesmo painel de AIM do presente capítulo (em número e seleção de marcadores), Ramos e colaboradores (2016) verificaram que nem a autodeclaração étnico-racial e nem a origem familiar declarada foram indicadores associados à ancestralidade genética. Aliado a esses resultados, um estudo envolvendo 189 mulheres de uma população miscigenada brasileira, observou uma sobreposição na ancestralidade genética entre diferentes categorias de autodeclaração fenotípica, o que sugere que os indivíduos com as mesmas proporções de estimativas de ancestralidade genética podem se classificar em quaisquer categorias étnico-raciais (Lins et al., 2011).

No Brasil, estimativas de mistura mostram variações entre as diferentes regiões do país. A região Centro-oeste, apesar de apresentar estimativas similares às do norte, apresenta um baixo número de estudos (Salzano e Sans, 2014). Outro ponto que merece ser destacado é que além das estimativas de ancestralidade genética serem altamente variáveis em todo o Brasil, o contínuo processo de urbanização torna o estudo de populações miscigenadas ainda mais complexo. De fato, a contribuição europeia é marcante em nosso país (Parra et al., 2003; Pena et al., 2011; Manta et al., 2013b), porém esses estudos, em sua maioria, refletem a população de centros urbanos brasileiros.

Considerando as populações do presente estudo, nossos resultados apontaram uma similaridade da composição genética de Kalunga quando comparada a outros quilombos rurais encontradas na literatura. Já as comunidades de Tocantins apresentaram composição genética similar à de centros urbanos. Estudos revelaram uma ancestralidade europeia maior nas regiões Sul, Sudeste e no Centro-oeste (nessa ordem), uma ancestralidade africana maior no Nordeste que no Sudeste e uma ancestralidade indígena baixa no Sul, Sudeste e Nordeste, que apresenta-se mais aumentada no Centro-oeste e no Norte (Pena et al. 2011, Salzano e Sans, 2014; Kehdy et al. 2015). Existem exceções desse padrão, como as populações de quilombolas, que em geral apresentam elevada ancestralidade africana (Pedrosa, 2006;

Luizon, 2007; Scliar et al. 2009; Santos et al., 2010), populações indígenas que, dependendo da localização geográfica e seu histórico de contato com não indígenas, apresentam diferentes níveis de miscigenação, isolados genéticos (populações com frequências elevadas de doenças genéticas), cujo estudo sistemático está sendo realizado por pesquisadores do Instituto Nacional de Genética Médica Populacional (Castilla e Schuler-Faccini, 2014), dentre outros.

Com base na revisão da literatura, há uma diversidade de painéis de marcadores genéticos utilizados no estudo da população brasileira. Ressalta-se que a própria comunidade Kalunga foi avaliada utilizando-se diferentes marcadores genéticos, AIM e STR (Pedrosa, 2006), DNA mitocondrial (Ferreira, 2006), cromossomo Y (Ribeiro, 2009) e inserções *Alu* (Arcanjo, 2016). As estimativas genéticas obtidas por AIM foram similares aos nossos resultados, no entanto a contribuição ameríndia estimada pelo painel de inserções *Alu* (1,74%) foi menor, possivelmente relacionado à utilização de populações asiáticas como substituta para a parental ameríndia (Arcanjo, 2016). Já a diferença observada para a estimativa europeia foi justificada pela imprecisão dos marcadores genéticos STR utilizados decorrentes de maiores taxas de mutação (Pedrosa, 2006). A Figura 3.9 ilustra a heterogeneidade de estimativas genéticas obtida para as populações de Brasília (uma população urbana) e Kalunga quando são utilizados marcadores genéticos de natureza diferente, refletindo a reprodução do homem europeu com as mulheres de todos os grupos parentais (Toledo, 2011).

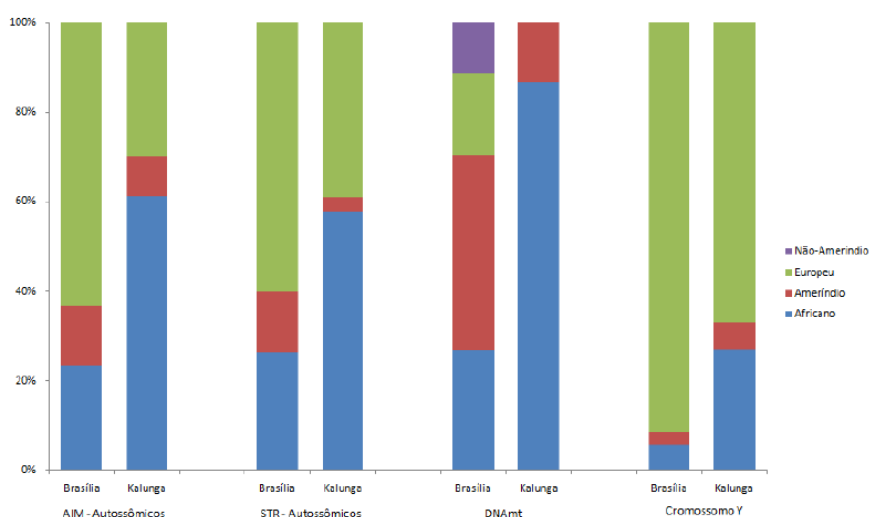


Figura 3.9 Estimativas de ancestralidade genética nas populações do Distrito Federal e Kalunga para diferentes classes de marcadores moleculares. AIMS (Marcadores informativos de ancestralidade) autossômico, STRs (microsatélites) autossômico, haplogrupos de DNAMt e STRs do cromossomo Y. Fonte: Toledo, 2011.

Nossos resultados apontaram similaridade da composição genética de Kalunga à composição de outras comunidades quilombolas testadas com o mesmo painel. Já as

comunidades Cocalinho e Pé do Morro apresentaram composição genética similar à composição de centros urbanos previamente analisados. Considerando o painel de ancestralidade aqui utilizado, é provável que a precisão das análises tenha aumentado em comparação ao painel anteriormente utilizado pelos próprios autores, constituído de 48 AIM (Santos et al., 2010). A precisão destas estimativas é diretamente proporcional ao número de marcadores utilizados e à magnitude da diferença das frequências alélicas destes (Yang et al., 2007), principalmente quando considerada a ancestralidade indígena. Portanto, a acurácia dessas estimativas está diretamente relacionada à quantidade de marcadores analisados: quanto maior o número, mais regiões do genoma são analisadas (Yang et al., 2007; Shriver e Kittles, 2004). Entretanto, não se pode concluir a respeito da eficiência do painel, visto aqui não tratamos de um estudo comparativo de painéis de marcadores genéticos.

Diante do exposto, estudos que buscam a estimativa da ancestralidade genética populacional e sua posterior comparação com outros grupos populacionais, devem considerar algumas limitações, como representatividade em tamanho e natureza da amostra, número e tipo de marcadores utilizados, caracterização fenotípica dos sujeitos de pesquisa e o método de determinação da ancestralidade (Salzano e Sans, 2014). Nossos resultados foram comparados às estimativas de ancestralidade de outras comunidades, porém havendo ciência das limitações em relação ao número e natureza dos marcadores genéticos utilizados. Portanto, não se pode apontar a ancestralidade genética como uma ferramenta absoluta de determinação étnico-racial, nem tampouco na identificação de comunidades tradicionais.

Embora a autoclassificação fenotípica seja um aspecto importante para o reconhecimento como membro de um *quilombo*, como mostra nosso estudo, muitas comunidades exibem todas ou algumas características, como rituais ou religiosidade, tradições culturais, origem ou ascendência comum, vínculos de parentesco, relação com escravidão e, especialmente, uma conexão com seus territórios e o cultivo da terra (Marques e Gomes 2013, Farfán-Santos 2015, Brasil 2006) (ver fotografias das comunidades avaliadas no ANEXO 8). Portanto, as comunidades que foram formadas ao longo do século XX, foram povoadas por migrantes miscigenados que, em muitos casos, estavam relacionados ou tinham determinada coesão cultural, à medida que migraram da mesma região. Como tratado no capítulo anterior, a história e a formação recente de Cocalinho e Pé do Morro não se enquadram no conceito histórico de *quilombo*, mas parecem se adequar na definição atual e exemplificam a diversidade de comunidades quilombolas, que também é refletida na composição genética.

O antropólogo Dr. Ricardo Ventura Santos, da Fundação Oswaldo Cruz, juntamente com seus colaboradores tem estudado o cenário das investigações em genética de populações no Brasil. Ele vem abordando questões sobre como a genética de populações brasileiras miscigenadas se articula com as questões sociais, culturais e de identidade étnico-racial (Kent et al., 2014). Com os resultados obtidos da genética, nos deparamos com duas dimensões, uma biológica e outra social. Em se tratando da primeira, pesquisadores procuram vincular variantes genéticas e/ou determinado componente ancestral à ocorrência de doenças (como veremos nos próximos capítulos). Já a dimensão social permite traçar a história, a identidade e em que proporções os ancestrais contribuíram na formação de um grupo populacional. Nota-se que o presente capítulo, por meio das ferramentas biológicas estabelece um debate social e político. Esse debate é caracterizado por Kent e colaboradores (2014) como uma tensão entre a unidade e a diversidade da população brasileira.

No lado da unidade, temos o médico geneticista Dr. Sérgio Danilo Junho Pena que vem apontando em seus estudos a população brasileira como tão miscigenada, a ponto de não ser diferenciada em grupos definidos no nível genético (Kent et al., 2014). Em um de seus estudos mais recentes, Pena e colaboradores (2011) concluíram que a ancestralidade genética em diferentes regiões brasileiras é misturada, porém homogênea, com elevado percentual de contribuição europeia.

No lado da diversidade, dois grupos de pesquisa brasileiros, um da Universidade Federal do Rio do Sul (UFRGS) e outro da Universidade Federal do Pará (UFPA), têm demonstrando que há diversidade nos padrões de ancestralidade genética entre diferentes regiões. O grupo da UFRGS desafia uma premissa básica proposta por Pena e colaboradores (Parra et al., 2003), defendendo a associação entre autoclassificação fenotípica e ancestralidade genética na região Sul, com maior percentual da contribuição europeia. Aliado a isso, o grupo revelou contribuições ancestrais diferentes do resto da população brasileira em determinado grupo de vaqueiros gaúchos, que incluiu elevado percentual de contribuição ameríndia do lado materno e contribuição europeia espanhola do lado paterno (Marrero et al., 2007; Kent et al., 2014). O grupo da UFPA, coordenado pelos professores Sidney Santos e João Guerreiro revelaram padrões diversificados na Amazônia, com populações mistas urbanas e rurais apresentando elevadas estimativas de ancestralidade ameríndia quando comparadas a outras populações brasileiras, e comunidades quilombolas misturadas, ainda com elevado percentual de contribuição africana (Santos et al., 2010; Kent et al., 2014). Enquanto o lado da

unidade parte para a utilidade das generalizações, o lado da diversidade destaca que simplificações podem esconder particularidades significativas.

Dessa forma, nosso estudo corrobora com ambos os lados, mostrando padrões de ancestralidade genética da região Centro-Oeste e *quilombos* contemporâneos reconhecidos pela Fundação Cultural Palmares com estimativas de ancestralidade africana similares aos padrões observados em amostras populacionais urbanas e um quilombo semi-isolado com elevada contribuição africana. Em Cocalinho e Pé do Morro observamos uma miscigenação mais elevada que em Kalunga, o que nos permite apontar que não há um padrão de composição genética para estas comunidade. Esse cenário reflete a diversidade de história de formação e nos faz ampliar ainda mais que a ideia da herança de vulnerabilidade social e econômica da população brasileira não obrigatoriamente estão atreladas à herança biológica. Aliado a isso, destaca-se que os marcadores genéticos mais atuais, como os marcadores utilizados no nosso estudo, confirmaram a heterogeneidade genética entre os diferentes quilombos do país também demonstrada por meio de marcadores clássicos, como a frequência do alelo da hemoglobina S, que variou de 0 a 13% em 24 comunidades quilombolas em diferentes regiões do país (Oliveira et al., 2012).

Debates sobre a relação ancestralidade e identidade étnico-racial ocorrem em outros países, como na Jamaica. Com base na Convenção nº 169 da Organização Internacional do Trabalho (OIT) sobre povos indígenas e tribais, que define os povos tribais como "povos em países independentes cujas condições sociais, culturais e econômicas os distinguem de outros setores da comunidade nacional e cujo status é regulado total ou parcialmente por seus próprios costumes ou tradições ou por leis ou regulamentos especiais", *Maroons* (equivalentes a *quilombos*) na Jamaica são reconhecidos como povos tribais pela Organização das Nações Unidas (ONU). Embora os indivíduos *Maroons* não possam ser distinguidos de outros jamaicanos com base em critérios fenotípicos, eles têm preservado suas tradições culturais e crenças, que não são compartilhadas pelos demais jamaicanos (Baldwin-Jones, 2011). Tal situação pode ser justificada pela coesão dessas comunidades, assim como ocorre com as comunidades quilombolas no Brasil.

Nossos dados assim como a discussão abordada por Kent e colaboradores (2014) destacaram o debate sobre o determinismo genético na sociedade brasileira, no nosso caso ampliando para comunidades tradicionais. Durante a elaboração do presente estudo, nossa preocupação foi justamente o aparecimento de generalizações e simplificações que permeiam tanto os estudiosos quanto à população em geral, por isso a importância dos registros

históricos ao longo de todo esse trabalho. O estudo de Pena et al. (2011) foi noticiado de uma forma sensacionalista em um artigo nacional da Folha de São Paulo¹ e também em outro artigo "Que Mama África que nada! É Mama Europa, mesmo!", presente no site da Veja², assim distribuindo informações que contribuem na desconstrução da identidade Afro-brasileira (Kent et al., 2014). Ressalta-se que notícias como esta geram interpretações errôneas das pesquisas realizadas, indicando que a dimensão biológica poderia ser determinante nas formulações de políticas e ações afirmativas. Nosso estudo, assim como os estudos realizados pelos vários grupos de genética de populações, incluindo Pena e colaboradores (2011), têm ampliado as informações presentes nos registros históricos, mostrando que as percepções de identidade étnico-raciais são dinâmicas e variam de acordo com a localização geográfica e outros fatores, como sociais, econômicos e políticos, e principalmente culturais, não avaliados nesse estudo.

Apesar da herança discriminatória que confere valores negativos a identidade afro-derivada, esta, em consequência da organização política, vem sendo modificada. O número crescente de comunidades que se autodefinem como remanescentes de quilombos é uma evidência disso. O auto-reconhecimento como remanescente de quilombo integra um processo dinâmico de construção identitária que passa pelo viés cultural, histórico, de território e parentesco (Silva e Silva, 2014). A identidade de um grupo populacional tem sido diferenciada de "outras formas de identidade coletiva pelo fato de ela ser orientada para o passado". Esta referência a uma origem comum presumida parece recuperar, de certo modo, a própria noção de quilombo definida pela historiografia (O'Dwyer, 2007).

Diante desse cenário, os debates públicos em torno da ancestralidade genética, buscam esclarecer se a genética tem algum papel nas formas como o Brasil e suas comunidades são identificadas, na resposta do movimento negro e nos argumentos genéticos contra ações afirmativas e políticas públicas (Kent et al., 2014), tais como cotas raciais e políticas específicas para comunidades tradicionais. Assim, tem-se interpretações que chamamos nesse estudo de dimensões sociais e biológicas de uma população miscigenada que estimulam a discussão sobre teorias e políticas de âmbito regional, nacional e relevância internacional.

1 <http://www1.folha.uol.com.br/fsp/ciencia/fe1802201101.htm>

2 <http://veja.abril.com.br/blog/reinaldo/que-mama-africa-que-nada-e-mama-europa-mesmo/>

3.6 CONCLUSÕES

- ✓ As estimativas de contribuições parentais na composição genética, utilizando AIMs do tipo INDEL como fonte de dados, revelaram que Kalunga apresenta uma contribuição genética africana maior do que as outras duas comunidades avaliadas.
- ✓ Não há, como esperado, diferença na composição genética entre os sexos, mas há diferença entre nativos e migrantes.
- ✓ Foi observada associação entre ancestralidade africana e europeia com autotclassificação
- ✓ Há diferença na composição genética entre os três quilombos aqui analisados.

CAPÍTULO 4 PANORAMA EPIDEMIOLÓGICO DOS QUILOMBOS DO BRASIL CENTRAL: SAÚDE CARDIOVASCULAR E TRANSIÇÃO EPIDEMIOLÓGICA

4.1 INTRODUÇÃO

4.1.1 Saúde da população negra e determinantes sociais de saúde (DSS)

O conceito da Organização Mundial de Saúde (OMS) aponta que "A saúde é um estado de completo bem-estar físico, mental e social, e não consiste apenas na ausência de doença ou de enfermidade". Para analisar os fatores que intervêm sobre a saúde, e sobre os quais a saúde pública deve se basear, quatro determinantes gerais costumam ser observados (Figura 4.1): a biologia humana (componente genético e processos biológicos inerentes à vida), o ambiente (habitação e trabalho), o estilo de vida (decisões que afetam a saúde, como prática de exercícios físicos, tabagismo entre outros) e a assistência médica (serviços ambulatoriais, hospitalares e medicamentos) (Scliar, 2007).

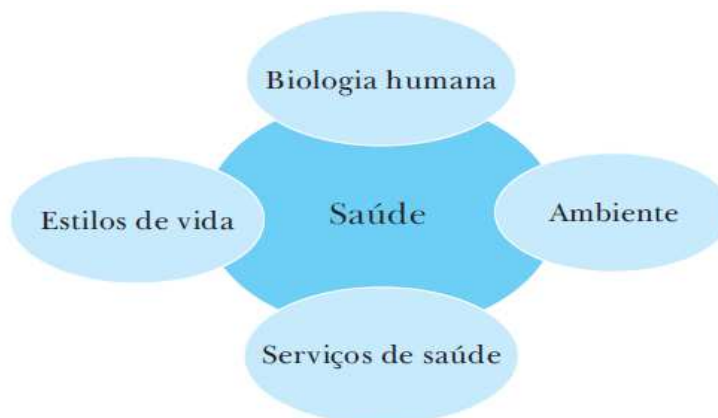


Figura 4. 1 Modelo do campo da saúde. Fonte: (Carvalho e Buss, 2009)

Grande parte das doenças e agravos que existem no mundo acontece por conta das condições em que as pessoas nascem, vivem, trabalham e envelhecem. A esse conjunto denomina-se “determinantes sociais da saúde”, um termo que agrega os determinantes sociais, econômicos, políticos, culturais e ambientais da saúde (OMS, 2011). Para a Comissão Nacional sobre os Determinantes Sociais da Saúde (CNDSS), os DSS consistem em fatores sociais, econômicos, culturais, étnico/raciais, psicológicos e comportamentais que

influenciam nos problemas de saúde e seus fatores de risco na população, como mostrado na Figura 4.2. Já a comissão homônima da Organização Mundial da Saúde (OMS) define Determinantes Sociais de Saúde (DSS) de uma forma mais simples, segundo a qual sendo DSS as condições sociais em que as pessoas vivem e trabalham (Buss e Pelegrini-Filho, 2007).

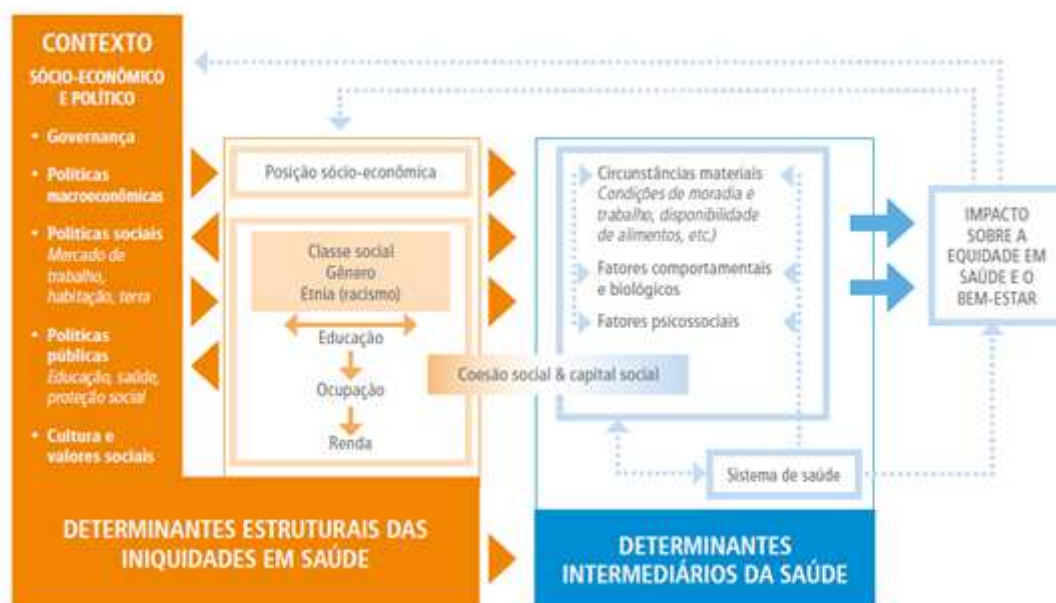


Figura 4.2 Marco conceitual dos determinantes sociais da saúde. Fonte: (OMS, 2011 *apud* Solar e Irwin, 2010)

Para o Ministério da Saúde, a política de inclusão da população quilombola iniciou-se, efetivamente, em 2004 com a Portaria n.º 1.434, de 14/7/2004, que criou um incentivo para a ampliação de equipes de estratégia da saúde para as comunidades quilombolas (Freitas et al., 2011). A Fundação Nacional de Saúde (FUNASA), vinculada ao Ministério da Saúde do governo brasileiro, tem incentivado projetos concernentes ao cuidado com a saúde das comunidades quilombolas, principalmente programas de prevenção para a saúde e melhoria da qualidade de vida. Entre as políticas, destaca-se a Política Nacional de Saúde Integral da População Negra, instituída pela Portaria n.º 992, de 13 de maio de 2009, que visa promover a saúde da população negra, priorizando a redução das desigualdades étnico-raciais, o combate ao racismo e à discriminação nas instituições e serviços do Sistema Único de Saúde (SUS).

Em consonância com a Agenda Nacional de Prioridades de Pesquisa em Saúde (MS, 2008), que destaca a necessidade da investigação e descrição de agravos e doenças da população negra, a coleta de dados primários de saúde possibilita o conhecimento do perfil de saúde e a distribuição de exposições e condições de risco.

4.1.2 Transição epidemiológica

Sabe-se que o perfil epidemiológico de uma população está ligado ao seu desenvolvimento econômico e social. Em particular, o estudo de agravos e doenças em populações negras ou afro descendentes é necessário, uma vez que sua ontogenia ainda é motivo de debates, que tomam vertentes socioambientais e genéticas, cujos resultados nem sempre são compartilhados (Kimura, 2010).

De acordo com a teoria de Omram (1971), as alterações nos padrões de morbidade e mortalidade correspondem a um processo denominado "transição epidemiológica". Segundo essa teoria, a humanidade passou por três fases epidemiológicas ao longo da sua história: a) A Era da Fome e das Pestes, do pré-neolítico até o fim da Idade Média, caracterizada por altos índices de natalidade, altas taxas de mortalidade por doenças infecciosas endêmicas e epidemias, baixa expectativa de vida e crescimento demográfico lento; b) A Era do Declínio das Pandemias, correspondendo historicamente ao período que vai da Renascença até o início da Revolução Industrial, caracterizada pelo desaparecimento das pandemias e permanência das doenças infecciosas como principal causa de morte, melhora no padrão de vida, aumento no crescimento populacional e expectativa de vida; c) A Era das Doenças Degenerativas e das Causadas pelo Homem, estende-se da Revolução Industrial até os tempos atuais, caracterizada por uma progressiva melhora do padrão de vida das populações (habitação, saneamento, alimentação, educação) e um correspondente declínio das doenças infecciosas e aumento da expectativa de vida. As principais causas de mortalidade passaram a ser doenças cardiovasculares e neoplasias malignas, ocorrendo também uma desaceleração no crescimento demográfico (Harper e Amelagos, 2010; Araújo, 2012). O Quadro 4.1 apresenta as diferentes fases de transição epidemiológica ao longo da história. Considerando países em desenvolvimento, como o Brasil, a melhoria das condições de vida tem sido gradual e descontínua, com declínio das doenças infecciosas acentuado após o advento dos antibióticos e outros avanços da medicina (Araújo, 2012; Adogu et al., 2015). Todavia, há controvérsias em relação à incidência de doenças infecciosas associadas à falhas terapêuticas, bem como ao estágio de desenvolvimento econômico do país. Definir um aumento ou diminuição na incidência e prevalência de uma doença é um desafio para os epidemiologistas, que estão acostumados a considerar os diversos fatores (Harper e Amelagos, 2010).

O Brasil atravessa, atualmente, 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 tradicionais, como as comunidades quilombolas (Kimura et al., 2012; Bezerra et al., 2013; Soares e Barreto, 2014). É possível observar uma polarização epidemiológica, com a existência simultânea de elevadas taxas de prevalência de doenças crônico-degenerativas e doenças infecciosas e parasitárias, cuja mortalidade ainda é elevada quando comparada às taxas observadas em países desenvolvidos. Tal cenário pode ser justificado pela disparidade histórica, social e política entre as regiões Sul, Sudeste e Nordeste do país, que representam os extremos em termos de indicadores de saúde, sendo o Sul a região com melhores e o nordeste com os piores indicadores. Dessa forma, tem-se uma polarização epidemiológica e de distribuição geográfica, significando a existência de regiões com padrões de saúde comparáveis aos dos países desenvolvidos e regiões com índices de mortalidade comparáveis aos dos países mais pobres do hemisfério sul. Essas polarizações são acompanhadas das disparidades sociais entre grupos populacionais, dentro de uma mesma região, estado ou cidade, marcadas por desigualdades de renda, insegurança alimentar, moradia, saneamento, educação e acesso a serviços de saúde (Araújo, 2012; Rasella et al., 2016).

Em geral as populações rurais apresentam maiores problemas de saúde quando comparadas às urbanas. Em sua maioria, as comunidades quilombolas são grupos populacionais pequenos e rurais, porém existem comunidades localizadas em áreas urbanas (Carril, 2006; Comissão Pró-Índio de São Paulo, 2014). Aliado a isso, tem-se a desvantagem devido à menor oferta e menor complexidade dos serviços da assistência de saúde na área rural (Pinheiro et al, 2002; O'Donnell, 2007; Carneiro et al., 2008), reduzindo o acesso ao tratamento e às ações de promoção e prevenção à saúde (Felisbino-Mendes et al., 2014).

Não obstante à compreensão biológica e sim epidemiológica, ressalta-se que o aspecto étnico-racial pode dar significativas indicações sobre as condições de vida e saúde da população negra. Estudos sobre aspectos relacionados aos agravos de saúde e doenças em comunidades quilombolas tem sido realizados no Brasil, envolvendo principalmente as regiões Norte, Nordeste e Sudeste do país. A Tabela 4.1 apresenta exemplos desses estudos em um recorte correspondente a última década.

Quadro 4.1 Caracterização das fases de transição epidemiológica (Fonte: Harper e Amelagos, 2010).

Transição	Paleolítico (linha de base)	Primeira transição	Segunda transição	Terceira transição
Período	Pré-Neolítico Caçadores e coletores	Neolítico à Idade Moderna	Idade Moderna até século XX (baixa progressão em países de baixa renda)	Final do século XX até o presente
Características	- Pré-agricultura - Baixas taxas de fertilidade e mortalidade - População pequena - Dieta variada	- Agricultura - Elevadas taxas de fertilidade e mortalidade - População grande - Dieta em função do cultivo	- Agricultura - Baixas taxas de mortalidade, inicialmente elevadas taxas de fertilidade, subsequente baixas taxas - População grande - Aumento da expectativa de vida - Dieta variada de alto consumo - Antibióticos, vacinas, melhora da higiene	- Agricultura - População grande - Doenças crônicas - Resistência aos antimicrobianos - Expectativa de vida?
Causas comuns da morbidade e mortalidade	Infecções	Infecções e deficiências nutricionais	Doenças crônicas (cardiovasculares, alergias, doenças auto- imunes etc.) Doenças sexualmente transmissíveis	Doenças da 2 ^a transição somadas aos quadros de resistência aos agentes antimicrobianos

Tabela 4.1 Estudos relacionados a agravos de saúde e doenças em comunidades afro-brasileiras (2007- 2017)

Localização	Nº indivíduos	Desenho do estudo	Investigação	Referência
Caiana dos Crioulos/AL	148	Transversal	Condições sanitárias e de saúde humana	Silva, 2007
12 comunidades/MS	947	Transversal	Prevalência de hepatite A em comunidades quilombolas	Kozłowski et al., 2007
60 comunidades/ 22 estados da federação	>2000	Transversal	Políticas Sociais e Chamada Nutricional Quilombola: estudos sobre condições de vida nas comunidades e situação nutricional das crianças	Brasil, 2008
Salvador/BA	587	Caso-controle	Associação entre ancestralidade genética e efeito protetor em casos graves de dengue	Blanton et al., 2008
Rio Grande do Sul/São Paulo/ Vale do Ribeira/SP	1006	Caso-controle	Associação de polimorfismos da região reguladora de ADIPOR1, diabetes tipo 2 e IMC em brasileiros de ancestralidade europeia e africana	Yeh et al., 2008
Mato Grosso do Sul/MS	708	Transversal	Adesão e resposta à vacinação contra hepatite B	Motta-Castro et al., 2008
Vale do Ribeira/SP	1109	Transversal	Triagem molecular de mutações relacionadas à anemia falciforme	Mingroni-Netto et al., 2009a
Kalunga/Goiás	878	Transversal	Estudo epidemiológico das hepatites A, B e C	Matos et al., 2009
Goiás e Mato Grosso do Sul	1837	Inquérito populacional	Prevalência da infecção pelo HTLV-1	Nascimento et al., 2009
Senhor do Bonfim/BA	348	Transversal	Enteroparasitas e condições socioeconômicas e sanitárias de crianças e adolescentes	Cabral-Miranda et al., 2010
12comunidades/BA/CE/GO/MA MT/MG/PI/RS/RN/SP	218	Transversal	Descrição das condições de acesso da população negra ao diagnóstico e à assistência para DST, HIV/AIDS	Silva et al., 2010
Vale do Ribeira/SP	759	Estudos de ligação e associação	Estudo de fatores genéticos associados à hipertensão essencial em adultos	Kimura, 2010
6 comunidades/PA	533	Transversal	Avaliação da situação nutricional de populações quilombolas de Santarém	Guerrero, 2010
14 comunidades/TO	696*	Transversal	Investigação de determinantes da segurança alimentar	Monego et al., 2010

Localização	Nº indivíduos	Desenho do estudo	Investigação	Referência
Frechal/MA	72	Transversal	Caracterização de genótipos do vírus da hepatite B	Alvarado-Mora et al., 2011
3 comunidades/PA	-	Transversal	Descrição do acesso e a acessibilidade aos serviços de saúde em quilombos na Amazônia Paraense	Cavalcante, 2011
Porto Alegre/RS e Vale do Ribeira/SP	709	Estudo de associação	Efeito multilocus como componente genético associado à obesidade em adultos	Angeliet al, 2011
3 comunidades/PA	264	Transversal	Prevalência da hipertensão sistêmica e seus determinantes antropológicos	Borges, 2011
39 comunidades/AL	973	Transversal	Descrição das condições de nutrição e saúde de crianças de 6 a 59 meses comunidades quilombolas	Ferreira et al., 2011
Vale do Ribeira/SP	652	Estudo familiar e caso-controle	Efeito multilocus de sete polimorfismos sobre pressão arterial em população adulta	Kimura et al, 2012
10 comunidades/BA/PI/SE	860	Transversal	Prevalência de doença celíaca por meio de <i>screening</i>	Almeida et al, 2012
Santarém/PA	116	Transversal	<i>Screening</i> molecular para as hemoglobinas S, C, α e β talassemias	Cardoso et al, 2012
39 comunidades/AL	2729**	Inquérito populacional	Composição corporal e hipertensão arterial em mulheres quilombolas e não quilombolas	Ferreira et al., 2013a
39 comunidades/AL	725	Inquérito populacional	Efeito da amamentação sobre a circunferência da cabeça de crianças entre 12 e 60 meses de idade em quilombos	Ferreira et al., 2013b
Vitória da Conquista/BA	797	Inquérito populacional	Estimativa da prevalência e identificação de fatores associados à utilização dos serviços de saúde em população quilombola	Gomes et al, 2013
Vitória da Conquista/BA	797	Inquérito populacional	Prevalência de hipertensão arterial em adultos	Bezerra et al, 2013a
Vitória da Conquista/BA	797	Inquérito Populacional	Utilização de medicamentos em adultos	Medeiros et al., 2013
Espírito Santo	765	Transversal	Prevalência de parasitoses intestinais em crianças e adolescentes	Costa e Denadai, 2013

Localização	Nº indivíduos	Desenho do estudo	Investigação	Referência
São Francisco/MG	76*	Transversal - descritivo	Avaliação da atenção primária na saúde infantil, segundo à percepção de cuidadores de crianças	Marques et al., 2014
Vitória da Conquista/BA	548	Inquérito populacional	Estimativa de prevalência e fatores associados à perda de oportunidades para o diagnóstico de diabetes mellitos	Souza et al., 2014
Vitória da Conquista/BA	739	Inquérito populacional	Estado nutricional, prevalência de sobrepeso e obesidade abdominal em adultos	Soares e Barreto, 2014
Vitória da Conquista/BA	797	Inquérito populacional	Auto-avaliarão de saúde negativa em população adulta	Kochergin et al., 2014
Vitória da Conquista/BA	764	Inquérito populacional	Prevalência e fatores associados à depressão em adultos	Barroso et al, 2014
Vitória da Conquista/BA	348	Inquérito populacional	Análise de fatores associados a não realização de Papanicolau em mulheres	Oliveira et al, 2014
12 municípios/GO	226	Transversal	Estado nutricional e segurança alimentar de estudantes quilombolas	Cordeiro et al., 2014
Kalunga/GO	153	Transversal	Prevalência de parasitas intestinais	Rangel et al., 2014
Mola/Pará	55	Transversal	Prevalência de doenças crônicas em população adulta	Melo e Silva, 2015
Codó-MA	322	Transversal	Fatores de risco associados a dislipidemias	Barbosa et al., 2015
Kalunga/GO	81***	Transversal	Caracterizaçãode hábitos alimentares locais	Silva et al., 2015
Kalunga/GO	116	Transversal	Fertilidade e doenças infecto-contagiosas em mulheres adultas	Rivara, 2017 (em preparação)

* número de famílias** 1631 mulheres quilombolas e 1098 não quilombolas*** unidades doméstica

4.1.3 A emergência de doenças crônicas não transmissíveis em comunidades quilombolas

As doenças crônicas não transmissíveis (DCNT), como doenças cardiovasculares, acidente vascular cerebral (AVC), câncer, doenças respiratórias crônicas e diabetes, são, de longe, a principal causa de mortalidade no mundo, representando 60% de todas as mortes. Estas doenças se tornaram atualmente um grande desafio para os sistemas de saúde, representando também uma causa subestimada da pobreza e impedindo o desenvolvimento econômico de muitos países. Cerca de 80% das mortes por doenças crônicas ocorrem em países de baixa e média renda, onde 29% das pessoas apresentam menos de 60 anos de idade, enquanto nos países de renda alta, apenas 13% são mortes precoces (OMS, 2011; Aikins et al., 2013). Diante do cenário mundial do aumento da expectativa de vida, à diminuição da carga global de doença por malária e HIV/AIDS e à discreta queda da mortalidade infantil abaixo de cinco anos de forma geral, as DCNT assumiram um papel de destaque na atribuição da mortalidade e de sobrevivida com incapacidades (Schmidt et al., 2011; Felisbino-Mendes et al., 2014). No Brasil, representam a causa de 75% das mortes registradas (OMS, 2014) (Figura 4.3) e também são mais prevalentes nas camadas sociais de baixa renda, por estarem mais expostas aos fatores de risco e terem menos acesso aos serviços de saúde (Felisbino-Mendes et al., 2014). Há um plano de ações estratégicas para o enfrentamento das doenças crônicas não transmissíveis no período 2011-2022, que tem como metas a redução da taxa de mortalidade prematura (< 70 anos) por DCNT, redução da prevalência de obesidade e do consumo nocivo de álcool, aumento da prevalência de atividade física no lazer, melhora do consumo alimentar com foco em hortaliças e baixo consumo de sódio, e redução da prevalência de tabagismo em adultos (MS, 2011).

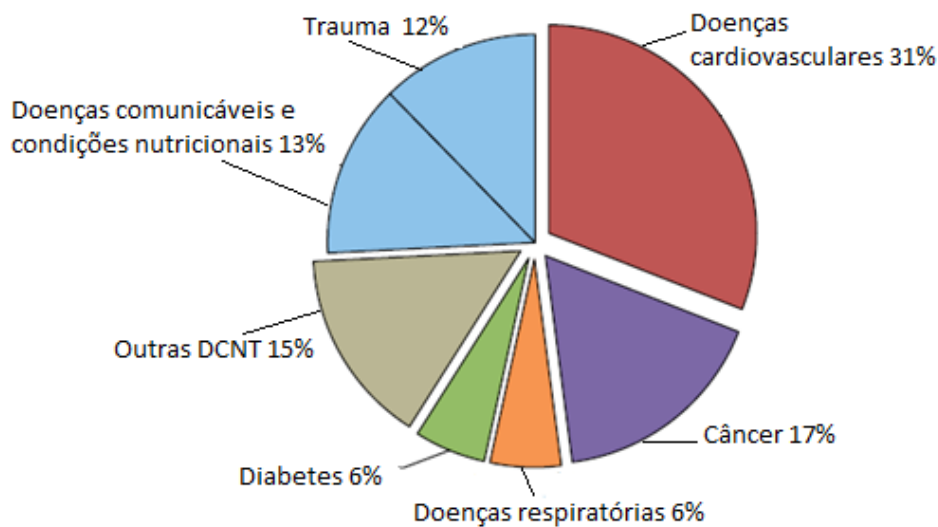


Figura 4.3 Estimativa de prevalência de mortalidade decorrente de doenças crônicas no Brasil. Fonte: WHO, 2014.

Sendo o continente africano local da origem e dispersão do homem moderno, variações genéticas em africanos podem representar fatores de risco para diferentes grupos populacionais afro-derivados da atualidade (Tishkoff e Williams, 2002), principalmente quando somados aos fatores sociais e econômicos. As causas exatas da alta prevalência de doenças cardiovasculares em afro-descendentes ainda não estão claramente definidas estando, possivelmente, associadas a uma combinação complexa de fatores socioculturais, biológicos/genéticos e ambientais. Por este motivo, estudos em populações tradicionais, como comunidades quilombolas, podem levar a definir mais claramente os efeitos de cada um dos fatores investigados na origem das doenças crônicas. Essas populações são social e economicamente vulneráveis e, possivelmente, se encontram em um processo de transição de um estilo de vida do mais tradicional para um mais urbanizado, (Beltrão, 2008).

A hipertensão é uma condição clínica com ampla prevalência que representa um fator de risco relevante para doenças cardiovasculares, afetando 40% dos adultos acima dos 25 anos de idade em todo o mundo. Adicionalmente, apresenta um papel relevante na morbidade e mortalidade, afetando aproximadamente 1/3 dos adultos nos Estados Unidos e com prevalência mais alta entre afro-americanos (Lackland, 2014; Williams et al., 2014; Ortega et al., 2015). É uma doença multifatorial, cujo componente genético varia entre 25 a 60%. Considera-se que há uma alta prevalência e incidência da hipertensão essencial em populações de ancestralidade africana, porém essa conclusão baseia-se em estudos

envolvendo populações Afro-americanas e não africanas propriamente dita (Zhu et al., 2011; Shetty et al., 2012; Salfati et al., 2015; Tran et al., 2015).

Considerando a obesidade, esta se tornou um problema mundial e contribui com o aumento dos casos de diabetes tipo 2, doenças cardiovasculares, tipos de câncer e morte prematura, sendo resultado de uma interação entre múltiplos genes, fatores ambientais e hábitos de vida (Yang et al., 2007; Fernandez et al., 2013). Pacientes Afro-americanas e hispânicas apresentaram valores aumentados de Índice de Massa Corporal (IMC) e circunferência abdominal (CA), quando comparadas a pacientes europeias e asiáticas (Louwers et al., 2014).

No Brasil, estudos realizados com populações quilombolas demonstraram prevalências variadas de fatores associados a doenças cardiovasculares, quando comparados a pesquisas de abrangência nacional (Borges, 2011; Kimura et al., 2012; Malta et al., 2013; Melo e Silva, 2015).

4.1.4 Fatores de risco e estilo de vida

Grande parte do nosso conhecimento sobre o desenvolvimento de doenças cardiovasculares é devido ao pioneiro *Framingham Heart Study* (FHS), realizado com a população da cidade de Framingham, estado de Massachusetts, nos Estados Unidos. Este estudo de coorte longitudinal identificou uma série de fatores associados à ocorrência de DCV, como níveis de colesterol e triglicérides, hipertensão, diabetes, distribuição de adiposidade corporal, obesidade, tabagismo, dieta pouco saudável e falta de atividade física. Estes são conhecidos como fatores de risco clássicos. O sucesso do estudo coorte original, iniciado em 1948, gerou novas pesquisas epidemiológicas na cardiologia e medicina preventiva. Em 1971 o FHS iniciou o registro da coorte de segunda geração, compreendendo as crianças e seus cônjuges. Em 2002, a terceira geração do coorte, compreendendo os netos da coorte original, foram adicionados ao estudo para explorar as contribuições genéticas e novos fatores de risco no desenvolvimento de DCV (Tsao e Vasan, 2015).

Sabe-se que modificações no meio ambiente e na ecologia têm contribuído para a transição de um estilo de vida considerado mais tradicional para um mais "ocidentalizado". Estilos de vida constituem uma ponte entre a saúde e o ambiente, representando escolhas individuais frequentemente moldadas por fatores sociais, globalização e urbanização. Globalmente, muitos dos fatores de risco para doenças cardíacas, diabetes, câncer e doenças pulmonares são associados ao estilo de vida e podem ser evitados. Elementos como nutrição

rica em gordura e carboidratos, inatividade física, estresse, ansiedade, depressão, sono inadequado, ambiente, uso de drogas, tabagismo e álcool constituem determinantes comportamentais que conferem um estilo vida comumente associado ao ambiente urbanizado (Adogu et al., 2015; Graham e White, 2016). Tabagismo e dieta são os principais fatores de risco, responsáveis por mais de 40% das mortes por câncer, enquanto a obesidade e os hábitos alimentares são os principais fatores de risco para o diabetes mellitus tipo 2 (Adogu et al., 2015).

Considerando comunidades quilombolas, tem-se um fator relevante na modulação e determinação do estilo de vida, o padrão cultural. O padrão cultural significa um conjunto de padrões de comportamento comuns a uma determinada grupo populacional (Wiley e Allen, 2009). Um exemplo é a influência do estado civil sobre a saúde de mulheres africanas. Com o objetivo de investigar o papel de fatores sociais sobre a saúde das mulheres de Mali, na África, Bove e colaboradores (2012), entrevistaram 324 mulheres na faixa etária de 15 a 80 anos, questionando sobre determinantes sociais de saúde e a participação do cônjuge durante o período de gestação e doenças. Os autores verificaram que entre os fatores sócio-demográficos, o estado civil representava um indicador de saúde. A poligamia é um sistema marital na África subsaariana que aponta acesso crítico a mulheres, requerendo cooperação e competição entre esposas, o que sugere modulação na fertilidade, comprometimento da saúde mental e ocorrência de doenças sexualmente transmissíveis. De acordo com Onadeko e colaboradores (2002), viúvas apresentavam riscos adicionais, somados aos problemas financeiros, tais como isolamento social, depressão e melancolia, conseqüentemente afetando a fertilidade, estado de saúde físico e mental. Outro estudo envolvendo comunidade rurais e urbanas de Cape Town, África do Sul, mostrou elevada prevalência de gordura corporal em homens e mulheres, associados ao estado marital e tabagismo (Okop et al., 2015).

Um estudo, em população indígena Yanomami, demonstrou que os níveis pressóricos foram mais elevados em homens do que em mulheres (109,8 e 100,2 mm Hg e 72,2 e 63,5 mm Hg, respectivamente). No entanto, não foram encontrados casos de hipertensão entre esses indígenas (Bloch et al., 1993).

Países da África Subsariana têm recentemente experimentado aumentos na prevalência de obesidade, diabetes mellitus tipo 2 e outras doenças não transmissíveis, tanto em áreas urbanas como rurais. Verificou-se que o consumo regular de refrigerantes, desemprego e tabagismo foram associados à obesidade (Adeniyi et al., 2015).

Em comunidades quilombolas brasileiras localizadas no Vale do Ribeira em São Paulo, estudos apontaram rápida alteração na estrutura da dieta e nos padrões de atividade física da população, relacionada a mudanças sócio-econômicas e demográficas, como o consumo de alimentos processados e de alto valor calórico em substituição à alimentação tradicional, alimentos industrializados podem ser adquiridos facilmente nos supermercados, devido à proximidade dos centros urbanos, melhoria do acesso e transporte até as cidades (Mingroni-Netto et al., 2009b). Em comunidades quilombolas de Vitória da Conquista, Bezerra e colaboradores (2013) observaram que a maioria dos quilombolas raramente consumiam vegetais, além de verificarem uma relação positiva do não consumo de verduras e legumes com hipertensão arterial.

Diante do exposto, é possível apontar que o estilo de vida associado à situação sócio-ecológica e ao padrão cultural, dentre outros. Assim, estudos como o presente nessa tese, além de apresentar uma visão interdisciplinar, consideram que os padrões culturais, sociais e comportamentais podem afetar os fatores biológicos (Madrigal et al., 2003; Madrigal, 2006).

4.2 OBJETIVOS

Este capítulo apresenta um estudo transversal descritivo com base nos aspectos epidemiológicos de três quilombos. Diante dessa abordagem foram estabelecidos os seguintes objetivos específicos:

- ✓ Investigar os fatores ambientais relacionadas às doenças cardiovasculares nas comunidade;
- ✓ Analisar a prevalência de doenças cardiovasculares (hipertensão, obesidade e diabetes) e seus fatores de risco entre homens e mulheres das comunidades;
- ✓ Comparar a prevalência dos fatores de risco com outras comunidades quilombolas brasileiras;
- ✓ Apontar os parâmetros epidemiológicos mais relevantes na discriminação dessas comunidades;
- ✓ Analisar a autopercepção do estado geral de saúde entre os indivíduos das comunidades.

4.3 MATERIAIS E MÉTODOS

As populações, procedimentos e instrumentos utilizados nas atividades de campo estão descritos detalhadamente no Capítulo 1. Em destaque as variáveis e os métodos utilizados para elaboração do presente capítulo.

4.3.1 Amostras biológicas, coleta de dados e análises bioquímicas

Um total de 347 indivíduos com mais de 18 anos participaram do estudo epidemiológico, 70 de Cocalinho, 63 de Pé do Morro, e 214 de Kalunga. A cada participante foi atribuído um número de identificação pessoal. Foram realizadas entrevistas por meio de questionários, desenhados para coletar dados sociais e demográficos, status econômico, estilo de vida e história médica (histórico de doenças e utilização de medicamentos).

Considerando-se as baixas condições econômicas das comunidades deste estudo, optou-se pela não utilização da classificação brasileira da Associação de Empresas de Pesquisa (ABEP), comumente utilizada em estudos e pesquisas brasileiras, que enumera critérios econômicos no Brasil e que visa classificar os indivíduos por nível socioeconômico. No entanto, criou-se um índice para o status socioeconômico (SSE) a partir das seguintes variáveis socio-demográficas: renda familiar, escolaridade, área de habitação, tipo de habitação (material de construção), razão entre o número de moradores por número de cômodos da casa, eletricidade, rede de esgoto, coleta de lixo, tratamento de água, tratamento de água para consumo, tipo de serviço de saúde utilizado, frequência de visita ao domicílio por profissionais de saúde e posse de cartão de vacinação. Estes dados foram obtidos utilizando o questionário encontrado no APÊNDICE 3. Cada variável apresenta opções de resposta, sendo que para cada opção foi atribuída uma pontuação (0, 1, 2 etc). A soma das pontuações foi utilizada para a obtenção de um índice de SSE para cada indivíduo, com um intervalo de 0 a 24, o que significa que, quanto menor o status socioeconômico, menor o valor do índice SSE do indivíduo. Essa estratégia foi baseada nas instruções presentes no site do Esource.

Como fatores comportamentais, foram selecionadas as seguintes variáveis: grau de atividade física (GAF), tabagismo e consumo de álcool. A atividade física foi medida pelo índice GAF (Kimura, 2010). Foram obtidos dois padrões de consumo de álcool: aqueles que consomem ou não consomem. Os participantes foram classificados como não fumantes e fumantes. Foram analisadas as seguintes variáveis antropométricas: índice de massa corporal (IMC), circunferência abdominal (CA) e razão circunferência abdominal e estatura (CA/E). A

pressão arterial foi aferida de acordo com as recomendações das VI Diretrizes Brasileiras de Hipertensão (2010), mencionadas no Capítulo 1. Os parâmetros bioquímicos obtidos foram: glicose em jejum (GLICO), colesterol total (COLT), colesterol de lipoproteína de alta densidade (HDL), triglicerídeos (TRIG) utilizando agentes enzimáticos comercialmente disponíveis adaptados a um analisador automático (SIEMENS / DIMENSION). Os valores para as lipoproteínas de baixa densidade (LDL) e lipoproteínas de alta densidade (NHDL) foram calculados.

Embora seja um conceito subjetivo, foram coletados dados sobre auto-avaliação de saúde. Para isso, utilizou-se a seguinte questão: "Em comparação a pessoas da sua faixa etária, como considera seu estado de saúde geral?" Por ser esta uma medida de saúde reconhecida, utilizamos as seguintes respostas: Excelente, Muito bom, Bom, Regular, Ruim e Péssimo (Perreira e Telles, 2014).

4.3.2 Análises estatísticas

Os dados foram analisados utilizando-se o software estatístico SAS, versão 9.4 (StataCorp.,CollegeStation, Estados Unidos). Para este estudo, foram realizadas diversas análises, incluindo inspeção de gráficos de dispersão (*scatterplots*), análises de matriz de correlação, testes de normalidade, transformação de dados, análises de regressão robusta e análises de função discriminante. As estatísticas descritivas foram obtidas para cada comunidade por sexo. As distribuições de frequência foram obtidas para as variáveis quantitativas para complementar a estatística descritiva. As variáveis quantitativas foram testadas quanto à normalidade com o teste de Shapiro-Wilk e testadas para as diferenças por testes paramétricos ou não-paramétricos, ou análise de variâncias, dependendo se as premissas da ANOVA foram seguidas ou não. As análises comparativas foram realizadas utilizando-se ANOVA, teste de Kruskal-Wallis e Wilcoxon. Para correções de análises de múltiplas foi empregada a correção de Bonferroni para o grau de significância especificado ($\alpha = 5\%$). Para correções de análises múltiplas foi empregada a correção de Bonferroni para o grau de significância especificado ($\alpha = 5\%$).

4.3.2.1 Análises de correlação

Uma matriz de correlação foi construída para avaliação da associação entre as variáveis quantitativas. Na correlação, o coeficiente de correlação é uma medida da intensidade da relação entre as variáveis, não implicando que uma variável causa a outra, mas

que duas variáveis estão correlacionadas. Coeficientes de uma correlação indicam a força e a direção de uma relação linear entre duas variáveis. Na estatística, o valor do coeficiente de correlação varia entre +1 e -1. Correlação positiva significa que coeficientes altos em um parâmetro estão associados com pontuações elevadas no outro, e que coeficientes baixos em um estão associados com pontuações baixas no outro. Já a correlação negativa, por outro lado, significa que altas pontuações em um parâmetro estão associadas com pontuações baixas na segunda. De acordo com os valores de correlação do software SAS, coeficientes são identificados como fracos (o valor absoluto é 0,3 ou inferior), moderado (o valor absoluto é maior do que 0,3 e inferior ou igual a 0,6), e forte (o valor absoluto é maior que 0,6). Utilizou-se a correlação de Rank de Spearman (r_s) porque muitas variáveis mostraram distribuição de dados não-normal (Madrigal et al., 2012).

4.3.2.2 Análises de regressão robusta

Para análise múltipla de dados, realizou-se uma análise de regressão robusta utilizando variáveis como modelo independente para avaliar o efeito sobre as variações na pressão arterial, IMC e glicemia. As variáveis numa relação de regressão consistem de variáveis dependentes e variáveis independentes. A variável dependente é a variável cuja variação está sendo explicada pela(s) outra(s) variável(s), também referida como variável explicada ou variável prevista (variáveis dependentes: níveis pressóricos, IMC e glicemia). A variável independente é a variável cuja variação é usada para explicar a variável dependente e também é chamada de variável explicativa ou preditora. Como exemplo de variáveis independentes, tem-se os fatores socioeconômicos e fatores de comportamento (atividade física, tabagismo e consumo de álcool), cada uma dessas covariáveis foi incluída no modelo como variáveis de controle. A análise de regressão robusta é uma alternativa à regressão múltipla (linear) quando a distribuição dos dados é influenciada por valores extremos *outliers* ou observações influentes (*leverages*), como verificado em nosso conjunto de dados (Chen, 2002; Fox, 2002; Fieller, 2004).

Os modelos de regressão robusta foram performados com base no intervalo de confiança de 95% para cada variável independente de acordo com cada variável dependente no modelo (pressão arterial sistólica, diastólica, IMC e níveis de glicose, respectivamente). O coeficiente de regressão (B) é um parâmetro que reflete a variação na variável dependente para uma unidade de variação na variável independente, ou seja, são descritos como o movimento na variável dependente para uma variação de uma unidade de variação na variável

independente com todas as outras variáveis independentes constantes. Cada modelo foi avaliado pelo coeficiente de determinação (R^2) que aponta a proporção da variação explicada pelo modelo testado, e *Highest point breakdownvalue* (HPBV), chamado de ponto de ruptura, é um parâmetro global que indica a robustez do modelo estatístico diante de outliers e leverages (conforme SAS, um valor de aproximadamente 0,25 é adequado para o modelo estatístico). Basicamente seria a menor fração de *outliers* com a potencial capacidade de distorcer as estimativas do teste estatístico.

Com base na matrizes de correlação, algumas variáveis foram descartadas nos modelos estatísticos apresentados. Na análise de regressão é comum enfrentar um problema chamado multicolinearidade o que dificulta a interpretação das suas estimativas e os erros padrão (Madrigal, 2012). Foram testados modelos com todas as variáveis, todavia esses modelos apresentaram baixa robustez (indicada pelo parâmetro HPBV) e baixo percentual de explicação (indicado pelo coeficiente de determinação R^2), o que reforçou que as variáveis contribuíram de modo diferenciado em cada comunidade quilombola estudada. O limiar de significância para todas as outras comparações foi $p \leq 0,05$. Para as análises múltiplas foi empregada a correção de Bonferroni para o grau de significância especificado ($\alpha = 5\%$).

4.3.2.3 Análise de função discriminante (AFD)

Para a análise multivariada, foi realizada um análise da função discriminante. De acordo com Reis (1997) e Mingoti (2005), o objetivo da Análise de função discriminante é construir uma regra de classificação, isto é, encontrar uma combinação linear das variáveis independentes que, minimizam a probabilidade de classificação incorreta do indivíduo (erros de classificação). É chamada de variável discriminante aquela variável resposta que possui o maior poder discriminante entre os grupos. Após verificação, é possível estimar um conjunto de funções, chamadas funções discriminantes. A função discriminante permite conhecer o valor do *score* discriminante dos dados analisados. Este *score* corresponde o valor encontrado após a aplicação da função discriminante. Segundo Reis (1997), a AFD pode ser compreendida como um sistema de pontuações que, a cada indivíduo, faz corresponder uma pontuação resultante de uma média ponderada de valores que, para eles, assumem as variáveis independentes. Uma vez determinada essa pontuação, ela pode ser transformar numa probabilidade posterior desse indivíduo de pertencer a um dos grupos (Manly, 1994; Sartorio, 2008). Além disso, *eigenvalues* das funções discriminantes são valores que explicam a variância compartilhada na combinação linear de variáveis. Os *eigenvalues* são classificados

em ordem decrescente de importância, Assim, o primeiro sempre explica a maioria da variância na relação e segundo número revela a importância da função discriminante, ou seja, a porcentagem de variância em menor extensão

Em síntese, a elaboração de uma função matemática chamada de regra de classificação ou discriminação é utilizada para estabelecer funções discriminantes que melhor diferenciem os grupos, analisar se existem diferenças significativas entre os grupos, considerando o conjunto de variáveis; identificar as variáveis que mais contribuem na diferença entre os grupos (Manly, 1994; Ferreira, 1996; Reis, 1997; Mingoti, 2005).

4.4 RESULTADOS

Considerando a amostra total do estudo, 151 homens e 196 mulheres, com faixa etária de 18 a 87 anos e média de idade equivalente a $54,68 \pm 13,31$, participaram do estudo epidemiológico. A maioria dos indivíduos envolvidos no estudo se classificaram como negros 188 (54,18%) e mistos 133 (38,33%), 16 (4,61%) brancos e 3 (0,86%) ameríndios. A maioria dos indivíduos declararam ser casados (46,40%) ou ter uma união estável (22,48%).

Quando as três comunidades envolvidas no estudo foram comparadas, observou-se uma diferença significativa para variável índice do SSE ($p < 0,0001$), com menor índice SSE verificado na comunidade Kalunga (Figura 4.4.). Estes resultados foram observados entre homens e mulheres em cada comunidade (Figura 4.5). A renda média familiar foi estimada utilizando-se como base o salário mínimo (SM) em 2014³. 79,37% dos participantes de Pé do Morro declararam que sua família vivia com um SM por mês, já em Cocalinho esse percentual foi equivalente a 48,60%. Contudo em Cocalinho, 41,60% apresentaram rendimentos acima de um SM. Em Kalunga, 43% declararam viver com menos de um SM, 20,09% com um SM e 24,77% não souberam informar.

A renda familiar média observada em Cocalinho foi $984,29 \pm 650,88$ reais (mínimo de 350,00 reais e máximo de 5000,00 reais), o que corresponde a valores entre um salário mínimo e um salário mínimo e meio). Em Pé do Morro foi observada uma renda média equivalente a aproximadamente um salário mínimo, $739,48 \pm 436,21$ reais (mínimo de 147,00 reais e máximo de 3800,00 reais). Já em Kalunga a renda média observada foi menos de um salário mínimo $553,56 \pm 407,67$ reais (mínimo de 14,00 reais e máximo de 2200,00 reais). De acordo com os dados e informações fornecidas pelas lideranças comunitárias de Cocalinho, muitos

³ Salário mínimo vigente em 2014: R\$ 724,00- Ministério da Justiça e Trabalho - Decreto Nº 8.166, de 23 de dezembro de 2013)

indivíduos, além da aposentadoria, comercializam animais (peixes, galinhas, bezerras, entre outros) para complementação da renda.

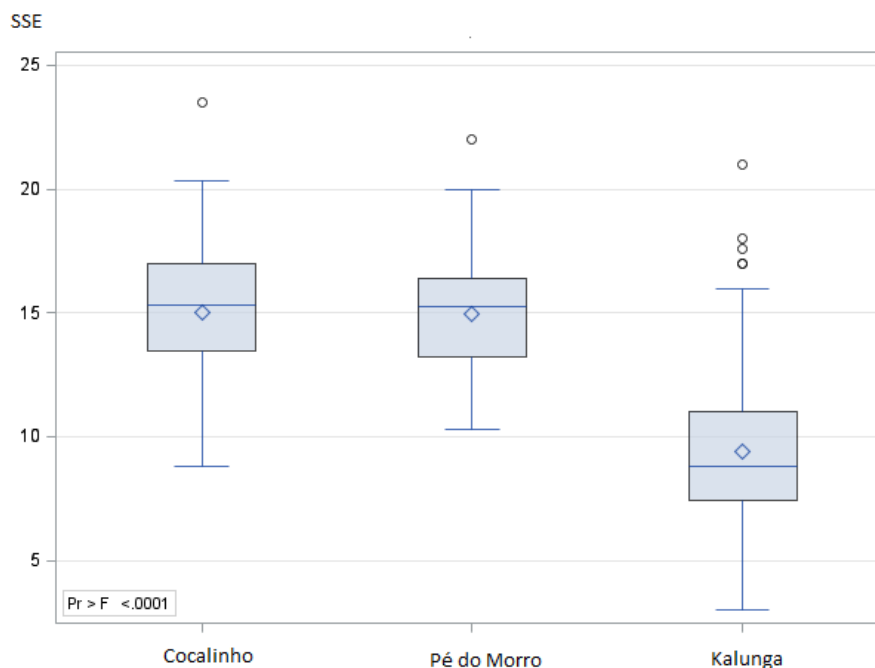


Figura 4.4 Box-plot da distribuição média do SSE em cada quilombo avaliado, ($p < .0001$). O gráfico mostra a distribuição dos valores de SSE obtidos para os indivíduos pertencentes a cada comunidade quilombola. Cada box representa os valores mais centrais da distribuição. O traço central representa a mediana, e os limites inferior e superior representam o primeiro e terceiro quartis, respectivamente. Os traços externos ao box representam os valores extremos (*outliers*) observados na análise.

Valores extremos de renda observados na nossa amostra (acima de dois salários mínimos) se relacionaram ao ofício de determinados habitantes, principalmente professores e construtores de obras. Entre as variáveis analisadas dentro do índice SSE, além da menor renda familiar, já mencionada anteriormente, o nível de escolaridade, material de construção da habitação e razão entre número de cômodos e número de habitantes por moradia apontaram as precárias condições sociais e econômicas da comunidade semi-isolada Kalunga (Figura 4.6). Considerando a utilização de serviços de saúde, mais de 60% dos quilombolas avaliados informaram utilizar o Sistema Único de Saúde do município mais próximo e relataram visita domiciliar de um agente de saúde. Curiosamente, a maior frequência de visitas pelo agente de saúde foi apresentada pela comunidade Kalunga, mais de 70% dos indivíduos declararam visita mensal por parte da equipe de agentes, enquanto em Cocalinho e Pé do Morro esse percentual foi de 48,56% e 27,42%, respectivamente.

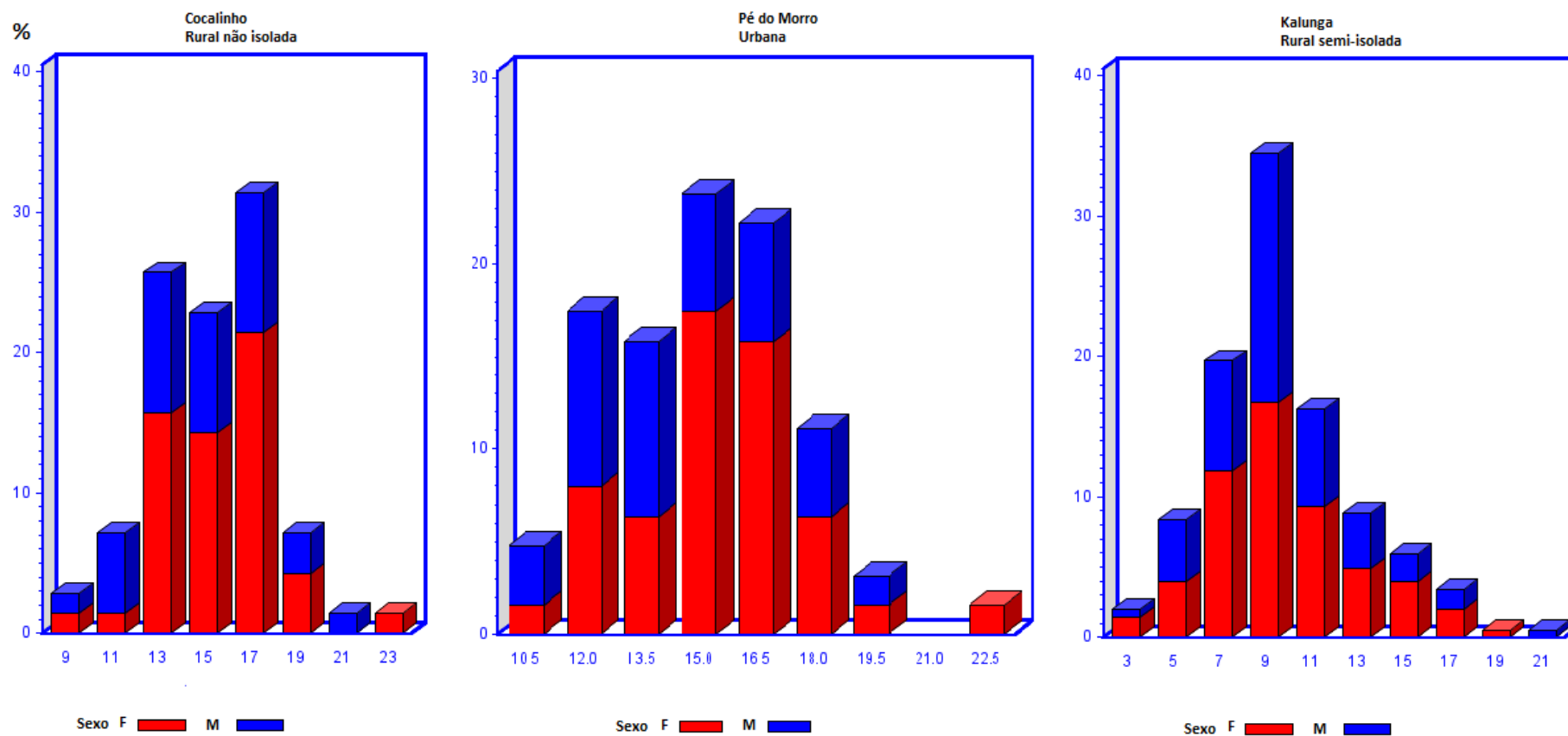


Figura 4.5 Distribuição da frequência de homens e mulheres (%) em valores de índices do SSE obtidos em cada uma das comunidade avaliadas (F=sexo feminino M=sexo masculino).

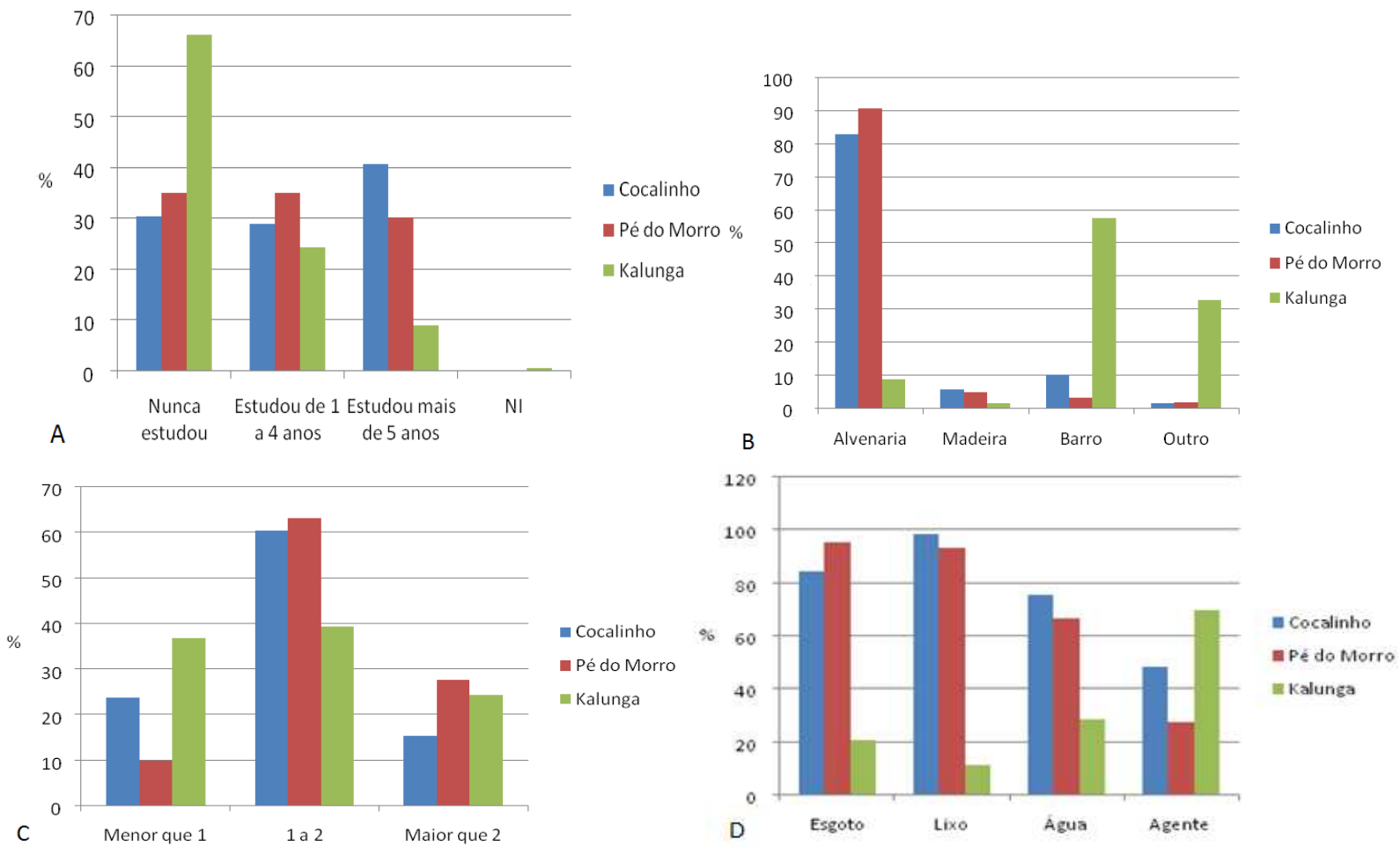


Figura 4.6 Parâmetros socioeconômicos com grande contribuição no cálculo do índice SSE. A. anos de escolaridade formal, B. material utilizado na construção das habitações e C. razão entre número de cômodos e habitantes por moradia D. presença de serviços: rede de esgoto e/ou fossa séptica; coleta de lixo, água tratada para consumo; visita mensal de agentes de saúde NI: não informado.

4.4.1 Caracterizando e comparando os sexos

A média de idade entre os homens e mulheres de Cocalinho foi de $53,46 \pm 16,77$ e $47,83 \pm 14,46$ anos, respectivamente. Em Pé do Morro, $62,96 \pm 12,75$ anos para os homens e $56,24 \pm 14,18$ anos para as mulheres. Em Kalunga foi observada uma média de $56,04 \pm 12,35$ anos entre os homens e $53,94 \pm 11,22$ anos entre as mulheres. Nenhuma diferença significativa entre as médias de idade entre homens e mulheres foi observada nas comunidades. Quando comparada a média de idade entre os homens e entre as mulheres das três comunidades também não foi observada diferença significativa.

Primeiramente realizamos uma caracterização geral entre os sexos na amostra total. Verificamos diferenças significativas nas variáveis CA e CA/E, com maior proporção de mulheres apresentando sobrepeso, e nas variáveis GAF e álcool, com maior proporção de homens apresentando nível de atividade físico mais elevado e maior consumo de álcool. Embora não tenha sido verificada diferença significativa, a proporção de mulheres obesas (23,68%) foi duas vezes maior que a proporção de homens (12,50%), quando considerado o IMC. As características sociodemográficas, antropométricas e bioquímicas dos participantes do estudo, por sexo, são apresentadas na Tabela 4.2.

Após observação geral das diferenças entre os sexos, comparou-se os sexos em cada uma das comunidades. Considerando as médias das variáveis contínuas, observou-se diferença significativa para níveis de pressão sistólica em Cocalinho (Tabela 4.3) e Pé do Morro (Tabela 4.4), mais elevados entre os homens. Além disso, em Pé do Morro, as mulheres apresentaram níveis mais elevados de HDL do que os homens.

Tabela 4.2 Perfil sociodemográfico, antropométrico e bioquímico dos participantes do estudo.

Variáveis	Total		Homens		Mulheres		valor p
	N	%	N	%	N	%	
Local							
Rural não-isolada	70	20,17	28	18,42	42	21,54	0,6579
Urbano	63	18,16	26	17,11	37	18,97	
Rural isolado	214	61,67	98	64,47	116	59,49	
Idade (média±DP,anos)	54,68±13,10		56,86±13,57		52,96±12,87		0,4923
Índice SSE (média±DP)	11,60±3,98		11,25±3,81		11,87±4,11		0,1488
Autoclassificação							
Branco	15	4,39	7	4,70	8	4,15	0,8739
Negro	190	55,56	83	55,70	107	55,44	
Ameríndio	3	0,87	2	1,34	1	0,52	
Misto	134	39,18	57	38,26	77	39,90	
Estado civil							
Solteiro	35	11,15	16	11,76	19	10,67	0,1808
Casado	161	51,27	74	54,41	87	48,88	
Divorciado	15	4,78	4	2,94	11	6,18	
Viúvo	25	7,96	6	4,41	19	10,67	
União estável	78	24,84	36	26,47	42	23,60	
Hipertensão							
Hipertenso	118	35,33	98	68,53	73	38,22	0,2060
Normotenso	216	64,67	45	31,47	118	61,78	
IMC							
Subpeso	7	2,10	3	2,08	4	2,11	0,0262
Normal	155	46,41	78	54,17	77	40,53	
Sobrepeso	109	32,63	45	31,25	64	33,68	
Obeso	63	18,86	18	12,50	45	23,68	
CA							
Sobrepeso	154	46,39	46	32,17	107	57,14	<0,0001
Normal	178	53,61	97	67,83	81	42,86	
CA/E							
Sobrepeso	247	74,40	89	62,24	158	83,60	<0,0001
Normal	85	25,60	54	37,76	31	16,40	
Diabetes							
Diabetes	17	4,99	5	3,36	12	6,25	0,3533
Intolerância à glicose	46	13,49	18	12,08	28	14,58	
Normal	278	81,52	126	84,56	152	79,17	
COLT							
<200 mg/dL	220	64,52	102	68,46	118	61,46	0,2096
≥200 mg/dL	121	35,48	47	31,54	74	38,54	
TRI							
<200mg/dL	300	87,98	129	86,58	171	89,06	0,5057
≥200 mg/dL	41	12,02	20	13,42	21	10,94	
LDL							
<160 mg/dL	301	88,79	130	87,84	171	89,53	0,7289
≥160 mg/dL	38	11,21	18	12,16	20	10,47	
HDL							
<40 mg/dL	53	15,54	28	18,79	25	13,02	0,1750
≥40 mg/dL	288	84,46	121	81,21	167	86,98	
NHDL							
<160 mg/dL	259	75,95	112	75,17	147	76,56	0,7990
≥ 160 mg/dL	82	24,05	37	24,83	45	23,44	
GAF							
1	31	9,20	22	14,86	9	4,76	<0,0001
2	84	24,93	18	12,16	66	34,92	
3	37	10,98	12	8,11	25	13,23	
4	185	54,90	96	64,86	89	47,09	
Tabagismo							
Sim	103	30,62	55	37,41	48	25,40	0,0232
Não	233	69,35	92	62,59	141	74,60	
Álcool							
Sim	143	42,81	78	53,06	65	34,76	0,0009
Não	191	57,19	69	49,94	122	65,24	
Correção de Bonferroni							0,0028

Valor p obtido pelo teste qui-quadrado (nível de significância de 95%).

* As proporções (de homens e mulheres) são baseadas no total total, 347 (denominador). Todas as outras proporções são percentagens correspondentes ao total de indivíduos avaliados para cada variável.

Tabela 4.3 Comparação das médias de pressão arterial, medidas antropométricas e bioquímicas entre homens e mulheres de Cocalinho.

	Homens		Mulheres		Valor p
	Média	DP	Média	DP	
PAS	130,26	17,66	119,5	14,64	0,0165
PAD	79,63	9,99	73,36	9,44	0,7278
IMC	29,09	7,43	28,79	5,21	0,5970
CA	94,14	11,70	91,17	11,74	1,000
CA/E	0,58	0,07	0,61	0,08	0,4072
COLT	204,25	33,63	198,62	37,17	0,5906
TRI	148,46	80,74	152,95	91,80	0,9284
LDL	132,64	31,96	124,85	34,85	0,6440
HDL	41,96	11,65	45,00	17,37	0,6878
NHDL	162,29	37,57	153,62	35,37	0,7135
GLICO	90,71	16,67	109,64	77,25	0,7642

$p \leq 0,05$ em negrito (ANOVA/teste de score Wilcoxon) DP(desvio padrão); PAS (pressão arterial sistólica); PAD (pressão arterial diastólica); CA (circunferência abdominal), IMC (índice de massa corporal); CA/E (razão circunferência abdominal/estatura); COLT (colesterol total); TRI (triglicerídeos); LDL (lipoproteína de baixa densidade); HDL (lipoproteína de alta densidade); NHDL (lipoproteínas que não apresentam alta densidade); GLICO (glicose).

Tabela 4.4 Comparação das médias de pressão arterial, medidas antropométricas e bioquímicas entre homens e mulheres de Pé do Morro.

	Homens		Mulheres		Valor p
	Média	DP	Média	DP	
PAS	131,85	16,99	121,92	15,12	0,0203
PAD	85,77	11,28	79	8,86	0,0827
IMC	28,10	3,97	29,53	6,33	0,4764
CA	97,01	9,78	92,64	11,89	0,3106
CA/E	0,61	0,07	0,61	0,080	0,5541
COLT	195,50	51,67	207,86	46,59	0,3532
TRI	145,07	104,78	123,68	67,08	0,8396
LDL	130,80	37,05	128,00	33,63	0,5869
HDL	42	9,27	55,16	34,12	0,0053
NHDL	160,04	48,42	152,70	35,35	0,0828
GLICO	98,27	35,02	88,31	23,87	0,1020

* $p \leq 0,05$ em negrito (ANOVA/teste de score Wilcoxon) DP(desvio padrão); PAS (pressão arterial sistólica); PAD (pressão arterial diastólica); CA (circunferência abdominal), IMC (índice de massa corporal); CA/E (razão circunferência abdominal/estatura); COLT (colesterol total); TRI (triglicerídeos); LDL (lipoproteína de baixa densidade); HDL (lipoproteína de alta densidade); NHDL (lipoproteínas que não apresentam alta densidade); GLICO (glicose).

Em Kalunga, as mulheres apresentaram valores médios mais elevados para IMC, CA, CA/E, COLT, LDL e NHDL (Tabela 4.5).

Tabela 4.5 Comparação das médias de pressão arterial, medidas antropométricas e bioquímicas entre homens e mulheres de Kalunga.

	Homens		Mulheres		Valor p
	Média	DP	Média	DP	
Idade	56,04	12,35	53,94	11,22	0,3322
PAS	121,55	15,27	126,33	20,16	0,1187
PAD	77,59	9,45	79,08	11,20	0,1814
IMC	23,17	3,12	24,76	4,15	0,0037
CA	83,24	8,70	86,64	10,65	0,0157
CA/E	0,49	0,05	0,54	0,07	0,0162
COLT	174,36	33,76	187,08	35,00	0,0092
TRI	103,44	73,93	102,68	58,91	0,4589
LDL	97,65	28,39	106,52	28,91	0,0251
HDL	57,14	12,15	60,06	15,24	0,1595
NHDL	117,23	32,06	127,96	32,74	0,0120
GLICO	89,53	32,18	93,11	27,15	0,1478

p≤0,05 em negrito (ANOVA/teste de score Wilcoxon)DP(desvio padrão); PAS (pressão arterial sistólica); PAD (pressão arterial diastólica); CA (circunferência abdominal), IMC (índice de massa corporal); CA/E (razão circunferência abdominal/estatura); COLT (colesterol total); TRI (triglicérides); LDL (lipoproteína de baixa densidade); HDL (lipoproteína de alta densidade); NHDL (lipoproteínas que não apresentam alta densidade); GLICO (glicose).

Entre as mulheres foi observada maior prevalência de excesso de peso do que os homens em todas as comunidades, sendo mais classificadas como obesas do que os homens. No entanto, nas comunidades Cocalinho e Pé do Morro, a prevalência de hipertensão e sobrepeso foi maior entre os homens. Em Kalunga foi observada 21,98% e 36,94% de homens e mulheres hipertensos, respectivamente. A prevalência de sobrepeso entre os homens de Kalunga foi de 20,65% e obesidade 3,26% enquanto entre as mulheres foi 33,64% e 10,91%, respectivamente. Considerando a diabetes mellitos, foi observada uma prevalência de 1,04% entre os homens e 3,57% entre as mulheres.

Em Cocalinho, a prevalência de hipertensão, sobrepeso, obesidade e diabetes entre os homens foi 40,74%, 44,44%, 33,33% e 3,57%, respectivamente, e entre as mulheres 35,71%, 42,86%, 35,71% e 11,90%, respectivamente. Na comunidade de Pé do Morro, verificou-se 57,69% homens e 43,24% mulheres hipertensos. A proporção de homens com sobrepeso em relação às mulheres foi de 57,69% vs. 21,62%, e a proporção de homens com obesidade em relação às mulheres foi de 23,08% contra 48,65%, respectivamente. A prevalência de diabetes ente os homens foi de 11,54% e entre as mulheres 8,11%. Os resultados são apresentados na Figura 4.7, que teve a ordem das comunidades quilombolas modificada, da rural semi-isolada para a urbana, para melhor visualização do processo de transição verificado em Kalunga.

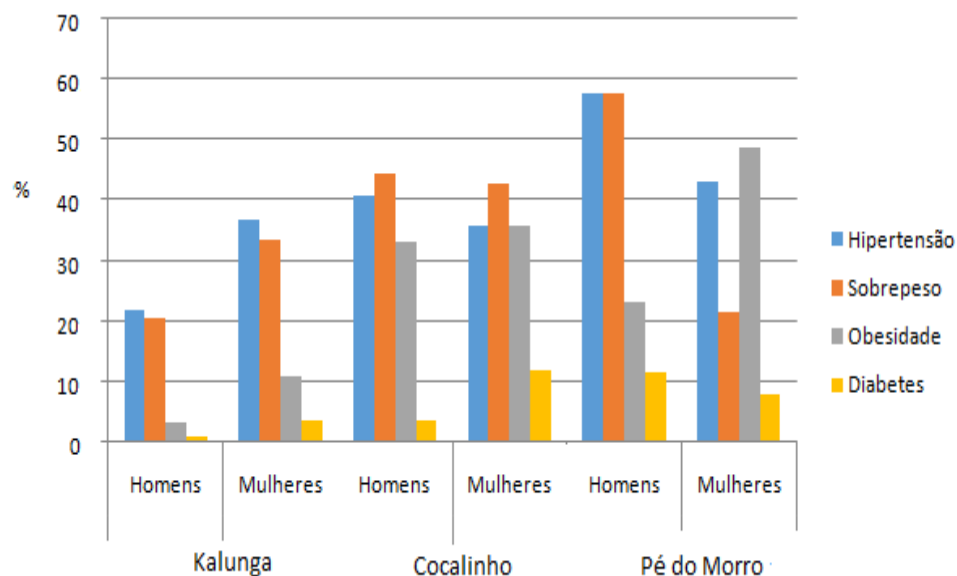


Figura 4.7 Prevalência de hipertensão entre homens e mulheres, sobrepeso, obesidade e diabetes por comunidade. Cada bloco no histograma mostra a prevalência das doenças crônicas entre homens e mulheres.

Realizamos na sequência as análises de comparação das comunidades.

4.4.2 Caracterizando e comparando as comunidades

A Tabela 4.6 apresenta a comparação das médias de pressão arterial, dados antropométricos e parâmetros bioquímicos associados a doenças cardiovasculares entre homens e mulheres das três comunidades avaliadas no estudo. Observou-se diferença significativa entre as comunidades, com os homens e mulheres de Kalunga apresentando os níveis mais baixos, exceto para a variável HDL. Não houve diferença significativa para os níveis de glicose (GLICO) entre as comunidades. Quando aplicada a correção de Bonferroni, verificou-se que as variáveis pressão arterial diastólica e TRI não foram significativamente diferentes tanto entre homens como em mulheres, enquanto CA e COLT não foram diferentes entre as mulheres. Não foi observada diferença significativa nos níveis de pressão arterial sistólica entre as mulheres das três comunidades avaliadas porém observou-se diferença significativa entre os homens, com níveis mais elevados entre os homens das comunidades de Cocalinho e Pé do Morro.

Tabela 4.6 Comparação das médias de pressão arterial (sistólica e diastólica), dados antropométricos e parâmetros bioquímicos associados a doenças cardiovasculares entre homens e mulheres das três comunidades avaliadas no estudo.

Variáveis	Homens								Mulheres						
	Cocalinho N=28		Pé do Morro N=26		Kalunga N=97				CocalinhoN=42		Pé do Morro N=37		KalungaN=117		
	Média	DP	Média	DP	Média	DP	p	Média	DP	Média	DP	Média	DP	p	
Pressão arterial	Sistólica	130,26	17,66	131,85	16,99	121,55	15,27	0,0010	119,5	14,64	121,92	15,12	126,33	20,16	0,2593
	Diastólica	79,63	9,99	85,77	11,28	77,59	9,45	0,0123	73,36	9,44	79	8,86	79,08	11,20	0,0033
	CA	94,14	11,70	97,01	9,78	83,24	8,70	<0,0001	91,17	11,74	92,64	11,89	86,64	10,65	0,0054
Antropometria	IMC	29,09	7,43	28,10	3,97	23,17	3,12	<0,0001	28,79	5,21	29,53	6,33	24,76	4,15	<0,0001
	CA/E	0,58	0,07	0,61	0,07	0,49	0,05	<0,0001	0,61	0,08	0,61	0,08	0,54	0,07	<0,0001
	COLT	204,25	33,63	195,50	51,67	174,36	33,76	0,0002	198,62	37,17	207,86	46,59	187,08	35,00	0,0109
Bioquímica	TRI	148,46	80,74	145,07	104,78	103,44	73,93	0,0034	152,95	91,80	123,68	67,08	102,68	58,91	0,0037
	LDL	132,64	31,96	130,80	37,05	97,65	28,39	<0,0001	124,85	34,85	128	33,63	106,52	28,91	0,0001
	HDL	41,96	11,65	42	9,27	57,14	12,15	<0,0001	45,00	17,37	55,16	34,12	60,06	15,24	<0,0001
	NHDL	162,29	37,57	160,04	48,42	117,23	32,06	<0,0001	153,62	35,37	152,70	35,35	127,96	32,74	<0,0001
	GLICO	90,71	16,67	98,27	35,02	89,53	32,18	0,6551	109,64	77,25)	88,31	23,87	93,11	27,15	0,0532
Correção de Bonferroni														0,0019	

Testes ANOVA/Kruskal-Wallis para comparação das variáveis entre as comunidades. DP (desvio padrão); CA (circunferência abdominal), IMC (índice de massa corporal); CA/E (razão circunferência abdominal/estatura); COLT (colesterol total); TRI (triglicerídeos); LDL (lipoproteína de baixa densidade); HDL (lipoproteína de alta densidade); NHDL (lipoproteínas que não apresentam alta densidade); GLICO (glicose).

Matrizes de correlação entre as variáveis quantitativas foram performadas para cada comunidade com o objetivo de verificar o comportamento da variação dos fatores de risco. As matrizes mostraram correlação positiva entre a pressão arterial sistólica e a pressão arterial diastólica, e entre o IMC, a circunferência abdominal e a relação CA/E em todas as comunidades avaliadas. Estas últimas variáveis são provavelmente igualmente bons preditores para classificar o excesso de peso e a obesidade.

Foi observada correlação positiva significativa entre PAS e as variáveis CA, CA/E, triglicérides e NHDL na comunidade de Cocalinho (Tabela 4.7). Na comunidade de Pé do Morro, além da correlação positiva significativa entre PAS e CA, PAS e CA/E, observou-se correlação positiva entre PAS e IMC, e entre GLICO, CA e CA/E (Tabela 4.8). A Tabela 4.9 mostrou uma correlação positiva significativa entre SSE e as variáveis CA, COLT, TRI, LDL, NHDL). Além disso, esta tabela mostrou uma correlação significativa entre idade e as variáveis PAS, PAD, COLT, TRI, LDL, NHDL e GLICO. Foi observada também uma correlação positiva significativa entre os níveis de triglicérides e glicose em Cocalinho e Kalunga.

Tabela 4.7 Matriz de correlação envolvendo variáveis quantitativas da comunidade Cocalinho (rs - abaixo da diagonal; valor p - acima da diagonal) N=67

	Idade	SSE	PAS	PAD	IMC	CA	CA/E	COLT	TRI	LDL	HDL	NHDL	GLICO
Idade	1,0000	0,8889	0,0016	0,9505	0,1710	0,7586	0,5520	0,0624	0,2916	0,0879	0,8982	0,0637	0,0289
SSE	0,01740	1,0000	0,6619	0,0504	0,7130	0,7063	0,6744	0,4960	0,8595	0,4402	0,9013	0,5537	0,7990
PAS	0,37836	-0,05441	1,0000	0,0033	0,1278	0,0045	0,0101	0,3156	0,0454	0,1406	0,0154	0,0307	0,0152
PAD	-0,00773	-0,24000	0,35433	1,0000	0,0903	0,0635	0,3341	0,2599	0,5173	0,2615	0,0964	0,5803	0,8293
IMC	-0,16923	0,04578	0,18793	0,20858	1,0000	<0,0001	<0,0001	0,1018	0,2069	0,1291	0,0234	0,4189	0,9830
CA	0,03826	-0,04690	0,34323	0,22801	0,84714	1,0000	<0,0001	0,9632	0,1026	0,7590	0,0046	0,3483	0,7583
CA/E	0,07396	-0,05228	0,31226	0,11984	0,83641	0,89787	1,0000	0,5533	0,1075	0,8180	0,0144	0,7207	0,2084
COLT	0,22891	-0,08462	0,12446	-0,13960	-0,20163	-0,00574	-0,07372	1,0000	0,0445	<0,0001	0,5450	<0,0001	0,9756
TRI	0,13074	0,02204	0,24527	0,08050	0,15619	0,20117	0,19841	0,24634	1,0000	0,3907	<0,0001	0,0002	0,0106
LDL	0,21009	-0,09587	0,18194	-0,13912	-0,18729	0,03818	-0,02864	0,91057	0,10657	1,0000	0,5977	<0,0001	0,7658
HDL	-0,01593	-0,01544	-0,29480	-0,20478	-0,27665	-0,34222	-0,29778	0,07525	-0,66930	-0,06564	1,0000	0,0129	0,0499
NHDL	0,22784	-0,07363	0,26428	-0,06877	-0,10039	0,11639	0,04449	0,90798	0,43889	0,92220	-0,30224	1,0000	0,3197
GLICO	0,26702	-0,03170	0,29549	0,02684	0,00266	0,03830	0,15567	0,00381	0,31021	0,03707	-0,24056	0,1234	1,0000

rs= coeficiente de correlação de Spearman; N= número de participantes, p<0,05 em negrito. SSE (status socioeconômico); PAS (pressão arterial sistólica); PAD (pressão arterial diastólica); IMC (índice de massa corporal); CA (circunferência abdominal); CA/E (razão circunferência abdominal/estatura); COLT(colesterol total); TRI(triglicerídeos); LDL (lipoproteína de baixa densidade); HDL(lipoproteína de alta densidade); NHDL(lipoproteínas que não apresentam alta densidade); GLICO (glicose).

Tabela 4.8 Matriz de correlação envolvendo variáveis quantitativas da comunidade Pé do Morro (rs - abaixo da diagonal; valor p - acima da diagonal) N=61

	Idade	SSE	PAS	PAD	IMC	CA	CA/E	COLT	TRI	LDL	HDL	NHDL	GLICO
Idade	1,0000	0,5527	0,1082	0,3017	0,3332	0,2197	0,1686	0,1001	0,8815	0,0152	0,6560	0,0279	0,4839
SSE	-0,07750	1,0000	0,8443	0,2430	0,8162	0,6336	0,9492	0,3185	0,8203	0,0751	0,6063	0,0783	0,8650
PAS	0,20771	-0,02567	1,0000	0,0002	0,0161	0,0012	0,0031	0,6743	0,6872	0,2898	0,3958	0,2726	0,1068
PAD	0,13442	-0,15177	0,45949	1,0000	0,0752	0,0343	0,0122	0,0327	0,7702	0,2020	0,2599	0,1741	0,2557
IMC	-0,12600	0,03038	0,30697	0,22947	1,0000	<0,0001	<0,0001	0,6843	0,0295	0,8004	0,8874	0,7095	0,0503
CA	0,15942	0,06226	0,40479	0,27146	0,85022	1,0000	<0,0001	0,6130	0,0132	0,7062	0,2371	0,2600	0,0016
CA/E	0,17853	-0,00834	0,37321	0,31901	0,87095	0,91712	1,0000	0,1466	0,0034	0,4293	0,6194	0,0712	0,0078
COLT	0,21255	-0,12987	-0,05489	0,27381	0,05313	0,06605	0,18807	1,0000	0,0968	<0,0001	0,0236	<0,0001	0,2197
TRI	0,01949	-0,02970	-0,05261	-0,03818	0,27888	0,31566	0,36896	0,21458	1,0000	0,3527	<0,0001	0,0002	0,0981
LDL	0,30952	-0,22961	-0,13773	0,16565	-0,03305	0,04925	0,10307	0,78792	0,12105	1,0000	0,3475	<0,0001	0,3453
HDL	0,05820	-0,06730	0,11067	0,14651	0,01851	-0,15365	-0,06488	0,28950	-0,49079	0,12237	1,0000	0,6729	0,0061
NHDL	0,28158	-0,22718	-0,14271	0,17629	0,04868	0,14646	0,23265	0,82420	0,46455	0,90166	-0,05515	1,0000	0,7554
GLICO	0,09134	0,02222	0,20855	0,14778	0,25180	0,39523	0,33781	-0,15944	0,21374	-0,12292	-0,34734	-0,04072	1,0000

rs= coeficiente de correlação de Spearman; N= número de participantes, $p \leq 0,05$ em negrito. SSE (status socioeconômico); PAS (pressão arterial sistólica); PAD (pressão arterial diastólica); IMC (índice de massa corporal); CA (circunferência abdominal); CA/E (razão circunferência abdominal/estatura); COLT(colesterol total); TRI(triglicérides); LDL (lipoproteína de baixa densidade); HDL(lipoproteína de alta densidade); NHDL(lipoproteínas que não apresentam alta densidade); GLICO (glicose).

Tabela 4.9 Matriz de correlação envolvendo variáveis quantitativas da comunidade Kalunga (rs - abaixo da diagonal; valor p - acima da diagonal) N=185

	Idade	SSE	PAS	PAD	IMC	CA	CA/E	COLT	TRI	LDL	HDL	NHDL	GLICO
Idade	1,0000	0,0002	<0,0001	0,0025	0,0060	0,1126	0,0609	<0,0001	0,0048	0,0032	0,3020	0,0005	0,0036
SSE	0,27232	1,0000	0,8839	0,1592	0,2061	0,0475	0,1284	0,0028	0,0007	0,0193	0,2582	0,0006	0,1093
PAS	0,34191	0,01081	1,0000	<0,0001	0,0651	0,0001	<0,0001	0,0271	0,0054	0,0823	0,6827	0,0339	0,0025
PAD	0,22133	0,10393	0,63384	1,0000	0,0986	0,0107	0,0048	0,2214	0,0330	0,3817	0,5221	0,2615	0,0350
IMC	-0,20126	-0,09339	0,13590	0,12181	1,0000	<0,0001	<0,0001	0,4880	0,0003	0,3855	0,0025	0,0452	0,0120
CA	0,11705	0,14592	0,27794	0,18717	0,77703	1,0000	<0,0001	0,0068	<0,0001	0,0064	0,0038	<0,0001	0,0002
CA/E	0,13804	0,11220	0,28908	0,20627	0,77095	0,88934	1,0000	0,0002	<0,0001	0,0004	0,0276	<0,0001	0,0003
COLT	0,28612	0,21874	0,16256	0,09033	0,05130	0,19830	0,26933	1,0000	<0,0001	0,0001	<0,0001	<0,0001	0,5486
TRI	0,20673	0,24704	0,20362	0,15689	0,26510	0,36804	0,39102	0,49315	1,0000	<0,0001	0,0504	<0,0001	0,0307
LDL	0,21547	0,17184	0,12810	0,06469	0,06417	0,19988	0,25842	0,91828	0,33652	1,0000	0,2370	<0,0001	0,8702
HDL	0,07630	-0,08355	0,03025	0,04735	-0,22098	-0,21194	-0,16197	0,30433	-0,14410	0,08737	1,0000	0,8664	0,1188
NHDL	0,25240	0,25045	0,15606	0,08297	0,14745	0,29420	0,35376	0,93554	0,56790	0,94573	-0,01246	1,0000	0,2724
GLICO	0,21287	0,11811	0,22083	0,15516	0,18437	0,27005	0,26578	0,04438	0,15899	0,01209	-0,11508	0,08111	1,0000

rs= coeficiente de correlação de Spearman; N= número de participantes, $p \leq 0,05$ em negrito. SSE (status socioeconômico); PAS (pressão arterial sistólica); PAD (pressão arterial diastólica); IMC (índice de massa corporal); CA (circunferência abdominal); CA/E (razão circunferência abdominal/estatura); COLT(colesterol total); TRI(triglicérides); LDL (lipoproteína de baixa densidade); HDL(lipoproteína de alta densidade); NHDL(lipoproteínas que não apresentam alta densidade); GLICO (glicose)

Considerando o critério utilizado para a classificação de hipertensos, obesos e diabéticos, obteve-se a distribuição para a prevalência dessas doenças e fatores de risco associados, como apresentado na Tabela 4.10. Verificou-se diferenças significativas entre muitas variáveis, contudo após aplicação da correção de Bonferroni, não foi observada diferença significativa para prevalência de hipertensão, uso de antihipertensivos, diabetes e tabagismo entre as comunidades. Ressalta-se a importância de não avaliar isoladamente os níveis de significância, já que testes de correção múltiplas como Bonferroni são testes conservadores. Por exemplo, a ausência de significância para a prevalência de tabagismo (p ajustado=0.0082) não demonstra que esta variável não seja relevante. A ausência de significância estatística provavelmente não considera interação com outros fatores que podem ter contribuído para a resposta em análise.

Foi observada associação entre os níveis de glicose e a prevalência de hipertensão, indicando que os participantes hipertensos eram diabéticos em Cocalinho e Pé do Morro (Tabela 4.11). Por outro lado, não foi verificada associação entre hipertensão e obesidade (Tabela 4.12). Nenhuma dessas associações foi observada em Kalunga e todos os participantes normotensos em Pé do Morro apresentaram níveis normais de glicose.

A Tabela 4.13 mostrou uma associação significativa entre grau de atividade física (GAF) e a prevalência de hipertensão em Kalunga, indicando que a maioria dos casos de hipertensão está associada a um menor grau de atividade física, enquanto a maior frequência de casos normotensos está associada a um grande esforço físico (GAF 4). Considerando os outros fatores comportamentais, nem o tabagismo nem o consumo de álcool foram associados à prevalência de hipertensão. Os mesmos testes foram realizados para avaliar a associação entre fatores comportamentais (GAF, consumo de álcool, tabagismo) e níveis de glicose, fatores comportamentais e IMC, IMC e glicemia, não sendo observada associação significativa (dados não apresentados).

Tabela 4.10 Comparação da prevalência de hipertensão, sobrepeso/obesidade, diabetes e outros fatores cardio-metabólicos nas comunidades avaliadas.

Variáveis	Cocalinho		Pé do Morro		Kalunga		χ^2	G1	valor p
	N	%	N	%	N	%			
Hipertensão									
Hipertensos	26	37,68	32	50,19	61	30,20	7,8049	2	0,0209
Normotensos	43	62,32	31	49,21	141	69,80			
Uso de antihipertensivos									
Sim	17	24,29	23	36,51	37	18,50	8,8072	2	0,0141
Não	53	75,71	40	63,49	163	81,50			
Obesidade (IMC)									
Subpeso	-	-	-	-	7	3,47	69,2835	6	<0,0001
Normal	15	21,74	16	25,40	124	61,39			
Sobrepeso	30	43,48	23	36,51	56	27,72			
Obeso	24	34,78	24	38,10	15	7,43			
CA									
Elevado	50	73,53	50	79,37	54	26,87	80,2723	4	<0,0001
Normal	18	26,47	13	20,63	147	73,13			
CA/E									
Elevado	63	92,65	61	96,83	123	61,19	46,9233	2	<0,0001
Normal	5	7,35	2	3,17	78	38,81			
Diabetes									
Diabéticos	6	8,57	6	9,52	5	2,40	8,9155	4	0,0487
Intolerância à glicose	12	17,14	7	11,11	27	12,98			
Normal	52	74,29	50	79,37	176	84,62			
Antidiabéticos									
Sim	4	5,71	7	11,11	--	--	9,7939	1	<0,0001
Não	66	94,29	56	88,89	200	100,00			
Dislipidemias									
COLT									
<200 mg/dL	39	55,71	28	44,44	153	73,56	20,8834	2	<0,0001
≥200 mg/dL	31	44,29	35	55,56	55	26,44			
TRI									
<200mg/dL	52	74,29	49	77,78	199	95,67	30,2471	2	<0,0001
≥200 mg/dL	18	25,71	14	22,22	9	4,33			
LDL									
<160 mg/dL	54	77,14	50	79,37	197	95,63	24,8500	2	<0,0001
≥160 mg/dL	16	22,86	19	20,63	9	4,37			
HDL									
<40 mg/dL	37	52,86	47	74,60	204	98,08	87,3023	2	<0,0001
≥40 mg/dL	33	47,14	16	25,40	4	1,92			
NHDL									
<160 mg/dL	41	58,57	34	53,97	184	88,46	46,0692	2	<0,0001
≥ 160 mg/dL	29	41,43	29	46,03	24	11,54			
GAF									
GAF 1	8	11,44	13	20,64	10	4,90	114,9867	6	<0,0001
GAF 2	32	45,71	32	50,79	20	9,80			
GAF 3	11	15,71	10	15,87	16	7,85			
GAF 4	19	27,14	8	12,70	158	77,45			
Tabagismo									
Sim	14	20,00	14	22,22	75	36,95	9,6251	2	0,0082
Não	56	80,00	49	77,78	128	63,05			
Álcool									
Sim	42	60,00	14	22,22	87	43,28	19,3732	2	<0,0001
Não	28	40,00	49	77,78	114	56,72			
Correção de Bonferroni								0,0033	

GI (grau de liberdade); IMC (índice de massa corporal); CA (circunferência abdominal); CA/E (razão circunferência abdominal/estatura); COLT(colesterol total); TRI(triglicerídeos); LDL (lipoproteína de baixa densidade); HDL(lipoproteína de alta densidade); NHDL(lipoproteínas que não apresentam alta densidade); GAF (grau de atividade física).

Tabela 4.11 Prevalência de intolerância à glicose e diabetes entre normotensos e hipertensos nas comunidades do estudo.

Comunidade		Níveis de glicose						χ^2	gl	valor p
		Normal		Intolerância à glicose		Diabetes				
		N	%	N	%	N	%			
Cocalinho	Normotenso	36	70,59	7	58,33	-	-	11,4894	2	0,0027
	Hipertenso	15	29,41	5	41,67	6	100,00			
Pé do Morro	Normotenso	32	64,00	-	-	-	-	16,9084	2	<0,0001
	Hipertenso	18	36,00	7	100,00	6	100,00			
Kalunga	Normotenso	120	72,29	16	59,26	2	40,00	4,0087	2	0,1012
	Hipertenso	46	27,71	11	40,74	3	60,00			
Correção de Bonferroni									0,0167	

N=número de indivíduos; χ^2 =valor do qui-quadrado; gl=graus de liberdade; $p \leq 0,05$

Tabela 4.12 Prevalência de subpeso/sobrepeso e obesidade entre normotensos e hipertensos nas comunidades do estudo

Comunidade		IMC								χ^2	GL	valor p
		Subpeso		Normal		Sobrepeso		Obeso				
		N	%	N	%	N	%	N	%			
Cocalinho	Normotenso	-	-	9	60	20	66,67	14	58,33	0.4382	2	0,8096
	Hipertenso	-	-	6	40	10	33,33	10	41,67			
Pé do Morro	Normotenso	-	-	11	68,75	12	52,17	9	37,50	3.7786	2	0,1669
	Hipertenso	-	-	1	31,25	11	47,83	15	62,50			
Kalunga	Normotenso	5	83,33	88	71,54	38	67,86	10	66,67	0,8337	3	0,8784
	Hipertenso	1	16,67	35	28,46	18	32,14	5	33,33			
Correção de Bonferroni											0,0167	

N=número de indivíduos; χ^2 =valor do qui-quadrado; gl=graus de liberdade; $p \leq 0,05$

Tabela 4.13 Frequência dos graus de atividade física entre normotensos e hipertensos nas comunidades estudadas

Comunidade		Grau de atividade física								χ^2	GL	valor p
		GAF 1		GAF 2		GAF 3		GAF 4				
		N	%	N	%	N	%	N	%			
Cocalinho	Normotenso	2	25	20	62,50	7	63,64	14	77,78	6,5851	3	0,0986
	Hipertenso	6	75	12	37,50	4	36,36	4	22,22			
Pé do Morro	Normotenso	6	46,15	16	50	5	50	5	62,50	0,5612	3	0,9449
	Hipertenso	7	53,85	16	50	5	50	3	37,50			
Kalunga	Normotenso	4	44,44	10	52,63	7	46,67	117	75	11,0980	3	0,0088
	Hipertenso	5	55,56	9	47,37	8	53,33	39	25			
Correção de Bonferroni											0,0167	

N=número de indivíduos; χ^2 =valor do qui-quadrado; GL=graus de liberdade; $p \leq 0,05$

Em resumo, a Tabela 4.14 mostra a distribuição da prevalência dos fatores de risco por sexo. Não houve diferença significativa na prevalência de hipertensão entre as mulheres nas três comunidades avaliadas, porém a prevalência de hipertensão entre os homens foi maior nas comunidades Cocalinho e Pé do Morro. Não foi observada diferença significativa na prevalência de diabetes em ambos os sexos. No entanto, observou-se diferença significativa no grau de atividade física (GAF), sendo que a maioria dos homens e mulheres da comunidade Kalunga apresentou maior GAF (GAF 4, 78,72% e 76,36%, respectivamente). Além disso, observou-se maior prevalência de tabagismo e consumo de álcool nas comunidades rurais (Cocalinho e Kalunga) do que na comunidade urbana (Pé do Morro), para ambos os sexos. Essas diferenças significativas observadas são relevantes porque apontam que comunidades afro-derivadas se encontram em um processo de transição epidemiológica, demonstrando a associação entre perfil de saúde e nível de urbanização. Aliado a isso, observou-se que as mulheres da comunidade rural semi-isolada (Kalunga) são mais afetadas pela transição epidemiológica do que os homens. Vale ressaltar que a comunidade Kalunga apresentou menor frequência de participantes com fatores de risco cardiovascular, quando consideradas as variáveis do presente estudo. Apesar do mesmo antecedente (*background*), as mulheres de Kalunga apresentaram maior frequência de hipertensão, obesidade e diabetes do que os homens de sua localidade.

Tabela 4.14 Comparação da prevalência de hipertensão, obesidade, diabetes e fatores de risco em homens e mulheres nas comunidades avaliadas

Variáveis	Homens						Mulheres							
	Rural não isolada		Urbana		Rural semi-isolada		Valor p*	Rural não isolada		Urbana		Rural semi-isolada		Valor p*
	N	%	N	%	N	%		N	%	N	%	N	%	
Hipertensão														
Hipertenso	11	40,74	15	57,69	19	21,11	0,0011	15	35,71	16	43,24	42	37,50	0,8027
Normotenso	16	59,26	11	42,31	71	78,89		27	64,29	21	56,76	70	62,50	
IMC														
Subpeso	--	--	--	--	3	3,30	<0,0001	--	--	--	--	4	3,60	<0,0001
Normal	6	22,22	5	19,23	67	73,63		9	21,43	11	29,73	57	51,35	
Sobrepeso	12	44,44	15	57,69	18	19,78		18	42,86	8	21,62	38	34,23	
Obeso	9	33,34	6	23,08	3	3,30		15	35,71	18	48,65	12	10,81	
CA														
Sobrepeso	15	55,56	19	73,08	12	13,33	<0,0001	35	85,37	31	83,78	41	37,27	<0,0001
Normal	12	44,44	7	26,92	78	86,67		6	14,63	6	16,22	69	62,73	
CA/E														
Sobrepeso	25	92,59	25	96,15	40	43,96	<0,0001	38	92,68	36	97,30	83	75,45	0,0015
Normal	2	7,41	1	3,85	51	56,04		3	7,32	1	2,70	27	24,55	
Diabetes														
Diabetico	1	3,57	3	11,54	1	1,05	0,0512	5	11,90	3	8,11	4	3,54	0,2175
Intolerância à glicose	5	17,86	4	15,38	9	9,47		7	16,67	3	8,11	18	15,93	
Normal	22	78,57	19	73,08	85	89,47		30	71,43	31	83,78	91	80,53	
COLT														
<200 mg/dL	14	50,00	14	53,85	74	77,89	0,0043	25	59,52	14	37,84	79	69,91	0,0026
≥200 mg/dL	14	50,00	12	46,15	21	22,11		17	40,48	23	62,16	34	30,09	
TRI														
<200mg/dL	21	75,00	17	65,38	91	95,79	<0,0001	31	73,81	32	86,49	108	95,58	0,0005
≥200 mg/dL	7	25,00	9	34,62	4	4,21		11	26,19	5	13,51	5	4,42	
LDL														
<160 mg/dL	20	71,43	18	69,23	92	97,87	<0,0001	34	80,95	32	86,49	105	93,75	0,0491
≥ 160 mg/dL	8	28,57	8	30,77	2	2,13		8	19,05	5	13,51	7	6,25	

Variáveis	Homens							Mulheres						
	Rural não isolada		Urbana		Rural semi-isolada		Valor p*	Rural não isolada		Urbana		Rural semi-isolada		Valor p*
	N	%	N	%	N	%		N	%	N	%	N	%	
HDL														
<40 mg/dL	15	53,57	10	38,46	3	3,16	<0,0001	18	42,86	6	16,22	7	0,88	<0,0001
≥ 40 mg/dL	13	46,43	16	61,54	92	96,84		24	57,14	31	83,78	112	99,12	
NHDL														
<160 mg/dL	15	53,57	14	53,85	83	87,37	<0,0001	26	61,90	20	54,05	101	89,38	<0,0001
≥ 160 mg/dL	13	46,43	12	46,15	12	12,63		16	38,10	17	45,95	12	10,62	
GAF														
1	6	21,43	9	34,62	7	7,45	<0,0001	2	4,76	4	10,81	3	2,73	<0,0001
2	5	17,86	5	19,23	8	8,51		27	64,29	27	72,97	12	10,91	
3	2	7,14	5	19,23	5	5,32		9	21,43	5	13,51	11	10,00	
4	15	53,57	7	26,92	74	78,72		4	9,52	1	2,70	84	76,36	
Tabagismo														
Sim	8	28,57	10	38,46	37	39,78	0,6077	6	14,29	4	10,81	38	34,55	0,0027
Não	20	71,43	16	61,54	56	60,22		36	85,71	33	89,19	72	65,45	
Consumo de álcool														
Sim	20	71,43	8	30,77	50	53,76	0,0114	22	52,38	6	16,22	37	34,26	0,0032
Não	8	28,57	18	69,23	43	46,24		20	47,62	31	83,78	71	65,74	
Correção de Bonferroni														0,0038

*Valor p obtido pelo teste qui-quadrado (nível de significância de 95%)

4.4.3 Determinantes da hipertensão, obesidade e diabetes em cada comunidade

Por nossa amostra ser composta de indivíduos, em sua maioria com mais de 40 anos de idade e apresentarem pressões ambientais diferenciadas, decorrentes de níveis de urbanização diferentes, realizamos uma análise múltipla usando análise de regressão robusta, ajustando fatores sócio-demográficos e comportamentais em cada comunidade. Tal estratégia de análise se deve à influência desses fatores na ocorrência de doenças crônicas.

Com base no parâmetro B, a idade, o sexo masculino e o consumo de álcool foram diretamente associados aos níveis de pressão arterial sistólica na comunidade Cocalinho, enquanto os níveis de atividade física foram inversamente associados. Contudo, quando a correção de Bonferroni foi aplicada, nenhuma variável do modelo se mostrou como preditora independente dos níveis de pressão arterial sistólica. O coeficiente de regressão (B) é um parâmetro que reflete a variação na variável dependente para uma variação de uma unidade de variação na variável independente com todas as outras variáveis independentes constantes. Já o intercepto estima a variável dependente se todas as variáveis independentes tomarem um valor zero. Na verdade, todo o modelo explicou uma parte significativa da variação de pressão arterial sistólica, ou seja, 69,62% (R^2) da variação da pressão arterial sistólica (Tabela 4.15). Quando não aplicada a correção de Bonferroni, os níveis de IMC e glicose foram diretamente associados aos níveis de pressão arterial sistólica na comunidade Pé do Morro. Na comunidade rural Kalunga, a idade foi associada à pressão arterial sistólica, porém o modelo explicou apenas 30,37% de variação. O sexo masculino foi diretamente associado aos níveis de pressão arterial diastólica nas comunidades Cocalinho e Pé do Morro, porém não na comunidade Kalunga. Todos os modelos para pressão arterial diastólica explicaram menos de 35%.

Considerando o IMC, na mesma Tabela 4.15, na comunidade Cocalinho observamos que o sexo feminino, a circunferência abdominal e os níveis de glicose estavam diretamente associados ao IMC. O modelo explicou 87,15% da variação do IMC. Indivíduos mais jovens, do sexo feminino e com maior circunferência abdominal foram apontados como preditores da variável do IMC em Pé do Morro, em um modelo que explicou 92,66%. Idade e circunferência abdominal foram preditores de variação do IMC na comunidade Kalunga em um modelo que explicou 80,76% de variação. Observou-se a pressão arterial sistólica como preditora dos níveis de glicose na comunidade Cocalinho, enquanto na comunidade Pé do

Morro, a circunferência abdominal foi diretamente associada aos níveis de glicose. Os parâmetros epidemiológicos que parecem melhor explicar as variações do IMC em Kalunga foram idade e CA. Além disso, a idade foi preditora dos níveis de pressão sistólica, mas não da pressão diastólica e glicemia.

Independentemente de alguns modelos não apontarem variáveis preditoras após correção de Bonferroni e/ou mostrarem baixo R^2 , este conjunto de variáveis possivelmente auxilia na avaliação da prevalência de doenças crônicas simultaneamente com outras variáveis, sugerindo que existe interação com outros fatores de risco que não foram avaliados neste estudo. É importante destacar que a correção para testes múltiplos nesse caso, foi usada para comparar a capacidade preditiva individual de cada variável independente do modelo. Ressalta-se que o ajuste para testes múltiplos não é necessário para calcular a significância do modelo global (significância de R^2).

Tabela 4.15 Associação entre a variação dos níveis de pressão arterial sistólica (PAS), pressão arterial diastólica (PAD), sobrepeso/obesidade (IMC) e glicemia (GLICO) e fatores de risco selecionados para três comunidades quilombolas com base nos coeficientes de regressão (B) e determinação (R^2) obtidos considerando quatro diferentes modelos de regressão.

	PAS		PAD		IMC		GLICO	
	B	P	B	p	B	p	B	p
Cocalinho								
Intercepto	100,6346	<,0001	52,2116	<,0001	-6,9955	0,0399	51.4096	0.0057
Idade	0,2610	0,0077	0,0734	0,3862	-0,0465	0,0089	0,1268	0,2114
Sexo	7,8823	0,0077	7,3579	0,0029	-1,6193	0,0030	-6,0995	0,0660
SSE	-0,1376	0,7865	-0,6242	0,1812	0,1379	0,1245	0,1473	0,7770
PAS	--	--	--	--	-0,0077	0,6461	0,2990	0,0029
IMC	0,2838	0,2006	0,6356	0,0104	--	--	-0,2949	0,1909
CA	--	--	--	--	0,4091	<,0001	--	--
TRI	0,0224	0,1523	0,0132	0,8498	0,0041	0,1495	0,0124	0,5564
HDL	--	--	--	--	--	--	-0,1306	0,2283
GLICO	0,0291	0,1887	0,0282	0,1307	-0,0225	0,0019	--	--
GAF	-3,4920	0,0177	0,7790	0,5458	0,4849	0,0893	2,7268	0,0848
Tabagismo	-6,0402	0,0730	-0,8205	0,7688	-0,3739	0,5207	0,3991	0,9126
Álcool	6,9684	0,0227	4,2293	0,0973	0,2000	0,7136	-0,9500	0,7623
p ajustado		0,0055		0,0055		0,0050		0,0050
HPBV		0,2319		0,2319		0,2206		0,2319
R²		69,62%		31,95%		87,15%		52,88%
Pé do Morro								
Intercepto	78.7234	<,0001	56.0695	0.0002	-3.4331	0.2650	49.5391	0.0016
Idade	0.0578	0.5952	-0.1131	0.2608	-0.0654	0.0002	-0.0217	0.8246
Sexo	5.0899	0.1232	8.6517	0.0037	-1.8102	0.0010	0.6457	0.8307
SSE	0.6763	0.2522	-0.3091	0.5650	-0.2263	0.0194	-0.0152	0.9766
PAS	--	--	--	--	0.0454	0.0126	0.0083	0.9171
IMC	0.6613	0.0226	--	--	--	--	--	--
CA	--	--	0.2347	0.0589	0.3657	<.0001	0.4104	0.0007
COLT	--	--	0.0573	0.0331	--	--	--	--
TRI	-0.0075	0.6411	--	--	-0.0026	0.3772	--	--
HDL	--	--	--	--	--	--	-0.0888	0.0375
GLICO	0.1070	0.0288	0.0348	0.4635	0.0056	0.5000	--	--
GAF	0.2890	0.8743	-0.7430	0.6606	-0.1160	0.6992	1.1633	0.4791
Tabagismo	1.4964	0.6915	-4.8514	0.1630	-0.4937	0.4260	1.7534	0.6119
Álcool	2.5068	0.5294	-3.6966	0.2969	0.2828	0.6673	-9.9183	0.0024
p ajustado		0,005		0,005		0,005		0,005
HPBV		0.2258		0.2258		0.2258		0.2258
R²		44.64%		23.55%		92.66%		43.67%

	PAS		PAD		IMC		GLICO	
	B	P	B	p	B	p	B	p
Kalunga								
Intercepto	78,7308	<,0001	53,1107	<,0001	1,7203	0,2879	44,3229	0,0005
Idade	0,4680	<,0001	0,1617	0,0061	-0,0707	<,0001	0,2279	0,0146
Sexo	-1,9869	0,6405	-2,4232	0,0701	-0,3950	0,1369	-0,6170	0,7611
SSE	-0,5144	0,1217	0,0897	0,6798	-0,0957	0,0291	0,3572	0,2211
PAS	--	--	--	--	-0,0032	0,6770	0,0114	0,8480
PAD	--	--	--	--	--	--	0,0606	0,5313
IMC	0,7216	0,0117	--	--	--	--	0,6033	0,1903
CA	--	--	0,1746	0,0162	0,3175	<,0001	--	--
CA/E	--	--	--	--	--	--	13,0789	0,6467
TRI	0,0175	0,3236	-0,0107	0,3482	0,0033	0,1427	0,0146	0,3788
HDL	--	--	--	--	--	--	-0,1149	0,1404
GLICO	0,0301	0,4691	0,0486	0,0697	-0,0040	0,4471	--	--
GAF	0,5078	0,6977	-0,6232	0,4556	0,1006	0,5393	1,3618	0,2060
Tabagismo	0,3056	0,8866	0,2447	0,8599	-0,1532	0,5694	2,8513	0,1167
Álcool	-0,2236	0,9158	1,8767	0,1670	0,3891	0,1464	-0,0838	0,9639
p ajustado		0,005		0,005		0,005		0,0038
HPBV		0,2446		0,2418		0,2418		0,2404
R²		30,37%		16,83%		80,76%		16,33%

B (coeficiente de regressão); p (valor p) p ajustado pós- Bonferroniem negrito. SSE (status socioeconômico); PAS (pressão arterial sistólica); PAD (pressão arterial diastólica); IMC (índice de massa corporal); CA (circunferência abdominal); CA/E (razão circunferência abdominal/estatura); COLT(colesterol total); TRI(triglicerídeos); LDL (lipoproteína de baixa densidade); HDL(lipoproteína de alta densidade); NHDL(lipoproteínas que não apresentam alta densidade); GLICO (glicose); HPBV (*Highest point breakdownvalue*); R2(coeficiente de determinação). Traços (--): variáveis não incluídas na análise final no modelo estatístico.

4.4.4 Comparação com outras comunidades quilombolas brasileiras

Na Tabela 4.16 destacamos as principais diferenças em relação a outras comunidades quilombolas brasileiras. Quando comparada aos dados de abrangência nacional, observou-se um prevalência elevada de hipertensão em todas as comunidades quilombolas apresentadas, exceto na comunidade Mola, no Pará. Além disso, a prevalência de tabagismo e consumo de álcool se mostrou elevado em relação aos dados nacionais nos estudos em que esses fatores foram avaliados.

4.4.5 Análise multivariada: análise da função discriminante

Realizou-se uma análise multivariada com o intuito de analisar simultaneamente todas as variáveis na interpretação teórica do conjunto de dados. A partir dessa técnica estatística, determinou-se as funções discriminantes relevantes na análise das contribuições de cada

variável e/ou fator cardiometabólico na discriminação dessas comunidades. No presente estudo, em três grupos populacionais, duas funções discriminantes foram definidas para representar 100% da variância total, conforme apresentado na Tabela 4.17. A primeira função foi capaz de explicar 91,24% da variância entre as três comunidades com este conjunto de dados. Além disso, o valor elevado do coeficiente de correlação canônica (*eigenvalue*) da primeira função indicou alto grau de associação entre a primeira função discriminante e os grupos avaliados, isto é, elevado potencial de discriminação. Os coeficientes discriminantes canônicos padronizados são usados para classificar a importância de cada variável. Comparando os valores dos coeficientes padronizados, os coeficientes mais elevados indicam que a variável permite maior discriminação das comunidades, neste caso SSE e relação CA/E. Assim, variáveis explicativas com grande poder discriminante geralmente apresentam grandes coeficientes, porém a presença de multicolinearidade pode gerar determinada igualdade na magnitude dos coeficientes discriminantes, como CA/E e CA. Esses resultados auxiliam na interpretação da contribuição que cada variável forneceu para cada função discriminante, uma vez que apresenta as correlações entre as variáveis explicativas e as funções discriminantes canônicas padronizadas. As variáveis cujos valores apresentam-se em negrito são as mais relevantes para a determinação da função discriminante, uma vez que oferecem maiores coeficientes.

Tabela 4.16 Prevalência de fatores cardio-metabólicos em população adulta de comunidades quilombolas brasileiras e comunidades do presente estudo

Abrangência	Sexo	Hipertensão arterial (%)	Sobrepeso (%)	Obesidade (%)	Diabetes (%)	Inatividade física* (%)	Tabagismo (%)	Consumo de álcool (%)	Atividade física** (%)	Referência
Brasil	Homens	19,5	52,6	15,6	5,2	14,1	18,1	26,2	39,6	Malta et al., 2013***
	Mulheres	25,4	44,7	16,0	6,0	13,9	12,0	9,1	22,4	
	Total	22,7	48,5	15,8	5,6	14,0	14,8	17,0	30,3	
Kalunga	Homens	--	--	--	--	--	--	--	--	Jardim et al., 1992
	Mulheres	--	--	--	--	--	--	--	--	
	Total	6,28	--	1,8	--	--	--	30,0	--	
Vale do Ribeira-SP	Homens	44,38	17,5	2,70	--	16,4	--	--	83,6	Angeli, 2008
	Mulheres	55,62	30,8	17,5	--	68,0	--	--	32,0	Kimura et al., 2012
	Total	41,60	25,0	10,0	--	--	--	--	--	
Santarém-PA	Homens	--	12,8	3,9	--	--	--	--	--	Guerrero, 2010
	Mulheres	--	14,4	11,6	--	--	--	--	--	
	Total	--	27,2	15,6	--	--	--	--	--	
Amazônia-PA	Homens	22,11	20,13	5,03	--	--	31,77	65,53	--	Borges, 2011
	Mulheres	30,72	27,77	20,90	--	--	17,87	37,03	--	
	Total	26,42	23,95	12,97	--	--	24,78	50,85	--	
Mola-PA	Homens	--	1,9	1,9	--	--	--	--	--	Melo e Silva, 2015
	Mulheres	--	15,7	11,7	--	--	--	--	--	
	Total	15,4	17,6	13,7	--	--	34,5	50,9	--	
Codó-MA	Homens	--	--	--	--	--	--	--	--	Barbosa et al., 2015
	Mulheres	--	--	--	--	--	--	--	--	
	Total	48,63	--	--	--	--	43,84	--	--	

Abrangência	Sexo	Hipertensão arterial (%)	Sobrepeso (%)	Obesidade (%)	Diabetes (%)	Inatividade física* (%)	Tabagismo (%)	Consumo de álcool (%)	Atividade física** (%)	Referência
Vitória da Conquista-BA	Homens	44,4	27,2	2,60	--	--	--	58,4	--	Projeto Conquista
	Mulheres	46,10	52,5	16,7	--	--	--	28,2	--	
	Total	45,4	31,8	10,2	--	77,30	47,1	41,5	22,7	
Cocalinho	Homens	40,74	44,44	33,33	3,57	39,29	28,57	71,43	60,71	Presente estudo
	Mulheres	35,71	42,86	35,71	11,30	69,05	14,29	52,38	30,96	
	Total	37,68	43,48	34,78	8,57	57,15	20,00	60,00	42,85	
Pé do Morro	Homens	57,69	57,69	23,08	11,54	53,85	38,46	30,77	46,15	Presente estudo
	Mulheres	43,24	21,62	48,65	8,11	83,78	10,81	16,22	16,22	
	Total	50,19	36,51	38,10	9,52	71,43	22,22	22,22	28,57	
Kalunga	Homens	21,98	20,65	3,26	1,04	15,92	39,78	53,76	84,08	Presente estudo
	Mulheres	36,94	33,64	10,91	3,57	13,64	34,55	34,26	86,36	
	Total	30,20	27,72	7,43	2,40	14,70	36,95	43,28	85,30	

* Para efeito de comparação: GAF 1 e GAF 2 ** GAF 3 e GAF 4 ** *Dados do Vigitel (2011)

Projeto Conquista:Bezerra et al., 2013 (hipertensão e tabagismo); Soares e Barreto, 2014 (sobrepeso, obesidade e atividade física); Cardoso et al., 2015 (consumo de álcool).

Tabela 4.17 Coeficientes padronizados com poder discriminante para as variáveis do estudo, com a porcentagem de variância explicada por duas funções discriminantes e significância de cada função discriminante (p-valor).

Variáveis	Coeficientes da função discriminante	
	Z1	Z2
Idade	-0,287339491	-0,373145093
Sexo	0,473123561	-0,161507253
SSE	0,887346917	0,033824046
PAS	-0,049091078	0,305337260
PAD	-0,037238378	-0,533735666
IMC	0,493530790	0,104048252
CA	-1,501645366	0,253697458
CA/E	1,587028492	-0,724940440
COLT	-0,145925729	0,500068209
TRI	-0,224587187	-0,784681565
LDL	0,190697451	-2,244533528
HDL	-0,163713090	-0,461527537
NHDL	0,327754658	2,307056072
GLICO	0,061525164	0,354207566
GAF	-0,462054669	0,081359468
Tabagismo	-0,004634387	-0,120996709
Álcool	0,092713070	0,643172668
Eigenvalue	2,2804	0,2190
Proporção	91,24%	8,76%
Valor p	<0,0001	<0,0001

SSE (status socioeconômico); PAS (pressão arterial sistólica); PAD (pressão arterial diastólica); IMC (índice de massa corporal); CA (circunferência abdominal); CA(razão circunferência abdominal/estatura); COLT(colesterol total); TRI(triglicerídeos); LDL (lipoproteína de baixa densidade); HDL(lipoproteína de alta densidade); NHDL(lipoproteínas que não apresentam alta densidade); GLICO (glicose)

A Tabela 4.18 resume como as comunidades foram classificadas, mostrando o número de observações em cada grupo. A comunidade Pé do Morro foi reclassificada em 60,62% como comunidade Cocalinho e 31,15% como Kalunga, indicando maior dificuldade de discriminação da população urbana quando comparada às rurais. A partir desses resultados, sugere-se que a prevalência de fatores de risco se relaciona ao nível de urbanização nessas comunidades quilombolas do Brasil Central.

Tabela 4.18 Resumo do número de observações e percentual de classificação em cada população de acordo com funções discriminantes

Comunidade	Cocalinho	Pé do Morro	Kalunga	Total
Cocalinho	62 (92,54%)	--	5 (7,46%)	67 (100%)
Pé do Morro	37 (60,66%)	5 (8,20%)	19 (31,15%)	61 (100%)
Kalunga	6 (3,33)	--	174 (96,67%)	180 (100%)
Total	105 (34,09%)	5 (1,62%)	198 (64,29%)	308 (100%)

O gráfico de pontuação canônica (Figura 4.8) mostra como as duas funções canônicas classificaram as observações entre as comunidades, traçando o *score* de observação. O gráfico fornece um resumo sucinto da separação das observações. Foi possível observar que as comunidades de Cocalinho (rural não-isolada) e Kalunga (rural semi-isolada) foram discriminadas, enquanto a comunidade Pé do Morro (urbana) não. É possível observar que as variáveis SSE e CA/E discriminaram as comunidades em dois grupos quando consideradas a primeira função, sendo as comunidades de Cocalinho e Pé do Morro equivalentes. Contudo, quando considerada a segunda função, foi possível discriminar Cocalinho e Pé do Morro com a variável NHDL.

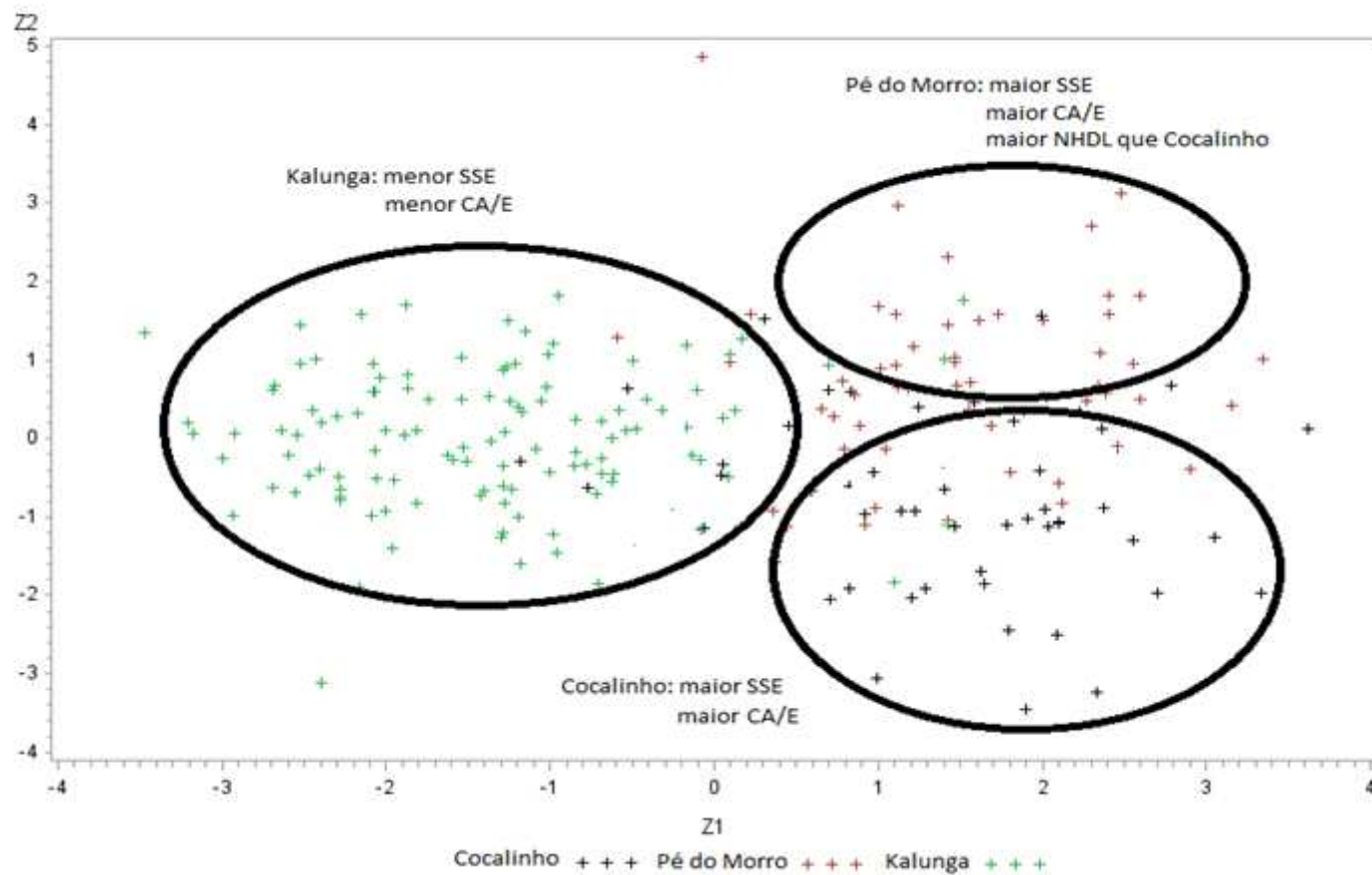


Figura 4.8 Gráfico de pontuação canônica de acordo com as funções de extração da análise discriminante. SSE (status socioeconômico); CA/E (razão circunferência abdominal/estatura); NHDL (lipoproteínas que não apresentam alta densidade). Cada cruz representa um indivíduo que foi classificado e plotado de acordo com a estimativa do panorama epidemiológico baseada nas funções extraídas da análise discriminante de função. As comunidades Cocalinho e Kalunga foram mais individualizadas em relação perfil epidemiológico do que a comunidade Pé do Morro.

4.4.6 Percepção do estado geral de saúde pelos quilombolas

Após diferenças observadas, verificamos a percepção sobre o estado de geral dessas comunidades, com base na autodeclaração. Pela análise da Figura 4.9, observou-se uma diferença na percepção de saúde entre os sexos na comunidade Cocalinho. Mais de 30% das mulheres consideraram seu estado de saúde Regular, enquanto menos de 10% dos homens tiveram essa percepção. Em Pé do Morro, os resultados foram similares entre os sexos, com a maioria dos indivíduos autodeclarando seu estado geral de saúde Regular. Em Kalunga, observou-se uma maior proporção de respostas se referindo a um Bom estado de saúde entre as mulheres e Regular entre os homens.

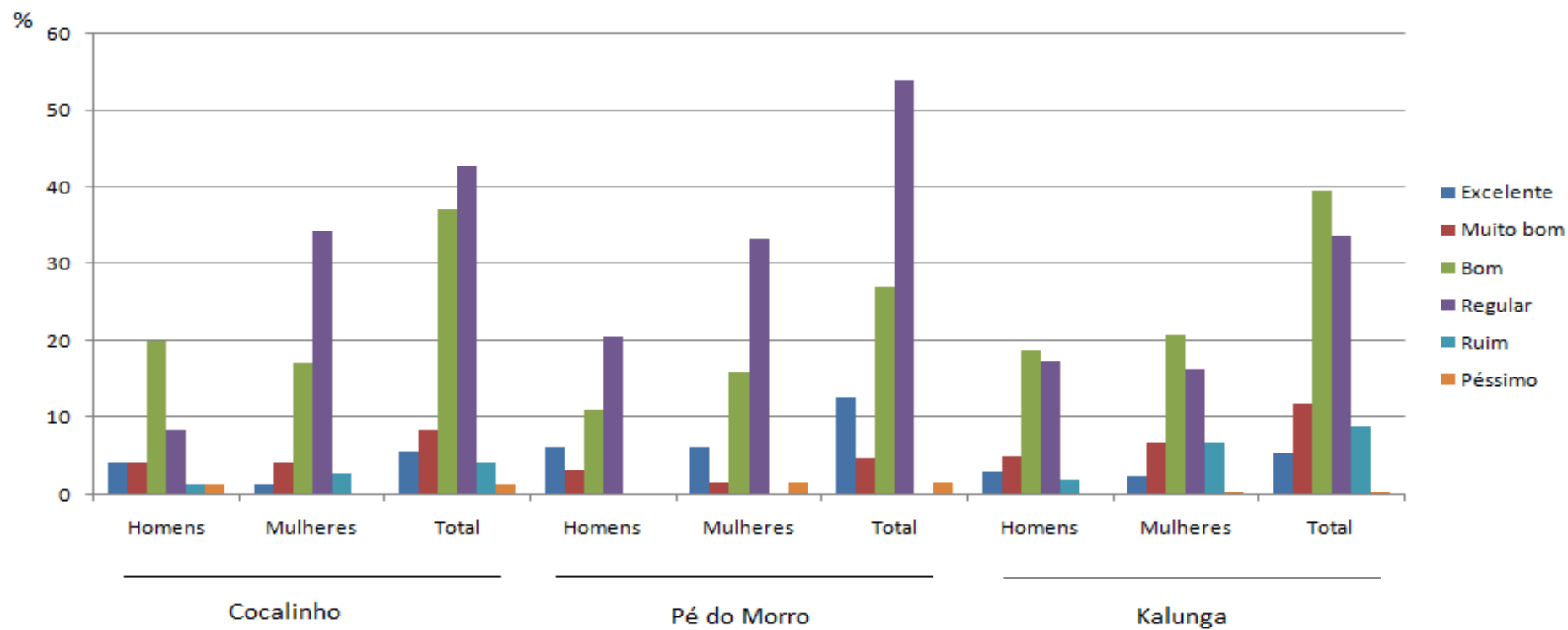


Figura 4.9 Distribuição da autodeclaração sobre estado geral de saúde entre homens e mulheres das comunidades quilombolas avaliadas.

4.5 DISCUSSÃO

Os quilombos estão entre os grupos populacionais mais socialmente marginalizados do Brasil. O presente capítulo apresentou um estudo epidemiológico descritivo transversal com base na determinação do perfil de saúde cardiovascular da população de homens e mulheres adultos de três quilombos com diferentes níveis de urbanização. Partindo-se da premissa de que o ambiente e o estilo de vida possivelmente interferem no padrão de saúde e que uma doença ou um agravo de saúde não são distribuídos ao acaso, procuramos identificar os principais fatores que influenciaram na prevalência de fatores de risco associados à hipertensão, obesidade e diabetes nessas comunidades. Para facilitar a compreensão da discussão, destacamos no texto os principais resultados obtidos e suas respectivas discussões.

O status socioeconômico (SSE) está relacionado ao nível de urbanização da comunidade.

Embora tenham sido destacados os diferentes níveis de urbanização, um ponto de grande relevância é o fato de serem comunidades tradicionais, que apresentam um modelo de ocupação coletivo do espaço e uso dos recursos naturais voltado principalmente para a subsistência. Nessas populações (caiçaras, ribeirinhos, seringueiros e quilombolas), além de todos os aspectos englobados pelos determinantes sociais de saúde, tem-se o componente ancestral genético, histórico e cultural como particularidade (Arruda, 1999), como apresentamos no capítulo anterior para as três comunidades aqui estudadas.

O Brasil atravessa, atualmente, um período de transição epidemiológica, com uma profunda modificação dos padrões de saúde e doença, e não é surpresa que esta transição esteja acontecendo em comunidades tradicionais. Embora a grande maioria dos quilombos estejam localizados em áreas rurais no nosso país, a diversidade de formação, bem como a proximidade a centros urbanos, tem tornado esses espaços mais urbanizados. Contudo, devido ao semi-isolamento, marginalização, acesso precário à educação e saúde, muitas populações, incluindo quilombos e populações mais isoladas enfrentam problemas relacionados à pobreza, condições sanitárias e nutrição (Nascimento et al., 2009; Cabral-Miranda et al., 2010; Piperata et al., 2011a; Piperata et al., 2011b; Gomes et al., 2013; França et al., 2016; Pena et al., 2016).

As comunidades Cocalinho, Pé do Morro e Kalunga estão localizadas no bioma do Cerrado, porém enfrentam pressões sociais e ecológicas diferentes, que influenciam no estilo de vida e na ocorrência de doenças crônicas. Nosso estudo, por meio do índice status socioeconômico (SSE) revelou condições sociais, econômicas e sanitárias diferentes entre as comunidades avaliadas. As comunidades de Tocantins, por exemplo, possuem água encanada, energia elétrica, posto de saúde, pequenos comércios, como bares, açougue, restaurante e

mercearia. Como Pé do Morro se encontra dentro do município de Aragominas, seu cenário se sobrepõe à infra-estruturado município. Comparada às comunidades de Cocalinho e Pé do Morro, Kalunga apresenta casas com poucos compartimentos (baixa razão entre número de cômodos por habitante), sem água tratada ou canalizada, ausência de coleta de lixo e eliminação inadequada no ambiente (queima perto de suas residências), ausência de redes de esgoto e fossas sépticas, situação esta também observada em estudo prévios em outras comunidades quilombolas do país (Santos e Silva, 2014; Pinho et al., 2015; Melo e Silva, 2015; Silva et al., 2016). No que diz respeito ao tipo de habitação, as famílias quilombolas entrevistadas de Kalunga moram em sua maioria em casas de adobe. Este resultado está de acordo com um estudo realizado envolvendo comunidades do Estado de Tocantins, onde 40,2% das casas eram de adobe e palha e 11,1% de alvenaria (Monego et al., 2010). Além disso, mais de 60% dos indivíduos de Kalunga nunca frequentaram escola formal, enquanto em Cocalinho e Pé do Morro, a proporção de analfabetos foi de aproximadamente 30%. Esses números estão acima da taxa de analfabetismo entre brasileiros com mais de 15 anos, que é de 8,3% (PNAD, 2014).

Considerando a renda familiar, observou-se discrepâncias, principalmente justificadas pela idade da amostra estudada e às atividades econômicas decorrentes da geografia da comunidade. Para ambos os sexos, o índice SSE na comunidade rural semi-isolada se mostrou mais baixo do que nas outras comunidades urbana. Torna-se relevante ressaltar que os indivíduos com idade mais avançada recebem aposentadoria do governo federal equivalente a um salário mínimo, além disso grande parte das famílias são registradas no Programa Bolsa Família. Embora a aposentadoria possibilite segurança para os mais idosos, tal rendimento frequentemente é utilizado na melhoria da subsistência dos outros membros da família, o que não garante melhoria das condições de vida para quem recebe o benefício. Todavia, a aposentadoria reforça o legítimo papel de liderança dos idosos em relação aos demais membros na comunidade (Silva et al., 2015). Essas condições sociais, econômicas e ambientais foram similares às condições observadas em comunidades quilombolas e ribeirinhas da Amazônia, (Guerrero, 2010; Borges, 2011; Piperata et al., 2011a; Cavalcante, 2011; Pinho, et al., 2013; Guimarães e Silva, 2015).

As regiões de Cocalinho e Pé do Morro têm na pecuária o elemento fundamental de sua produção socioeconômica, relacionada, sobretudo, à ocupação dessa região por meio da expansão da fronteira agrícola da região norte do país. O município de Santa Fé do Araguaia, próximo a Cocalinho constitui o segundo maior efetivo rebanho da região (Guedes e Brito,

2014). Em relação às atividades produtivas, a agricultura tem destaque nas comunidades quilombolas brasileiras, sendo prática usual para 93% das famílias, seguida pela pecuária (56,0%) e pela pesca (32,0%), porém a maior parte da produção é voltada para a subsistência, com uma comercialização reduzida (Sousa et al., 2013). A região de Kalunga é marcada historicamente pelo isolamento. Em geral os itens mais tradicionais da cultura Kalunga são o cultivo de milho, a mandioca e abóbora, mais observados nas comunidades de difícil acesso. Em relação à criação de animais, esta se resume ao curral de gado, chiqueiro de porco e poleiro de galinhas (Silva et al., 2015).

Com base nas observações e registros presentes na literatura sobre essas comunidades, nossos resultados sugerem que a marginalização histórica e o isolamento geográfico contribuíram amplamente para o baixo SSE de Kalunga. O isolamento era fundamental para formação da comunidade, contudo na atualidade esta condição tem impedido acesso à estrutura, a serviços básicos de saúde, alimentos suplementares e serviços de comunicação eficazes. Embora suas terras ancestrais constituam uma grande herança, o Cerrado apresenta solo não favorável à agricultura e o relevo do território de Kalunga dificulta a instalação de mecanismos de irrigação e formação de pastagens (Aurélio Neto, 2016; Trabaquini et al., 2017). Os laços culturais que os quilombolas Kalunga têm com suas terras suportam o fato de que as práticas agrícolas nas terras e o cultivo para o sustento são limitados. Historicamente, como acontecia nas demais regiões de mineração, o gado estava presente para suprir as demandas por proteína animal nos arraiais e foi inserido apesar da localização remota do território, entretanto com as grilagens iniciadas da década 70, muitas famílias perderam suas terras ancestrais adequadas para o remanejamento do gado (Aurélio Neto, 2016).

De acordo com Silva et al. (2015), há diferença em relação aos benefícios sociais e fontes de renda entre os povoados de fácil acesso e de difícil acesso da comunidade Kalunga, sugerindo que famílias das comunidades mais isoladas vivem em situação de maior vulnerabilidade e de menor acesso aos recursos econômicos. Já as comunidades de fácil acesso dispõem de mais alternativas de geração de renda, como venda da farinha e ecoturismo. As localidades do Vão de Almas e Vão do Moleque ficam isoladas na época da chuva, dificultando mais ainda o acesso à região (Novais, 2015). Como nosso trabalho envolveu indivíduos residentes nos povoados de Vão de Almas e Vão do Moleque, povoados de difícil acesso, é possível afirmar que provavelmente em povoados mais acessíveis, as diferenças sejam menores quando comparadas às comunidades de Cocalinho e Pé do Morro.

Apesar do semi-isolamento, é destacável a maior frequência de visitas pelo agente de saúde na comunidade Kalunga, com mais de 70% dos indivíduos declarando visita mensal por parte da equipe de agentes. Em Cocalinho e Pé do Morro esse percentual foi de 48,56% e 27,42%, respectivamente. A atenção à saúde prestada às populações quilombolas está centrada nas Unidades Básicas de Saúde da Família (UBSF) e no trabalho do Agente Comunitário de Saúde (ACS). Cada UBSF é constituída por uma equipe multiprofissional cuja complexidade varia de acordo com a disponibilidade de recursos do município (Souza et al., 2014). De fato, por ser uma área de difícil acesso, os agentes de saúde de Kalunga são membros da comunidade, moram no território e apresentam laços familiares, o que de certo modo facilita a execução de suas atividades. Os municípios de localização do território Kalunga estão entre os primeiros a serem contemplados pelo Programa de Agentes Comunitários de Saúde (ACS), em 1997. Em 2008 e 2009 foi realizado um curso para os ACS pela Escola de Saúde Pública do Estado de Goiás, visto que a maioria dos ACS apresentava baixa escolaridade (Novais, 2015).

Outro ponto a ser destacado no acesso à saúde está relacionado à implantação do Programa Mais Médicos. A implementação desse programa teve como objetivo geral suprir a carência de médicos nos serviços de saúde em áreas de elevada vulnerabilidade social e com dificuldades de fixação destes profissionais. Em março de 2014, o Ministério da Saúde lançou o Edital nº. 22 de adesão dos municípios ao Programa Mais Médico (PMM), sendo estabelecido como obrigação dos municípios, a alocação de médicos em equipes que atendessem populações vulneráveis, como as comunidades quilombolas. Dos 14.462 médicos contratados pelo Projeto Mais Médicos (PMM) nas cinco primeiras etapas, 3.390 foram alocados em 801 municípios com presença de comunidades quilombolas, isto é, aproximadamente 23% das contratações (Pereira et al., 2015). Segundo Pereira e colaboradores (2015) houve um maior acesso dos usuários quilombolas aos serviços de saúde após implementação desse programa.

Nosso estudo possibilitou a obtenção de indicadores e a identificação de particularidades existentes nas condições sociais e ecológicas de comunidades quilombolas do Brasil Central, o que de certo modo pode colaborar na elaboração de propostas de promoção da saúde e prevenção de doenças. Aliado a isso, permitiu gerar uma reflexão sobre a interface entre a tradição e a saúde. Os quilombos brasileiros são populações tradicionais, semi-isoladas e, em sua maioria, rurais. Ressalta-se que uma forma de preservar sua cultura é preservar seu modo de vida e hábitos passados ao longo das gerações, contudo nossos indicadores sócio-

ecológicos demonstraram ao mesmo tempo um desconhecimento sobre o bem-estar/saúde e uma vontade por melhorias nas condições de vida pelos quilombolas. Nossos resultados mostraram que essas comunidades, em especial a comunidade semi-isolada, Kalunga, clamam por transporte, tecnologia, eletricidade, acesso a serviços básicos de saúde e infraestrutura, e conseqüentemente melhorias na saúde e bem-estar. A mobilidade até os centros urbanos os expuseram a um modo de vida diferente, que disparou o desejo de incorporá-lo ao seu cotidiano. Tal situação pode ser constatada pela migração dos habitantes mais jovens em busca de estudo e trabalho nas cidades, mobilidade dos adultos para recebimento de seus rendimentos, acompanhamento de seus filhos na escola e atendimento médico (Anjos, 2011; Novais, 2015). Em Cocalinho, situação semelhante ocorre, com os filhos de muitos quilombolas que moram em Santa Fé do Araguaia e Araguaína, centros urbanos mais próximos da comunidade.

Alinhando-se com a discussão sobre identidade étnico-racial no capítulo anterior (Capítulo 3), onde destacamos que a classificação étnico-racial de um indivíduo está dentro da dimensão social, nesse capítulo inserimos a dimensão biológica por meio de um estudo epidemiológico. O fato de um indivíduo pertencer a uma comunidade tradicional com histórico de opressão e um modo de vida mais rústico, não deve aprisionar esse mesmo indivíduo nesse meio precário com baixo SSE, como justificativa de preservação cultural. A preservação cultural não está associada à preservação da pobreza, até mesmo porque a migração disparada devido às desigualdades sociais pode acarretar distanciamento das tradições culturais.

A luta pela coesão das comunidades tradicionais, como as comunidades quilombolas, e o semi-isolamento (já em declínio) mantido por elas, é em parte uma escolha dos indivíduos justificada pela conservação cultural e baixo SSE, mas que impede ou mesmo desafia o planejamento de políticas voltadas para o bem-estar e saúde. Rivara (2017, comunicação pessoal) afirma em seu estudo que fatores ecológicos, como desnutrição e falta de saneamento são diretamente responsáveis pelas taxas mais altas de doenças infecto-contagiosas entre as mulheres de Kalunga e que provavelmente essa situação melhoraria se as mulheres vivessem na área urbana, no município mais próximo, Cavalcante. Entretanto, questionamentos são gerados a partir dessa situação. A migração não comprometeria a coesão da comunidade, bem como suas tradições e demais aspectos culturais? Na cidade, os quilombolas seriam capazes de controlar melhor sua saúde, ter acesso a cuidados básicos e melhor suplementação nutricional? Teriam condições socioeconômicas para viver na cidade? Torna-se necessário

destacar que a maioria das comunidades tradicionais enfrentam vários problemas de saúde. Isso nos leva pensar que melhorias em estrutura e serviços (saúde, educação e segurança) nesses territórios, assim como em tantas comunidades vulneráveis (incluindo não tradicionais) espalhadas pelo país, seria a melhor estratégia para promoção de saúde e conservação cultural, porém a influência das áreas urbanas mais próximas ainda constitui o processo mais fácil.

O padrão de prevalência dos fatores de risco associados a doenças cardiovasculares avaliados foi diferente quando comparados homens e mulheres.

Diante de condições sócio-ecológicas diferentes avaliamos primeiramente a prevalência de fatores de risco entre os sexos. Nossos resultados revelaram que entre os 347 indivíduos analisados (amostra total), a proporção de mulheres com sobrepeso e obesidade foi maior que a de homens. Apesar de não significativamente diferentes após correção de Bonferroni, a proporção de mulheres obesas (23,68%) superou em aproximadamente duas vezes a proporção de homens obesos (12,50%), o que está de acordo com estudos prévios envolvendo comunidades tradicionais e mais isoladas (Piperata et al., 2011b; Soares e Barreto, 2014; França et al., 2016; Pena et al., 2016),

A distribuição do grau de atividade física (GAF) foi diferente entre os sexos nas comunidades de Cocalinho e Pé do Morro, indicando que o sobrepeso e obesidade possivelmente sejam influenciados pelo GAF. Já em Kalunga, a distribuição de GAF não foi diferente entre os sexos, indicando que aparentemente a prevalência de sobrepeso e obesidade não estão sendo influenciadas pelo GAF, mas por outros fatores. Entre os homens, observou-se maior proporção de usuários de álcool e maior atividade física quando comparados à mulheres. Resultados similares foram observados em grupos rurais da Amazônia e Vale do Jequitinhonha, com mulheres apresentando maior sobrepeso e obesidade do que homens (Silva et al., 2016; Pena et al., 2016).

Na comunidade Kalunga, além do sobrepeso e obesidade, foram verificados níveis mais elevados de colesterol total, LDL e NHDL entre as mulheres, sugerindo tipo de dieta diferente entre os sexos. De acordo com a PNS (2013), 12,5% das pessoas de 18 anos ou mais de idade no Brasil tiveram diagnóstico médico de colesterol alto. Na área urbana a proporção estimada foi de 13,0%, e na área rural de 10,0%. As mulheres apresentaram proporção maior de diagnóstico médico de colesterol alto (15,1%) do que os homens (9,7%).

Além de fatores comportamentais e ambientais, fatores fisiológicos como a homeostase metabólica, são regulados diferentemente em homens e mulheres. Essa assimetria sexual representa um paradigma evolutivo para as mulheres resistirem à perda de reservas de

energia (Mauvais-Jarvis, 2015). A relação do sexo com sobrepeso e obesidade vem sendo amplamente estudada e envolve mecanismos biológicos como paridade e a história reprodutiva e própria diferença fisiológica. À medida que o número de gestações aumenta, a mulher apresenta maior risco de desenvolver obesidade generalizada e/ou abdominal (Ferreira et al., 2015). Comparadas aos homens, as mulheres saudáveis têm mais tecido adiposo, mais ácidos graxos circulantes e apenas dois terços da massa muscular esquelética. Esses fatores promovem resistência à insulina, porém em menor intensidade do que nos homens. A constância na homeostase da glicose é, pelo menos em parte, devido ao benefício de uma janela fisiológica de concentrações de estrogênio entre a puberdade e a menopausa. Tanto que após menopausa, as mulheres tornam-se resistentes à insulina (Mauvais-Jarvis et al., 2013, Mauvais-Jarvis, 2015). Entretanto, no tocante aos mecanismos biológicos, os homens apresentam maior predisposição ao diabetes. A prevalência de síndromes pré-diabéticas, glicemia de jejum e tolerância à glicose difere entre os sexos, sendo mais prevalente em homens. A razão para essas diferenças é desconhecida, porém especula-se que menor massa muscular esteja associada a níveis mais baixos de glicose (Mauvais-Jarvis, 2015). A prevalência de diabetes tipo 2 também apresenta assimetria sexual, contudo um inquérito sobre a população mundial de diabéticos revelou que a diferença de sexo na prevalência depende do estágio de vida, com mais homens diabéticos antes da puberdade e mais mulheres diabéticas após menopausa (Wild et al. 2004). Em Pé do Morro, a prevalência de diabetes foi maior entre homens.

Nossos resultados revelaram níveis pressóricos mais elevados entre os homens. O excesso de peso, dislipidemias e hipertensão constituem fatores de risco bem estabelecidos para o desenvolvimento de doenças cardiovasculares. Estas doenças estão associadas ao aumento das concentrações séricas de colesterol total e colesterol de lipoproteína de baixa densidade (LDL), bem como níveis reduzidos lipoproteína colesterol (HDL). A importância da verificação desses parâmetros se deve principalmente ao estilo de vida e dieta, o que por sua vez tem impacto na prevalência de doenças cardiovasculares (Mahmood et al., 2014; Fandriks, 2016).

O perfil lipídico foi mais alterado entre as comunidades mais urbanizadas, como esperado, provavelmente porque estas comunidades estão mais expostas a uma dieta rica em proteína e gordura animal, produto da principal atividade econômica da região, a agropecuária. As correlações positivas entre o SSE e as variáveis do perfil lipídico verificadas em Kalunga provavelmente sugerem que a distribuição de baixos índices SSE em Kalunga,

representam um fator diferencial de associação à prevalência de fatores cardiometabólicos. Provavelmente, diferenças em aspectos sociais e econômicos, ainda que pequenas dentro da mesma população, em áreas menos urbanizadas são mais significativas do que em áreas mais urbanizadas como as comunidades de Cocalinho e Pé do Morro. Em geral, os indivíduos com maior poder aquisitivo alcançam os centros urbanos mais facilmente, assim tendo acesso a supermercados e a uma alimentação com níveis mais altos de proteína, gordura e produtos industrializados. O consumo de itens com alto valor protéico se relaciona aparentemente com prestígio social. O consumo de carne vermelha, por exemplo, é considerado um sinal de progresso em comunidades rurais mais isoladas (Zaluar, 2002; Silva et al., 2015).

O padrão de prevalência dos fatores de risco associados a doenças cardiovasculares avaliados foi diferente entre os sexos quando comparadas a outras comunidades do país.

Comparando-se a prevalência das doenças cardiovasculares entre as comunidades (hipertensão, obesidade e diabetes), entre as mulheres das três comunidades foi observada maior prevalência de sobrepeso e obesidade do que entre os homens, o que sugere maior exposição desse grupo a fatores de risco, insegurança alimentar e transição epidemiológica. Em Kalunga, observou-se maior prevalência de hipertensão, sobrepeso, obesidade e diabetes entre as mulheres quando comparadas aos homens, o que sugere que as mulheres são mais afetadas pela transição epidemiológica do que os homens. Além disso, a proporção de mulheres obesas foi aproximadamente três vezes maior que homens obesos, situação similar observada também para os quadro de diabetes. Em Cocalinho e Pé do Morro, a prevalência de hipertensão foi maior entre os homens, o que possivelmente está relacionado à menor procura por atendimento médico para monitorização da saúde (Gomes et al., 2013). Quando comparadas as três comunidades, Kalunga apresentou melhores indicadores de saúde cardiovascular que Cocalinho e Pé do Morro, porém não houve diferença na prevalência da hipertensão entre as mulheres, o que reforça o quadro de que esta comunidade provavelmente está em fase inicial de transição epidemiológica e agroalimentar (Silva et al. 2015).

Avaliando-se os fatores comportamentais, grau de atividade física, tabagismo e o consumo de bebida alcoólica, observou-se elevado grau de atividade física GAF 4 (77,45%) em Kalunga, provavelmente associado às demandas físicas do espaço geográfico em que está inserida à comunidade, difícil acesso, transporte limitado e atividades diárias, como locomoção, plantio e fornecimento de casas com alimentos e água. Considera-se que o estilo de vida, a redução de atividade física e o aumento no consumo de alimento são freqüentemente associados ao processo de urbanização (Kusuma et al., 2002). Cocalinho e Pé

do Morro apresentaram baixo nível de atividade física, similar ao observado em outras comunidades quilombolas do país (Angeli, 2008; Soares e Barreto, 2014). Porém, chamou a atenção o baixo nível de atividade física entre as mulheres da comunidade mais urbanizada, Pé do Morro. De fato, enquanto os homens trabalham diariamente em fazendas próximas à cidade, fazendo esforço físico e carregando peso, as mulheres permanecem em casa, ocupando-se dos afazeres domésticos e quintais. Espaços urbanos influenciam de formas diferentes o nível de atividade física e padrões de subsistência das populações, sugerindo que o benefício de cada espaço poderia ser usado no aperfeiçoamento de políticas públicas para cada comunidade (Pena et al., 2016).

O uso de álcool e tabagismo nas comunidades avaliadas foram mais frequentes do que a média nacional, sendo mais associados aos homens e não diferindo de outras comunidades quilombolas do país (Borges, 2011; Cardoso et al., 2015; Melo e Silva, 2015). Em um estudo na comunidade Kalunga, Novais (2015) verificou 43,64% homens e 52,89% mulheres fumantes. Segundo dados nacionais, a parcela de tabagistas na área rural (17,4%) é maior que na urbana (14,6%) (PNS, 2013). A prevalência de usuários de álcool foi maior nas comunidades rurais, 60% em Cocalinho e 43,28% em Kalunga. Por outro lado, em um estudo realizado por Bezerra e colaboradores (2013) em comunidades quilombolas na Bahia, foi observado uma prevalência mais baixa, hábito do tabagismo em 19,6% dos indivíduos e o consumo do álcool em 13,1%. Já Cardoso e colaboradores (2015) apontaram que 41,5% dos residentes adultos dos quilombos de Vitória da Conquista fazem uso do álcool de forma moderada e excessiva, assim como Vieira (2014) registrou elevado consumo de álcool e uso de tabaco no quilombo Kalunga, no Estado de Goiás. Ressalta-se que o alcoolismo em comunidades quilombolas está cada vez mais evidente devido às facilidades de comercialização de diversos tipos de bebidas, além da falta de opção e atividades recreativas (Anjos, 2006; Cardoso et al., 2015).

Como Kalunga apresentou maior prevalência de fumantes do que as demais comunidades, é relevante destacar que este poderia ser um fator de confusão nas nossas análises, visto que a inter-relação tabagismo e peso corporal já está sedimentada por meio de vários estudos, principalmente estudos que buscaram compreender seus efeitos na cessação do hábito de fumar (Komiya et al., 2016; Heggen et al., 2017). Entretanto, nenhuma associação significativa foi observada entre tabagismo e categorias do IMC, tanto na análise univariada quanto múltipla (esta última ajustada para as variáveis idade, sexo e fatores comportamentais ajustados).

Os resultados do presente estudo revelaram que a prevalência de hipertensão nessas comunidades foi similar aos de estudos previamente realizados em outras comunidades quilombolas do país (Borges, 2011; Kimura et al., 2012; Bezerra et al., 2013; Barbosa et al., 2015) e não quilombolas (Silva et al., 2016; Pena et al., 2016). Contudo, podemos observar que a prevalência de hipertensão foi mais elevada que a média nacional (Malta et al., 2013) em várias comunidades quilombolas do país (Borges, 2011; Kimura et al., 2012; Bezerra et al., 2013; Barbosa et al., 2015).

Em 1992, foi realizado um estudo epidemiológico envolvendo 159 indivíduos da comunidade Kalunga em Goiás e foi verificada uma baixa prevalência de hipertensão (6,28%) e praticamente ausência de obesidade, associados a um baixo consumo de sal e dieta restrita de carboidratos e lipídeos. A ingestão de sal observada foi relatada por aproximadamente 18% dos indivíduos estudados, o que de fato pode ter sido um fator "hipotensor" (Jardim e et al., 1992), justificado pela dificuldade em alcançar esse produto, como descrito no documentário Rota do Sal⁴ onde durante séculos, os negros de Kalunga viajavam de seu território na Chapada dos Veadeiros, em Goiás, até Belém do Pará (uma viagem de aproximadamente um ano de duração) para trocar produtos produzidos no Quilombo por sal, item essencial para a sobrevivência. No presente estudo, observamos uma prevalência de 30,20% para hipertensão arterial. Esses resultados sugerem que Kalunga se encontra em fase transição epidemiológica.

Uma elevada prevalência de obesidade entre as mulheres de Cocalinho e Pé do Morro também foi observada em outras comunidades do país (Angeli, 2008; Borges, 2011; Soares e Barreto, 2014). Além disso, a verificação da presença concomitante de hipertensão e diabetes entre os indivíduos de Cocalinho e Pé do Morro, possivelmente está associada ao componente ambiental e estilo de vida. Em geral, a hipertensão é duas vezes mais comum em diabéticos do que não-diabéticos. Tanto a hipertensão como a diabetes melitos estão altamente associadas à obesidade, e não é surpreendente que possamos apontar uma coexistência dessas condições. Tanto a hipertensão como a diabetes aumentam significativamente com a idade e sua coexistência é maior em idosos e associadas à síndrome metabólica (França et al., 2016; Grossman e Grossman, 2017). Todavia, um estudo envolvendo índios Xavantes, no Estado do Mato Grosso do Sul, mostrou que os índios xavantes de 60 anos ou mais não apresentaram prevalência elevada de síndrome metabólica, explicada por um processo menos intenso de

4 <https://www.youtube.com/watch?v=InfA-IZYzyg>

aculturação, manutenção de seus hábitos tradicionais e menor contato com a sociedade brasileira devido a barreiras linguísticas (Soares et al., 2015).

Embora o estilo de vida de Kalunga esteja associado à prevalência mais baixa de doenças cardiovasculares (hipertensão, obesidade e diabetes) quando comparados às comunidades quilombolas mais urbanizadas, doenças infecciosas ainda são prevalentes em Kalunga (Rivara, 2017, comunicação pessoal). Além disso, há um crescimento significativo das doenças crônicas não transmissíveis (DCNT), entre as mulheres, como observado em nosso estudo.

Como discutido nos Capítulos 2 e 3, há uma marcante heterogeneidade de formação entre os quilombos brasileiros. Além das condições sociais, econômicas e estilo de vida de cada comunidade quilombola, baseado no histórico de Cocalinho e Pé do Morro, podemos citar o impacto da migração sobre a saúde. Embora o efeito da migração não tenha sido testado, é provável que esta variável tenha contribuído para o perfil de saúde das comunidades avaliadas, já que historicamente as comunidades Cocalinho e Pé do Morro foram formadas por ondas migratórias oriundas principalmente do Maranhão (ver capítulo 2). Efeitos da migração sobre a saúde na população humana representam também um importante alvo de pesquisa, incluindo a saúde em comunidades tradicionais. Madrigal e colaboradores (2011), verificaram a influência da migração na pressão arterial (PA) e Índice de Massa Corporal (IMC) em migrantes e não migrantes de populações sul asiáticas e observaram IMC significativamente aumentado em migrantes quando comparados com não migrantes, efeito pronunciado no sexo feminino. Já a pressão arterial (PA) foi comparável entre os grupos, nem sempre mostrando valores aumentados para migrantes.

Análises múltiplas indicaram o sexo feminino e circunferência abdominal como parâmetros que melhor explicam a variação do índice de massa corporal nessas comunidades, mas não a variação dos níveis pressóricos e glicemia. Os melhores indicadores de saúde cardiovascular após ajuste de idade e sexo foram observados na comunidade rural semi-isolada, embora os modelos estatísticos múltiplos para essa comunidade tenham apontado baixa percentual de explicação quando as variáveis foram avaliadas em conjunto. Provavelmente a inclusão de outras variáveis possibilitaria maiores coeficientes de determinação e maior explicação da variação da pressão arterial, índice de massa corporal e glicose nessa comunidade. Os piores indicadores foram associados às comunidades mais próximas das áreas urbanas (Cocalinho e Pé do Morro). Como esperado, os indicadores de Cocalinho se apresentaram intermediários ou similares à comunidade de Pé do Morro, o que

de fato pode ser justificado pelo fácil acesso a áreas urbanas, com estradas pavimentadas e transporte público da vila até à cidade referência (Santa Fé do Araguaia).

Os resultados da análise de função discriminante mostraram a diversidade de indicadores de saúde observados na comunidade urbana (Pé do Morro), provavelmente relacionada a um estilo de vida menos tradicional e a uma menor coesão, como observado nas comunidades rurais (Cocalinho e Kalunga). É notável que quanto maior o grau de urbanização, mais difícil é discriminar a população, como verificado em Pé do Morro. Desse modo, podemos afirmar que o processo de transição epidemiológica acarreta uma heterogeneidade de fatores associados às doenças cardiovasculares. Nosso estudo apontou um claro processo de transição epidemiológica associado à localização de cada quilombo e ao status socioeconômico, do quilombo rural mais isolado (Kalunga) em fase inicial até os quilombos rural não-isolado (Cocalinho) e urbano (Pé do Morro) em fase avançada, sendo o status socioeconômico, a circunferência abdominal e a razão circunferência abdominal e estatura, as variáveis de discriminação das três comunidades.

Em consonância com a reflexão sobre desigualdades sociais, podemos citar um recente estudo publicado no periódico *Lancet*. Stringhini e colaboradores (2017) evidenciaram o status socioeconômico como um dos mais relevantes preditores de morbidade e mortalidade prematura em todo mundo. Esse trabalho envolveu mais de 1,7 milhões de indivíduos de sete diferentes países desenvolvidos, e verificou uma associação substancial do status socioeconômico, comparável aos fatores de risco tabagismo, álcool, sedentarismo, hipertensão, a obesidade e diabetes. Tal estudo reflete um problema global, que evidentemente nos leva à aumentar a investigação em países em desenvolvimento e grupos minoritários, como as comunidades quilombolas.

A elevada prevalência de DCV, em especial obesidade entre as mulheres quilombolas provavelmente está associada ao processo de transição epidemiológica e conseqüente insegurança alimentar.

Em nosso trabalho observamos dois cenários: um construído por comunidades mais urbanizadas (Cocalinho e Pé do Morro) com elevada prevalência de doenças crônicas e em fase avançada de transição epidemiológica e outro constituído por uma comunidade semi-isolada, com baixa prevalência de doenças cardiovasculares (quando comparadas às demais), em fase inicial de transição epidemiológica, todavia com elevada prevalência de doenças infecto-contagiosas (Rivara, 2017, comunicação pessoal).

O quadro epidemiológico das comunidades avaliadas é similar ao de outras comunidades quilombolas do país, populações ribeirinhas (Piperata et al., 2011a; Silva et al., 2016) e indígenas brasileiras (Alvim et al., 2014; Soares et al., 2015; Fávares et al., 2015; Almeida et al., 2016), rurais não tradicionais (Felisbino-Mendes et al., 2014; Pena et al., 2016) e também populações africanas (Okop et al., 2014; Choukem et al., 2017). O processo de transição demográfica e nutricional pelo qual o Brasil e outros países vem passando, mostra uma tendência à diminuição da desnutrição e aumento de doenças crônicas. A transição nutricional se caracteriza por uma rápida alteração na estrutura da dieta e nos padrões de atividade física da população, relacionada a mudanças socioeconômicas e demográficas (Piperata et al., 2011b; Silva et al., 2016), incluindo também populações tradicionais. Por exemplo, populações indígenas da região de Gran Chaco na Argentina: os Toba e Wichí da província de Formosa na Argentina, apresentaram uma prevalência de sobrepeso de aproximadamente 50% em Toba e 34% em Wichí, enquanto 10% dos adultos em ambas as populações eram obesos (Vallegia et al., 2010).

Torna-se interessante ressaltar que Kalunga apresentou dados epidemiológicos similares aos de populações africanas. Por exemplo, um estudo mostrou que a prevalência de sobrepeso e obesidade em populações semi-urbanas de Camarões foi de 36,5% e 11,1%, respectivamente, com mulheres apresentando valores de IMC mais elevados que os dos homens (Aminde et al., 2017). Um outro estudo, envolvendo 1343 crianças africanas demonstrou maior prevalência da obesidade em crianças com maior status socioeconômico (Choukem et al., 2017), o que reforça um padrão global de transição nutricional e epidemiológica, provavelmente associado ao processo de urbanização e seus componentes ambientais. A necessidade de implementar intervenções preventivas específicas para as comunidades tradicionais é justificada pela tentativa de utilizar os componentes culturais como aliados no delineamento da promoção de saúde.

Mas o que poderia explicar o processo de transição epidemiológica nas comunidades de nosso estudo? Como se dá a participação do ambiente nos indicadores de saúde nessas comunidades? Um fator relevante seria a dieta, ou de modo mais abrangente, a segurança alimentar. Embora não tenha sido o objetivo geral desse trabalho, dados de sobrepeso e obesidade permitiram uma discussão em relação a esse tema. A segurança alimentar representa "Um estado no qual todas as pessoas, em todos os momentos, têm acesso econômico a alimentos suficientes, seguros e nutritivos para satisfazer as suas necessidades dietéticas e preferências para uma vida ativa e saudável (World Food Summit, 1996). A

insegurança alimentar (IA) está relacionada à pobreza e tradicionalmente está ligada à desnutrição. Entretanto, o paradoxo nutricional proposto há mais de 15 anos nos Estados Unidos, evidencia a associação entre IA e excesso de peso (Dietz, 1995; Kursmark e Weitzman, 2009). Nossos resultados apontaram uma prevalência mais elevada de obesidade nas comunidades Cocalinho e Pé do Morro do que em Kalunga. Pesquisas mostram que as mulheres que vivem com IA são mais propensas a apresentar excesso de peso em comparação com as mulheres em segurança alimentar (Schlüssel et al., 2013). Cerca de metade (47,8%) dos quilombolas vivem em casas com insegurança alimentar grave, com as regiões Norte e Nordeste enfrentando a situação mais crítica (Gubert et al., 2016). Contudo, não podemos sugerir que Kalunga não apresente insegurança alimentar, mas se encontra em fase de transição, com maior influência de um estilo de vida mais urbanizado. Em um estudo realizado com uma amostra de 226 estudantes quilombolas de 12 municípios de Goiás, observou-se maior frequência de excesso de peso (17,2%) em comparação à desnutrição (1,3%), com maior ocorrência entre estudantes da zona urbana (28,2%). A insegurança alimentar foi verificada em 75,2% das famílias quilombolas (Cordeiro et al., 2014).

A insegurança alimentar (IA) pode aumentar o risco de obesidade, mas os resultados não são consistentes para todos os estágios do curso da vida entre países desenvolvidos/subdesenvolvidos, além de se apresentarem como transitória ou crônica. Schlüssel e colaboradores (2013) revisaram dados brasileiros da Pesquisa Nacional de Demografia e Saúde 2006, referentes a mulheres adultas (18-49 anos), adolescentes do sexo feminino (15 a 19 anos) e crianças até cinco anos. IA grave foi associada à obesidade entre mulheres adultas e IA moderada ao excesso de peso entre adolescentes do sexo feminino, enquanto em crianças de ambos os sexos nenhuma associação foi observada, o que provavelmente implica em um processo de transição nutricional no Brasil que modela o efeito deletério da IA no acúmulo de gordura corporal ao longo do curso da vida (Schlüssel et al., 2013). Entretanto, em países em fase inicial de desenvolvimento da transição a IA foi associada a quadros de desnutrição, Colômbia (Isanaka et al., 2007). Em nosso estudo observou-se sete casos de subpeso em Kalunga (três homens e quatro mulheres).

Provavelmente, a prevalência de sobrepeso e obesidade nas comunidades avaliadas em nosso estudo, se deve ao fato do Brasil estar em estágio mais avançado na transição nutricional, com maior prevalência de sobrepeso e obesidade em mulheres de populações com baixas condições sociais e econômicas (Santos et al., 2013; Gubert et al., 2016). Em 2003, o presidente do Brasil, Luiz Inácio Lula Da Silva lançou um programa chamado Fome Zero,

com o apoio da Organização das Nações Unidas para a Alimentação e Agricultura. O objetivo era eliminar a fome (Grave insegurança alimentar) da população brasileira. No seu relatório sobre O Estado da Insegurança Alimentar Mundo - 2010, a ONU relatou melhoria na Segurança alimentar do Brasil na "proporção de desnutridos na população total " de 9% em 2000-2002 para 6% em 2005-2007.

No estudo desenvolvido por Schlüssel e colaboradores (2013), o paradoxo da insegurança alimentar e predisposição ao sobrepeso foi evidenciado considerando estágio do curso da vida, sugerindo como observado no nosso estudo que a prevalência de doenças crônicas é estabelecida por condições ambientais e que existe uma relação sinérgica entre biologia, cultura e comportamentos. Em um estudo envolvendo 696 famílias de 14 comunidade do Estado do Tocantins, Monego e colaboradores (2010) verificaram que 589 (85,1%) famílias se encontravam em situação de insegurança alimentar (IA), 258 (37,3%) apresentaram IA leve, 228 (32,9%) moderada e 103 (14,9%) grave. Esses percentuais são apontados como resultado do semi-isolamento geográfico e/ou social, dificuldades de acesso a bens e serviço, concentração da terra, insuficiência de renda e educação precária (Monego et al., 2010).

Para explicar a associação paradoxal da transição nutricional, consideramos os seguintes pontos: o acesso mais facilitado a produtos industrializados ricos em gordura e açúcar e a transição agro-alimentar, onde cultivar é mais difícil que alcançar mercados. Apesar de grande parte dos indivíduos apresentarem baixo SSE, os alimentos industrializados (tais como açúcar refinado, óleo, cerveja, massas etc) podem ser adquiridos hoje muito facilmente, como observado em comunidades ribeirinhas e quilombolas da Amazônia (Piperata et al., 2011b; Silva et al., 2016).

A elevada prevalência de DCV, em especial obesidade entre as mulheres quilombolas pode estar associada a problemas epidemiológicos e nutricionais sofridos durante desenvolvimento fetal e infância (Teoria da origem e desenvolvimento da saúde e doença).

Embora os mecanismos epigenéticos ainda não sejam totalmente compreendidos, há evidências crescentes mostrando que modificações durante o desenvolvimento humano precoce (gestação, infância e adolescência) está associado à saúde e ao bem-estar na vida adulta. Um quadro teórico que pode ser útil na compreensão de como a insegurança alimentar durante diferentes estágios do curso da vida em diferentes circunstâncias ambientais (pré-nutrição, transição nutricional e pós-nutrição) pode aumentar o risco de sobrepeso e obesidade

é a Teoria da origem e desenvolvimento da saúde e doença (Gluckman et al., 2007; Himmelgreen, 2013). A ocorrência de obesidade em adultos pode estar associada a fatores nutricionais e ambientais presentes desde o período gestacional. Populações quilombolas apresentam historicamente elevadas taxas de desnutrição infantil (Guerrero, 2010; Oliveira, et al., 2011; Guimarães e Silva, 2015), o que poderia gerar quadros futuros de adultos com doenças cardiovasculares e metabólicas.

As observações que as primeiras influências da vida podem alterar o risco de doença na fase adulta levaram ao reconhecimento de que essas perspectivas permitem maior compreensão da biologia humana. O fenômeno proposto pela Teoria da origem e desenvolvimento da saúde e doença (TODSD) é considerado um conjunto de processos de plasticidade, pelos quais os organismos se adaptam ao seu ambiente durante o seu percurso de vida (Gluckman et al., 2007; Kuzawa, 2008; Baird et al, 2017). A hipótese original sobre o genótipo econômico postula que a alta incidência de obesidade e resistência à insulina em determinadas populações foi resultado da adaptação ancestral para ambientes nutricionais inóspitos e que a expressão desses genes econômicos resultou em um risco maior de obesidade e resistência à insulina à presença de alta ingestão de energia e baixo consumo de energia (Gluckman et al., 2007). No entanto, a variação genética desempenha um papel na sensibilidade aos estímulos ambientais, ainda pouco compreendidos.

A Teoria da origem e desenvolvimento da saúde e doença (TODSD) aliada à hipótese do genótipo econômico postula que em ambientes onde disponibilidade de energia é limitada e a nutrição de baixa qualidade, o crescimento, desenvolvimento e imunidade são comprometidos. A ligação observada entre o peso ao nascimento e a predisposição a doenças cardiovasculares (Backer et al., 1989) se relaciona a essa teoria. Barker argumentou que os indivíduos submetidos à privação calórica *in utero* são mais propensos a se tornarem obesos e mais propensos a sofrer de doenças cardiometabólicas. Chamada de Hipótese da Origem Fetal (HOF), esta hipótese se propõe avaliar a nutrição e outras tensões durante a gestação, que podem ser responsáveis por condições crônicas degenerativas e cardiovasculares na fase adulta. Embora haja debate sobre a HOF, há evidências observacionais crescentes que as tensões durante o desenvolvimento fetal têm o potencial de afetar a saúde na fase adulta (Almond e Currie, 2011; Rooij e Roseboom, 2013; Rotar et al., 2015; Yehuda et al., 2015).

Portanto, sugere-se que os indivíduos moldam no sentido de se adaptar a condições ambientais estressantes a partir de padrões culturais e comportamentais. Assim, uma perspectiva biocultural está atrelada a TODSD e HOF, possivelmente explicando casos de

doenças cardiovasculares e metabólicas em diferentes grupos populacionais. Mudanças no padrão cultural e no estilo de vida são mais rápidas que mudanças genéticas, revelando a plasticidade biológica do ser humano diante das adversidades ambientais. Quando um ambiente muda, ocorre um período que chamamos de *mismatch* entre as características genéticas das populações e ambiente. Esse período é caracterizado por elevadas taxas de morbidade e mortalidade (Wiley e Allen, 2009). O organismo em desenvolvimento na instabilidade metabólica ajusta seus parâmetros fisiológicos e homeostáticos de acordo com o ambiente. Se o sinais na fase de desenvolvimento sugerem disponibilidade limitada de nutrientes, então o organismo em resposta irá ajustar sua trajetória de desenvolvimento para uma homeostase metabólica melhor adaptada para sobreviver em um período de escassez. Doenças de estilo de vida no ser humano ocorrem quando o indivíduo vive em um ambiente além das suas previsões e intervalo homeostático fisiológico induzido - O "modelo de "ajuste-desajuste", no inglês “*match-mismatch model*”, onde a fisiologia é acompanhada pelas condições do ambiente (Gluckman et al., 2007; Batenson, et al., 2014).

A Figura 4.10 abaixo representa um esquema relevante para compreensão das teorias acima citadas e associação aos resultados observados de transição epidemiológica do presente estudo.

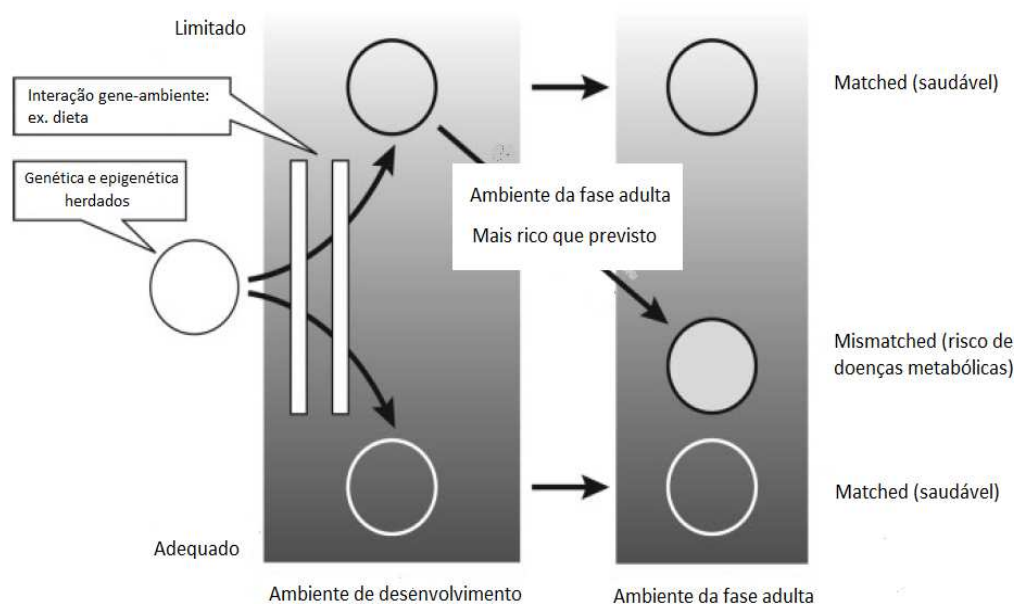


Figura 4.10 *Match-mismatch* da doença metabólica. A plasticidade do desenvolvimento em resposta aos sinais ambientais modifica a trajetória padrão definida pelo genoma fetal herdado e epigenoma. De acordo com se o ambiente é percebido como adequado (fundo escuro) ou privado (fundo claro). Se o ambiente da fase adulta é adequado ou limitado como da fase de desenvolvimento, o risco de doenças cardiovasculares é baixo. Se houver uma incompatibilidade entre os ambientes de desenvolvimento e da fase adulta, particularmente se o ambiente da fase adulta é mais rico do que o previsto, o risco de doença metabólica é maior. (Fonte: Adaptado de Gluckman et al., 2007).

Esta teoria pode explicar por que as populações em transição nutricional rápida, como Brasil, China e Índia, têm apresentado aumento na prevalência de doenças metabólicas e cardiovasculares entre as mulheres, como observado em nossas comunidades quilombolas. Um potencial fator para explicar a maior prevalência de obesidade entre as mulheres é a incompatibilidade (*mismatch*) entre a restrição nutricional perinatal e um ambiente mais rico em calorias tardiamente. A restrição nutricional perinatal seguido por um ambiente rico em calorias pode aumentar o risco de obesidade, mais em mulheres do que em homens (Robinson et al., 2012; Baird et al, 2017). Essas descobertas possivelmente permitem reflexões sobre os ambientes contemporâneos, sugerindo que as mulheres desenvolvem a obesidade mais rapidamente que os homens.

Indivíduos cujo o ambiente precoce sinalizou um alto nível de nutrição na vida adulta apresentam melhores condições de apresentarem bom estado de saúde, com ressalvas para elevados níveis de nutrição. Para indivíduos cujas condições na vida fetal previam uma má nutrição, a probabilidade de saúde é incerta. Modelos animais mostraram que exposição materna a glicocorticóides na gravidez induziu hipertensão e /ou evidência de resistência à insulina, obesidade e massa muscular alterada, bem como alterações do eixo hipotálamo-hipófise-adrenal no progênie adulta de várias espécies experimentais. Quando ratas grávidas recebiam dietas restritas, seus descendentes se mostraram menores no nascimento; mas seus descendentes em um ambiente rico em alimentos se tornaram obesos. A chave da hipótese é que humanos são capazes de se desenvolver de diferentes maneiras. Um entendimento desses mecanismos, além da investigação de diferentes gerações dessas comunidades quilombolas ou mesmo estudos longitudinais poderiam acelerar intervenções adequadas que promovam a saúde durante a infância sem comprometê-lo na fase adulta (Bateson et al., 2004).

Compreender o processo de transição epidemiológica é uma demanda social e econômica, visto que a prevalência de doenças crônicas pode acarretar perdas da capacidade produtiva, trabalho e produção de alimentos. Segundo Dressler et al. (2014), "os indivíduos em grupos desfavorecidos são privados de participação significativa na sociedade em geral e o estresse associado a essa privação explica as disparidades de saúde" (tradução livre da autora). Aliado a isso, aspectos culturais e históricos (geografia, pobreza, falta de educação e falta de voz política) influenciam no grau de disparidade na saúde de populações quilombolas. Ressalta-se que existem forças sociais e políticas que dificultam a melhora na saúde nessas comunidades.

Por último, observou-se que os resultados de percepção do estado geral de saúde se relacionaram com as medidas sociais e biológicas obtidas, com Kalunga apresentando uma percepção positiva sobre seu estado de saúde, Cocalinho e Pé do Morro, regular. Embora subjetiva, a autodeclaração de saúde é mediada por experiências psicossociais, pelos contextos sociais e culturais. Em um estudo envolvendo comunidades quilombolas de Vitória da Conquista, a prevalência de auto-avaliação da saúde ruim/muito ruim foi de 12,5% (Kocherginet al., 2014). Um outro estudo envolvendo adultos de quatro países latino americanos, Brasil, Colômbia, México e Peru (Projeto PERLA - Project on Ethnicity and Race in Latin America), verificou que indivíduos autodeclarados brancos apresentavam significativamente dados sobre estado de saúde geral melhores que aqueles autodeclarados negros e indígenas (72% versus 57% e 70% versus 47%), respectivamente. No entanto, indivíduos autodeclarados negros relataram estado de saúde geral similar aos indivíduos brancos e mestiços (67% versus 66% e 72% versus 61%), respectivamente (Perreira e Telles, 2014). Considerando o *background* histórico, social e cultural das comunidades quilombolas, sugere-se a realização de estudos que aprofundem o entendimento sobre fatores associados à cultura local que permitam identificar o perfil de saúde.

4.6 CONCLUSÃO

- ✓ O ambiente no qual estão inseridas essas comunidades são diferentes e possivelmente condicionam pressões de caráter médico-epidemiológico diferenciados, que contribuem para variações nos determinantes sociais de saúde;
- ✓ A prevalência de doenças cardiovasculares e seus fatores de risco difere entre homens e mulheres, com as mulheres apresentando maior prevalência de obesidade do que os homens nas três comunidades;
- ✓ As comunidades avaliadas apresentam perfil epidemiológico similar a de outras comunidades brasileiras e se encontram em um processo de transição epidemiológica;
- ✓ Os parâmetros epidemiológicos que parecem melhor indicar as diferenças existentes entre as comunidades avaliadas foram status socioeconômico, circunferência abdominal e razão circunferência abdominal/estatura.
- ✓ A percepção do estado geral as comunidades avaliadas foi similar entre as comunidades de Cocalinho e Pé do Morro, com maior proporção de indivíduos declarando saúde Regular. Ao contrário de Kalunga, que mostrou maior proporção de indivíduos declarando o estado de saúde como Bom.

Possíveis explicações sobre a relação entre a prevalência de doenças crônicas e o estilo de vida enfatizam que a Teoria do Desenvolvimento da origem da Saúde e Doença interage com as modificações decorrentes da urbanização. Políticas podem ser adotadas para prevenir doenças e melhorar a saúde de populações. Por este motivo, estudos em populações tradicionais se diferenciam de estudos envolvendo outros grupos populacionais, porque estas são populações social e economicamente vulneráveis, mas com uma coesão cultural histórica, organização social e política particular. Muitas vezes, as políticas públicas são desenvolvidas para quem vive em áreas urbanas e não são adequadas para quem vive nessas comunidades.

CAPÍTULO 5 A INFLUÊNCIA DA ANCESTRALIDADE GENÉTICA NA DISTRIBUIÇÃO E VARIAÇÃO DE FATORES DE RISCO ASSOCIADOS A DOENÇAS CARDIOVASCULARES EM QUILOMBOS

5.1 INTRODUÇÃO

O papel do componente étnico-racial na genética humana e nas pesquisas em saúde está entre as questões mais controversas na ciência. É muito comum em estudos epidemiológicos a coleta de dados étnico-raciais, como perspectiva na identificação de minorias associadas a determinadas doenças e melhor direcionamento no tratamento, e sobretudo, ações voltadas para a promoção de saúde. Entretanto, há um intenso debate sobre os determinantes sociais da saúde, no âmbito do qual a saúde da população negra é destaque em nosso país.

Nos capítulos anteriores descrevemos as diferenças relacionadas à história demográfica, à estrutura genética e à distribuição de fatores de risco associados a doenças cardiovasculares em três quilombos do Brasil. Toda essa investigação se fez necessária para que pudéssemos construir uma base visando responder a seguinte questão: Existe alguma associação entre a ancestralidade genética e a ocorrência de doenças complexas nessas comunidades?

5.1.1 O componente étnico-racial e o genético nos estudos epidemiológicos

Estudos mostram que o componente étnico-racial e o genético de um indivíduo podem afetar a saúde em decorrência de suas interações. A influência genética é explicada pelo fato de que pessoas podem compartilhar regiões do genoma e, conseqüentemente, variantes comuns relacionadas a uma determinada doença, sendo que a ancestralidade geográfica comum deve aumentar a probabilidade dessa herança. Já a influência ambiental envolve práticas culturais, nível de estresse, escolaridade, acesso a serviços de saúde, entre outros, que também podem ser compartilhados (Dressler et al., 2008; Kuzawa e Sweet, 2009; Fuchs, 2011; Albuquerque et al., 2015; Mersha e Abebe, 2015).

De fato, existe uma determinada estruturação da diversidade humana de acordo com a geografia e, paralelamente, há uma distribuição heterogênea de doenças em diferentes regiões geográficas, com variadas frequências, refletindo as adaptações genéticas da população aos fatores ambientais. Isto é bem exemplificado por algumas doenças monogênicas, como a anemia falciforme (Pena, 2005).

Inicialmente, as células em formato de foice foram visualizadas em amostras de sangue de indivíduos afro-descendentes, o que gerou o primeiro estudo publicado sobre o assunto no século passado "*Peculiar elongated and sickle-shaped red blood corpuscles in a case of severe anemia*", na revista americana *Archives of Internal Medicine* (Herrick, 1910). Neste período, as doenças foram classificadas em categoriais "étnico-raciais", sendo a anemia falciforme conhecida como "doença de negros" (Goodman et al., 2012). Mutações no gene HBB acarretam hemoglobinopatias, como a anemia falciforme e talassemias. Indivíduos com anemia falciforme apresentam hemoglobina tipo S, codificada pelo gene de β globina (gene HBB) com a mutação de ponto (rs334) (Carlice-dos-Reis et al., 2017). Atualmente, é amplamente aceito que a anemia falciforme está associada à Afro-descendência, contudo não como uma "doença de negros", mas sim um exemplo de uma doença geográfica e exemplo clássico de seleção e evolução (Pena, 2005; Goodman et al., 2012). É bem conhecido que heterozigotos para a hemoglobina variante S apresentem menor incidência de infecções por *Plasmodium falciparum* do que indivíduos com hemoglobina normal e outras hemoglobinas. Além disso, deficiência de glicose 6-fosfato-desidrogenase (G6PD) e piruvato quinase, conferem determinado grau de resistência à malária. Comparados aos brancos não hispânicos, Afro-americanos apresentam valores de hemoglobina, hematócrito, volume corpuscular médio (VCM), saturação de transferrina e ferritina mais baixos, os quais influenciam na proteção contra malária. De fato, a doença falciforme e os defeitos associados aos eritrócitos são mais frequentes em regiões endêmicas de malária (Ding et al., 2013).

A hipertensão representa outro exemplo interessante. Considerada um importante fator de risco para doenças cardiovasculares, a hipertensão acomete mais Afro-Americanos do que outros grupos populacionais, contudo as bases dessas disparidades étnico-raciais não são completamente esclarecidas. Diferenças biológicas nos mecanismos de controle da pressão arterial, fatores comportamentais e ambiente estão entre as possíveis causas da maior prevalência de doenças cardiovasculares em negros (Fuchs, 2011). Porém, poucos *loci* genéticos diretamente relacionados com a hipertensão têm sido apontados, o que pode indicar diferenças específicas da população em variantes e/ou influência de fatores socioculturais relevantes (Quinlan et al., 2016).

Um exemplo prático da classificação étnico-racial é na dermatologia. O carcinoma baso-celular é raro em indivíduos negros, quelóides são pouco frequentes em brancos e as indicações de dermatoterapia com laser são determinadas pela quantidade de melanina na pele. A cor da pele é resultado da quantidade e distribuição de melanina e pode direcionar o

tipo de tratamento dermatológico, tornando a descrição e o procedimento clínico nesses casos um método de custo reduzido, seguro e aplicável (Carter, 2003).

Grande parte dos estudos que buscam investigar a influência do componente étnico-racial e ancestralidade genética na saúde foram e são conduzidos em populações norte-americanas, justificados pela elevada prevalência de doenças crônicas, taxa de mortalidade, demência e menor expectativa de vida entre os Afro-americanos (Schuster et al., 2012; Zhu et al., 2011; Shetty et al., 2012; Salfati et al., 2015; Tran et al., 2015; Carrol et al., 2013; Qi et al., 2013; Al-Alem et al., 2014; Klimentidis et al., 2016; Goonesekera et al., 2015a, Goonesekera et al., 2015b). Com base nos dados de 2009 a 2012, 32,6% dos adultos americanos maiores de 20 anos de idade apresentaram hipertensão. A prevalência ajustada por idade foi maior entre Afro-americanos, 44,9% entre os homens e 46,1% entre as mulheres (Mozaffarian et al., 2015). Em contraste, no Reino Unido, os indivíduos de ancestralidade Afro-caribenha apresentaram taxas mais baixas de mortalidade por doença isquêmica cardíaca, todavia taxas mais elevadas de mortalidade por (acidente vascular cerebral) AVC em comparação com os indivíduos de ancestralidade europeia (Chatuverdi, 2003). No Reino Unido, a maioria dos estudos têm relatado taxas mais altas de hipertensão entre grupos populacionais Sul-Asiáticos, mas nem todos os estudos têm observado diferenças étnico-raciais, devido à imigração dos grupos minoritários. A comparação de minorias étnico-raciais em países desenvolvidos é complexa, visto que parte desses grupos viveram por gerações em seus países, além disso são fortemente influenciados pela cultura do local em que residem (Lane e Lip, 2001).

Há debates se haveria ou não maior predisposição genética de indivíduos Afro-descendentes a desenvolver hipertensão, no entanto, é consenso que a pressão arterial é fortemente influenciada por fatores sócio-ecológicos, como condições de vida, emprego e percepção de discriminação racial e acesso a serviços de atenção básica (Dressler e Bindon, 2000; Borges, 2011; Bezerra, et al., 2013; Melo e Silva, 2015).

Não obstante ao processo de miscigenação, o componente étnico-racial é amplamente utilizado nos estudos epidemiológicos brasileiros, embora em sua maioria sejam utilizados a autoclassificação fenotípica baseada na cor da pele (Zaluar e Monteiro, 2017; Bezerra et al., 2013a; Malta et al., 2015). Há um intensa discussão sobre os determinantes sociais de saúde da população negra e o primeiro ponto discutido se deve à inconsistência na classificação étnico-racial em um país marcado por miscigenação. O segundo é que a construção de uma política específica com recorte étnico-racial poderia afetar os princípios de direito universal,

visto que a discriminação racial e o preconceito não poderiam representar a base de construção de uma política pública diferenciada para determinados grupos. Um terceiro ponto discutido é quanto aos riscos de possíveis prejuízos para a atenção à saúde de determinados grupos, decorrentes da ênfase nos aspectos negativos e estigma de inferioridade étnico-racial (Guerrero, 2010; Chor, 2013; Moubarac, 2013).

De acordo com o Painel de indicadores do Sistema Único de Saúde (2016), as populações Afro-Brasileiras, devido às diversas condições históricas, encontram-se nos extratos mais pobres e em crônica situação de iniquidade em relação à saúde, o que pode estar relacionado ao sub-diagnóstico de doenças crônicas, gerando maiores complicações e assim maiores taxas de mortalidade. No Brasil, segundo a Pesquisa Nacional de Saúde (PNS) de 2013, a proporção de indivíduos acima de 18 anos que referiram diagnóstico médico de hipertensão e diabetes mellitos foi maior entre os autodeclarados negros, enquanto níveis séricos de colesterol foram mais observados em autodeclarados brancos, conforme apresentado na Tabela 5.1 (PNS, 2013).

Tabela 5.1 Proporção de indivíduos acima de 18 anos de idade que referiram diagnóstico médico de hipertensão, diabetes mellito e colesterol elevado, segundo declaração étnico-racial no Brasil (PNS, 2013).

Prevalência	Branco (%)	Negro (%)	Pardo (%)	Total (%)
Hipertensão	22,1	24,2	20,0	21,4
Diabetes mellitos	6,7	7,2	5,5	6,2
Colesterol elevado	13,4	11,2	11,8	12,5

Além das controvérsias inerentes à categorização de uma população miscigenada, como a brasileira, as limitações metodológicas representam desafios para os estudos epidemiológicos envolvendo a interação componente étnico-racial, genética e saúde. Por exemplo, nas taxas de mortalidade específicas por grupos de doença segundo raça no Brasil, o fato do numerador (número de óbitos) e do denominador (população sob risco em cada categoria de raça) serem provenientes de fontes de dados diferentes – Sistema de Informações sobre Mortalidade (SIM - Ministério da Saúde) e Censo Demográfico (Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística), respectivamente, limita tecnicamente a precisão dos resultados (Chor, 2013).

5.1.2 Doenças cardiovasculares em Afrodescendentes

A observação da elevada prevalência de casos de hipertensão entre Afro-descendentes, despertou a curiosidade da comunidade científica, gerando o levantamento de diversas hipóteses na tentativa de justificar uma maior predisposição dos Afro-descendentes em desenvolver doenças cardiovasculares, como a hipótese da escravidão (Madrigal et al., 2009). Devido ao papel do metabolismo do sódio na regulação da pressão arterial, buscou-se explicações para a hipertensão em fatores relacionados à retenção de sódio e, presumivelmente, seu controle genético (Fuchs, 2011).

A proposta da escravidão foi levantada por Wilson (1987) e Wilson e Grim (1991) e propõe que as altas taxas de mortalidade dos africanos escravizados durante a viagem pelo Oceano Atlântico para as Américas foram justificadas por diferentes causas, que abrangeram o suicídio, infecções, desidratação e diarreias. De acordo com os autores teria ocorrido um potencial processo de seleção e consequentemente sobreviventes com elevada capacidade de retenção de sal e maior resistência às anormalidades eletrolíticas letais. Dessa forma, esses indivíduos possivelmente apresentariam taxas elevadas de hipertensão no novo ambiente, pois eram previamente adaptados a um ambiente de baixo consumo de sal.

À medida que esta hipótese ficou conhecida, outros pesquisadores argumentaram contra a teoria com base na genética populacional, mecanismos de fisiologia da hipertensão e biologia evolutiva básica. Foi relatado que a África tinha uma oferta abundante de sal e que existiam numerosas populações africanas com baixos níveis pressóricos. Os casos de hipertensão eram observados em ambientes mais urbanizados (Curtin, 1992; Cooper e Rotimi, 1994). A idéia de que todas as populações africanas tinham acesso limitado ao sal era uma afirmação insustentável. Curtin negou qualquer validade histórica à proposição de que África tinha sido tradicionalmente um local de escassez de sal e argumentou que a proposta de Grim, que justificava a maioria das mortes decorrentes de doenças diarreicas, era igualmente sem fundamento, concluindo que a hipótese carecia de evidências (Curtin, 1992). Particularmente importante é que não havia evidência de alta mortalidade devido à desidratação nos navios escravos, nas fazendas ou *plantations* (Madrigal et al., 2009).

A falta de dados históricos adequados para sustentar a hipótese é crítica na Hipótese da escravidão, além do viés sobre as explicações genéticas entre as categorias étnico-raciais em oposição aos complexos aspectos socioculturais e psicológicos (Cooper e Rotimi, 1994; Dressler e Bindon, 2000; Madrigal et al., 2009). Apesar das críticas, Grim e Robinson (1996, 2003) defenderam a hipótese da escravidão e insistiram em continuar usando termos "raciais"

com validade biológica, citando, por exemplo, a diferença nas frequências de hemoglobina entre negros e brancos. Aliado a isso, os autores desconsideraram a grande quantidade de dados que indicam que a variação humana é descrita por variações contínuas nas frequências gênicas nos continentes e não por um modelo taxonômico-racial (Madrigal et al., 2009).

Avaliando a prevalência de hipertensão entre Africanos, Afro-Caribenhos, Afro-Americanos, Afro-Sul-americanos e populações Afro-derivadas do Caribe e do Reino Unido, Madrigal e colaboradores (2009) observaram elevada taxa de hipertensão entre Afro-americanos, acima de 30%. Elevadas taxas de prevalência de hipertensão também foram verificadas em outros grupos populacionais, porém, a maioria das amostras africanas apresentou uma prevalência de hipertensão classificada como baixa e moderada. Por exemplo, nas zonas rurais de Gana e Nigéria, a frequência relatada para ambos os sexos foi de 2,5 e 6,9%, respectivamente. Dessa forma, a hipótese da escravidão foi rejeitada pelos autores.

Hoje estudos epidemiológicos na África têm mostrado elevada prevalência de hipertensão, associada ao processo de transição epidemiológica (Marcia et al., 2016; George et al., 2016). De fato, um modelo mais complexo, possivelmente incluindo o estudo de aspectos ambientais, culturais e psicológicos, poderia melhor explicar o risco para a hipertensão nesses grupos populacionais (Goosby et al., 2015; Quinlan et al., 2016).

Quando consideradas as doenças metabólicas, tem sido mostrado que a prevalência de diabetes tipo 2 é maior nas populações Afro-derivadas quando comparadas a populações europeias (Crawford et al., 2010; Cheng et al., 2012; Keaton et al., 2014; Meigs et al., 2014). Considerando o sequenciamento do genoma humano e estudos de associação e ligação, têm sido observada uma maior compreensão sobre a etiologia de muitas doenças. Contudo, as causas múltiplas de doenças complexas ainda não são bem compreendidas. (Quinlan et al., 2016).

Estudos tem apontado que Afro-Americanos apresentam maior predisposição a desenvolverem doenças cardiovasculares e metabólicas, incluindo hipertensão, diabetes, obesidade, doenças renais, infarto do miocárdio e acidente vascular cerebral, do que indivíduos de ancestralidade europeia (Saab et al., 2015; Brown-Riggs et al., 2016; Kershaw e Pender, 2016). A pressão arterial é uma característica hereditária e as estimativas de herdabilidade sugerem que 15 a 60% da variação da pressão sistólica e diastólica são atribuídas a fatores genéticos (Norton et al., 2010; Pena et al., 2016). Mecanismos genéticos tem sido propostos e relacionados ao aumento da hipertensão arterial e doença renal entre grupos populacionais Afro-derivados, como os polimorfismos APOL1 na causa da doença

renal (Weckerle et al., 2016). Outros estudos têm apontado que Africanos e Afro-americanos tendem a reter sódio e água, além de apresentar maior sensibilidade à aldosterona e supressão da atividade da renina plasmática (Ferdinand e Ferdinand, 2008; Ortega et al., 2015; Jones et al., 2017; Nandakumar et al., 2017).

Estudos também demonstraram uma resposta hemodinâmica aumentada ao estímulo adrenérgico em negros, quando comparados aos brancos (Adefurin et al., 2013), um grau aumentado de hipertrofia na carótida, enrijecimento das artérias centrais e aumento da resistência à constrição arterial (Heffeman et al., 2008), além da deficiência de vitamina D como fator associado à maior prevalência de hipertensão (Forman et al., 2013; Brown-Riggs, 2016). A deficiência de vitamina D ao longo da vida pode afetar negativamente a microvasculatura em Afro-americanos, desempenhando assim um papel importante na gênese da hipertensão. Ressalta-se que os dados clínicos sobre o papel da deficiência de vitamina D no desenvolvimento da hipertensão arterial são sugeridos para Afro-descendentes vivendo longe de regiões equatoriais. Embora seja um possível fator de risco, não há dados para sugerir que os indivíduos brancos com deficiência de vitamina D constituiriam um grupo de menor risco (Rostand, 2010).

A obesidade contribui significativamente para a ocorrência de hipertensão e também é mais prevalente entre Afro-Americanos e hispânicos, particularmente entre mulheres (Ortega et al., 2015; Klimentidis et al., 2016). Grande parte dos estudos de associação de genômica ampla (GWAS) publicados foram realizados em populações de ancestralidade europeia, porém um desses estudos identificou um *locus* próximo ao gene MC4R associado à circunferência abdominal e à resistência à insulina em uma coorte da população do Sul da Ásia (Chambers et al., 2008) indicando disparidades étnico-raciais específicas. O *locus* FTO também tem sido associado ao risco de índice de massa corporal (IMC) elevado em populações de ancestralidade africana (Deliard et al. 2013; Peters et al., 2013; Demerath et al., 2012; Grant et al., 2008;) e asiáticos (Kimura et al., 2016 ; Qibin et al., 2014; Maceková et al. 2012; Fang et al. 2010).

No presente estudo focaremos nas doenças cardiovasculares hipertensão, diabetes mellitos, obesidade e fatores de risco associados, por serem condições clínicas de alta contribuição na ocorrência de doenças cardiovasculares e amplamente estudadas.

5.1.3 Ancestralidade geográfica/genética

O conhecimento da ancestralidade genética não tem sido apenas importante para estudos de interesse histórico, mas também nos estudos de associação caso/controle, permitindo avaliar se as diferenças nas frequências alélicas observadas se devem a uma relação causal ou estruturação populacional. As estimativas de ancestralidade genética individual tem se tornado uma parte importante na definição da amostra controle (Shriver et al., 1997; Cruz et al., 2010, Wang et al., 2014).

Como mencionamos em capítulo anterior, vários termos são usados para definir o componente étnico-racial nos estudos demográficos, científicos e epidemiológicos (raça, etnia, etnicidade), porém com aplicabilidade questionável em estudos sobre saúde. Por outro lado, há evidências de que as estimativas de ancestralidade genética possam contribuir positivamente na prática clínica. Por exemplo, médicos podem diagnosticar de forma mais precisa doenças pulmonares por meio da ancestralidade genética (Kumar et al., 2010). Uma grande proporção de estimativas de ancestralidade genética Nativo-americana foi associada a um risco elevado de leucemia linfoblástica aguda na infância em crianças norte-americanas (Yang et al., 2011). Um estudo transversal envolvendo 503 pacientes brasileiros com insuficiência cardíaca do Sistema Único de Saúde (SUS), observou que indivíduos com maior contribuição de ascendência ameríndia apresentaram maiores taxas de sobrevivência a insuficiência cardíaca. A ancestralidade genética estimada a partir marcadores informativos de ancestralidade (AIM) pode fornecer uma previsão mais precisa das diferenças na distribuição de fatores de risco genético que influenciam a saúde e na doença entre diferentes categorias étnico-raciais (Cardena et al., 2014).

Em populações miscigenadas a ancestralidade geográfica inferida com marcadores genéticos informativos de ancestralidade (AIMs) frequentemente é discordante das informações baseadas em fenótipos (ver Capítulo 3). A implicação disso é que, nas populações miscigenadas como as Afro-Americanas ou latinas, a ascendência auto-referida pode não ter utilidade direta na previsão de diagnóstico e medidas de tratamento. Assim, para melhor compreender a variação genética humana no contexto de saúde, tem sido sugerido a utilização da ancestralidade geográfica na descrição da ancestralidade biológica, por meio de marcadores genéticos, levando a uma maior compreensão da relação entre a variação genética humana e as diferenças na ocorrência de doenças entre os grupos populacionais (Mersha e Abebe, 2015). Embora essas diferenças possam ser resultado de diferenças no acesso a sistemas de saúde e fatores socioeconômicos e ambientais, sabe-se que boa parte das doenças

humanas comuns apresentam também uma contribuição genética (herança complexa). Assim, estudos que revelam associações entre ancestralidade genética e determinados fenótipos podem representar o início de uma investigação para o melhor conhecimento de doenças comuns (Parra et al., 2004).

Determinadas doenças genéticas, incluindo as complexas, relacionadas ou influenciadas pela ancestralidade, tem sido alvos de investigação. Por exemplo, diabetes (Mimbacas et al., 2004; Campbell et al., 2012; Qi et al., 2012; Hu et al., 2015) e o câncer de mama (Al Alem et al., 2014). Outros estudos apontaram frequências elevadas para, obesidade, doenças da vesícula biliar e artrite reumatóide em populações Nativo-americanas latinas, assim como prevalência mais baixa para asma e câncer de próstata, em comparação com populações de ancestralidade europeia (Price et al., 2007; Winkler et al., 2010).

Há duas razões potenciais para que determinadas variantes sejam relativamente comuns em um grupo populacional, mas ausentes em outras: uma variante recente que ainda não teve tempo de se dispersar (Mersha e Abebe, 2015); como um SNP associado à hemocromatose, comum na Europa mas raro em outras regiões (Rochette et al., 1999; Moalem et al., 2002); e a seleção natural em um ambiente específico (Mersha e Abebe, 2015). Este último pode ser exemplificado pela persistência da lactase na idade adulta em pastores da Etiópia, onde o consumo de leite continua além da infância (Bryony et al., 2013). Outro exemplo de seleção positiva é uma mutação em um gene da família de enzimas *fatty acid desaturases* (FADS), ligado ao metabolismo de gorduras poli-insaturadas, como o ômega 3 e verificadas em populações Inuit, da Groenlândia e em povos ameríndios atuais, que habitam o continente americano. O estudo apontou que esta mutação teria ocorrido antes da dispersão para as Américas (Amorim et al., 2017).

Por meio de variadas ferramentas, tais como *genome-wide association study* (GWAS), *admixture mapping* e exoma, uma notável diversidade genética relacionada à ancestralidade genética africana tem sido verificada. Tal diversidade genética revelou maior frequência de variantes raras em determinados grupos Afro-derivados quando comparados a populações ancestrais europeias, além de diferenças entre exomas de indivíduos de ancestralidade africana quando comparados aos indivíduos de ancestralidade europeia (Mersha e Abebe, 2015; Dumitrescu et al., 2015).

O tradicional estudo de coorte *Framingham Heart Study* (mencionado no capítulo anterior) tem sido fundamental para o avanço do entendimento da epidemiologia das doenças cardiovasculares. Esse estudo envolveu indivíduos de diferentes ancestralidades geográficas

(autodeclarada) em dois estudos coortes denominados OMNI1 e OMNI2, em 1994 e 2003, respectivamente, visando avaliar o papel da diversidade étnico-racial e a ocorrência de DCV. Nas três gerações anteriores ao estudo foi observada uma predominância de indivíduos de ancestralidade europeia (Tsao e Vasan, 2015). A Tabela 5.2 apresenta a constituição de cada coorte do *Framingham Heart Study* (FHS). Embora a grande maioria do coorte de *Framingham* envolva uma amostra de indivíduos de classe média e ascendência europeia, os resultados do estudo foram confirmados e ganharam uma aceitação universal.

Tabela 5.2 Característica das coortes do *Framingham Heart Study* (FHS)

Coorte	Total N	DNA N	Ancestralidade geográfica %				
			europeia	africana	Hispânica	Asiática	Outra
Original	5209	971	100	--	--	--	--
2ª geração	5124	3930	100	--	--	--	--
3ª geração	4095	4077	100	--	--	--	--
Cônjuges	103	101	100	--	--	--	--
OMNI1	507	493	--	28	42	24	6
OMNI2	410	407	--	28	42	24	6

Fonte: Adaptada de Tsao e Vasan (2015)

O conhecimento do padrão de associação entre a ancestralidade genética e diversos fatores de risco para doenças cardiovasculares, incluindo os fatores socioeconômicos e psicossociais, é relevante pois pode evitar que sejam atribuídos a variantes genéticas, diferenças para o risco de doença que são devidas a fatores não-genéticos que covariam com a ancestralidade. Por exemplo, um estudo envolvendo 157 indivíduos Afro-americanos de Tallahassee, Florida, nos Estados Unidos, utilizou uma análise conjunta que incluiu marcadores genéticos do tipo SNP, variantes previamente associadas à pressão arterial e dados socioculturais, incluindo dados sobre discriminação. As análises sugeriram uma relação entre genes associados à angústia psicossocial e perturbações do humor e o quadro de hipertensão (Quinlan et al., 2016). Apesar de complexa em populações miscigenadas, a relação ancestralidade genética/saúde tem sido investigada por meio de marcadores genéticos na população brasileira (Tabela 5.3).

Tabela 5.3 Estudos brasileiros que avaliaram o papel da ancestralidade genética em diversas condições associadas à saúde

População	Amostra	Marcador genético	Nº de marcadores	Tipo de estudo	Achados	Referência
Bahia (NE)	587	AIM	282 (SNP)	Caso-controle	Ancestralidade africana confere efeito protetor contra casos de dengue hemorrágica	Blanton et al., 2008
Bahia (NE)	517	AIM	10	Transversal	Os casos de infecção por HIV no Estado da Bahia não são influenciados pela ancestralidade genética e sim pelas condições socioeconômicas da população.	Abe-Sandes et al., 2010
Brasília (DF)	532	AIM	12	Caso-controle	Ancestralidade genética ameríndia confere efeito protetor contra início da doença de Alzheimer	Benedet et al., 2012
Brasília (DF)	176	AIM	23	Transversal	Ancestralidade genética europeia está associada à obesidade. Ancestralidade africana está associada à hiperlipidemia. Ancestralidade genética ameríndia está associada hipertrigliceridemia.	Lins et al., 2012
Norte, Nordeste, Sul e Sudeste	965	AIM	40	Transversal	A distribuição de polimorfismos em diversos genes associados à resposta farmacológica varia continuamente na população brasileira.	Suarez-Kurtz et al., 2012
Centro-Oeste, Nordeste, Sudeste	236	AIM	12	Caso-Controle	A contribuição genética europeia é elevada entre pacientes com neuromielite óptica e esclerose múltipla	Brum et al., 2013
São Paulo (SE)	112	AIM	90	Transversal	Ancestralidade genética africana confere efeito protetor contra doença de Alzheimer	Schlesinger et al., 2013
São Paulo (SE)	503	AIM	48	Transversal	Elevada contribuição genética ameríndia está associada a taxas de sobrevivência mais elevadas em pacientes com ICC	Cardena et al., 2014
Região Sudeste	30	AIM	40	Transversal	Ancestralidade africana foi associada a um pior prognóstico nos casos de glaucoma primário congênito	Rolim et al., 2014
Pará (N)	255	AIM	48	Caso-Controle	Ancestralidade genética ameríndia está associada à leucemia de células B na infância	Carvalho et al., 2015
São Paulo (SE)	448	AIM	48	Transversal	Uso de marcadores genéticos confirmou que diferenças socioeconômicas são relevantes nas taxas de tabagismo entre negros.	De Souza et al., 2015

População	Amostra	Marcador genético	Nº de marcadores	Tipo de estudo	Achados	Referência
Bambuú - Epigen (SE)	1272	AIM	370.539 (SNP)	Transversal	Ancestralidade genética não foi associada à hipertensão, mas sim ao status socioeconômico	Lima-Costa et al., 2015a
Bambuú - Epigen (SE)	1311	AIM	370.539 (SNP)	Transversal	Ancestralidade africana e ameríndia estão associados a resultados negativos para auto-avaliação de saúde	Lima-Costa et al., 2015b
ELSA (SE E NE)	5878	AIM	192	Transversal	Ancestralidade genética foi associada ao perfil lipídico, com ancestralidade ameríndia associada a níveis séricos mais baixos de HDL e a africana a níveis séricos mais baixos de HDL e triglicerídeos	Santos, 2015
Bahia (NE)	213	AIM	11	Caso-Controle	Estimativas de ancestralidade genética europeia mais elevadas entre os casos de câncer de próstata	Oliveira et al., 2016
São Paulo (SP)	362	AIM	101.348 (SNP)	Transversal	Ancestralidade africana está associada a piores parâmetros da função diastólica e ancestralidade ameríndia associada a piores padrões de contratilidade ventricular.	Bernadez-Pereira et al., 2016
Salvador (NE)	1190	AIM	370.539 (SNP)	Transversal	Associação negativa da ancestralidade africana com atopia se deve a fatores ambientais e/ou sociais que covariam com a ancestralidade.	Da Silva, 2016
Bambuú - Epigen (SE)	1341	AIM	370.539 (SNP)	Transversal	A infecção por <i>T. cruzi</i> foi fortemente associada à contribuição genética africana e ameríndia, e inversamente, associada à europeia	Lima-Costa et al., 2016
Bahia (NE)	20	AIM	8	Transversal	Ancestralidade genética europeia em indivíduos com Anemia falciforme	Nascimento et al., 2016
São Paulo (SE)	238	AIM	61	Caso-Controle	Ancestralidade africana foi independentemente associada à ocorrência de melasma facial	D' Elia et al., 2017
Minas Gerais (SE)	1453	AIM	900.000 (SNP)	Transversal	Ancestralidade ameríndia influencia no ciclo circadiano, com ancestralidade ameríndia associada à preferência diurna	Egan et al., 2017

Estudos prévios no Brasil apontaram elevada prevalência de hipertensão (Faerstein et al., 2014; Chor et al 2015), obesidade (Alves e Faerstein, 2016) e diabetes (Moretto et al., 2016) entre o grupo denominado negros com base na autoclassificação fenotípica. Dados sobre hipertensão coletados junto às comunidades quilombolas (Yeh et al., 2008; Bezerra et al., 2013a) tem gerado questões quanto à existência de peculiaridades na composição genética nestes grupos, principalmente em relação a outras doenças crônicas (Angeli et al 2011; Kimura et al., 2012). Na Tabela 5.3 não observamos estudos envolvendo populações tradicionais, porém como estas populações têm atravessado um rápido processo de transição epidemiológica, devido à mudança de estilo de vida, novos desafios para a saúde pública tem surgido (ver Capítulo 4).

O conhecimento sobre a influência da ancestralidade na ocorrência de doenças complexas ainda é limitado. Primeiro pela própria complexidade do componente étnico-racial, que acomoda uma série de elementos para sua definição, desde a classificação fenotípica até fatores culturais, como mostrado anteriormente. Segundo, que mesmo considerando uma dimensão biológica, a partir do estudo da variação genética, como definir a resposta resultante da interação dos fatores genéticos com os fatores ambientais. Diante desse contexto, estudos envolvendo comunidades tradicionais diminuem o viés do *background* social, econômico e cultural, permitindo identificar não somente as diferenças epidemiológicas e composição genética, mas indicando a importância de fatores não-genéticos, tais como ambiente e estilo de vida, que poderiam potencialmente explicar as mesmas observações, total ou parcialmente (Egan et al., 2016).

Grande parte dos estudos destacam a importância relativa dos fatores genéticos *versus* socioculturais na explicação das desigualdades em saúde. Contudo, poucos estudos integram dados genéticos e socioculturais (Gravlee et al., 2009; Quinlan et al., 2016). Na Figura 5.1 são representados elementos frequentemente utilizados na categorização de um grupo populacional e um exemplo de características utilizadas em um grupo populacional específico Afro-descendente, *quilombos*.

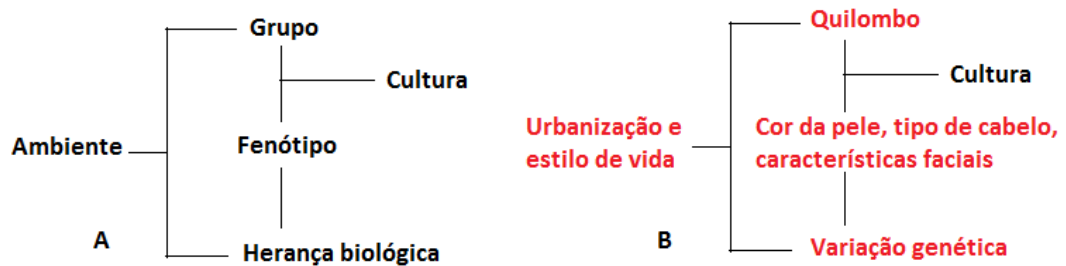


Figura 5.1 Elementos para caracterização de um grupo populacional. **A)** Esquema representativo de elementos utilizados na categorização de grupos étnico-raciais **B)** Exemplo de elementos utilizados no estudo de quilombos (presente estudo) (Adaptado de: Rebbeck e Sankar, 2005).

Considerando a histórica migração forçada de africanos para as Américas, nota-se que as comunidades Afro-Brasileiras oferecem uma oportunidade interessante de melhor entendermos a relação entre ancestralidade genética e as doenças complexas. Ressalta-se que uma revisão de artigos sobre a distribuição da variação genética humana e sua associação a diversos problemas de saúde em diferentes populações do mundo não constitui objetivo deste capítulo. Até mesmo porque grande parte desses estudos foram conduzidos com populações Afro-Americanas, como já mencionado.

5.2 OBJETIVOS

- ✓ Investigar a influência da autoclassificação fenotípica na distribuição e variação de fatores de risco (níveis pressóricos, parâmetros antropométricos e bioquímicos) para doenças cardiovasculares em comunidades quilombolas;
- ✓ Investigar a influência da ancestralidade genética na distribuição e variação de fatores de risco para doenças cardiovasculares nessas comunidades (níveis pressóricos, parâmetros antropométricos e bioquímicos);
- ✓ Avaliar se o status socioeconômico está associado às estimativas de ancestralidade genética.

5.3 MATERIAIS E MÉTODOS

5.3.1 Caracterização da sub-amostra

Como mencionado no Capítulo 1, da amostra total (n=347 indivíduos), foram selecionados 244 indivíduos não relacionados (coeficiente de parentesco máximo aceitável =1/16), com faixa etária de 24 a 87 anos. Os procedimentos e instrumentos utilizados na obtenção das amostras de sangue total estão descritos detalhadamente no Capítulo 1. As análises dos marcadores genéticos utilizados para o estudo estão descritas no Capítulo 3, enquanto as análises para obtenção dos fatores de risco (parâmetros socioeconômicos, antropométricos, níveis pressóricos e bioquímicos) são descritos no Capítulo 4.

A média de idade da amostra foi de $57,01 \pm 12,59$, incluindo 114 homens e 130 mulheres. As características dessa sub-amostra são mostradas na Tabela 5.4 e a distribuição dos parâmetros epidemiológicos foram similares aos resultados observados na amostra total apresentada no capítulo anterior (ver Capítulo 4), com a comunidade Kalunga apresentando melhores indicadores de saúde cardiovascular que as comunidades Cocalinho e Pé do Morro.

Tabela 5.4 Caracterização da sub-amostra quanto à distribuição dos fatores de risco associados a doenças cardiovasculares (Média ± DP para variáveis contínuas) e prevalência (%) para variáveis discretas nas comunidades avaliadas.

	Cocalinho n=54		Pé do Morro n= 58		Kalunga n=132		
	Média	DP	Média	DP	Média	DP	Valor p*
PAS	125,87	17,22	126,60	15,68	125,66	18,02	0,0102
PAD	76,388	10,49	82,19	10,27	78,48	10,97	<0,0001
IMC	28,80	6,57	28,72	5,37	23,86	3,89	<0,0001
CA	92,88	11,93	94,58	11,26	85,19	10,07	<0,0001
CA/E	0,59	0,07	0,62	0,07	0,52	0,07	<0,0001
COLT	204,04	34,45	206,77	48,30	184,55	33,85	<0,0001
TRI	157,94	86,78	134,28	86,87	103,58	56,58	<0,0001
LDL	132,18	32,07	132,67	33,56	104,33	28,61	<0,0001
HDL	41,81	13,39	50,14	28,50	59,35	11,79	<0,0001
NHDL	162,22	34,69	159,57	39,97	125,19	32,86	<0,0001
GLICO	107,07	68,78	93,63	30,20	89,52	18,56	0,1509
	N	%	N	%	N	%	
GAF	<hr/>						
1	8	14,81	12	20,69	5	3,85	<0,0001
2	23	42,59	29	50,00	17	13,08	
3	10	18,52	9	15,52	12	9,23	
4	13	24,07	8	13,79	96	73,85	
Tabagismo	<hr/>						
Não	40	74,07	44	75,86	77	59,69	0,0425
Sim	14	25,93	14	24,14	52	40,31	
Álcool	<hr/>						
Não	24	44,44	46	79,31	73	57,03	0,0005
Sim	30	55,56	12	20,69	55	42,97	
<hr/>							Correção de Bonferroni
							0,0033

*Teste não-paramétrico ANOVA/ Kruskal-Wallis, Valores p significativo ($p \leq 0,05$) estão em negrito, DP: desvio padrão

5.3.2 Análises estatísticas

Os dados foram analisados utilizando-se o software estatístico SAS, versão 9.4 (StataCorp.,CollegeStation, Estados Unidos). Foram realizadas análises descritivas, análises de correlação, análises de frequência, regressão robusta e análises de função discriminante, como apresentado no Capítulo 4.

As distribuições de frequência foram obtidas para as variáveis quantitativas para complementar a estatística descritiva. As variáveis quantitativas foram testadas quanto à normalidade com o teste de Shapiro-Wilk e testadas para as diferenças por testes paramétricos ou não-paramétricos. Comparações das médias foram realizadas utilizando-se ANOVA, teste de Kruskal-Wallis ou Wilcoxon. Como medida da intensidade da associação foram calculadas valores de *Odds ratio* com intervalo de 95% de confiança para avaliação da autoclassificação fenotípica e ancestralidade genética como possível risco para hipertensão, sobrepeso/obesidade e diabetes. Os níveis de significância foram verificados pelo teste qui-quadrado. Para os dados nos quais a frequência esperada foi menor que 5% foi utilizado o teste exato de Fisher. Para correções de análises múltiplas foi empregada a correção de Bonferroni para o grau de significância especificado ($\alpha = 5\%$).

Considerando cada comunidade com seu *background* epidemiológico, como mostrado no capítulo anterior, realizou-se uma análise múltipla utilizando-se modelos de análises de regressão robusta de forma a apontar a associação da autoclassificação fenotípica e ancestralidade genética na variação da pressão arterial sistólica, pressão arterial diastólica, índice de massa corporal e glicose. Foram elaborados quatro modelos para cada fenótipo (pressão arterial sistólica, pressão arterial diastólica, índice de massa corporal e glicemia) em cada uma das comunidades avaliadas. O modelo A não incluiu a variável status socioeconômico (SSE) e fatores comportamentais (grau de atividade física, tabagismo e consumo de álcool). O modelo B incluiu SSE, mas não incluiu os fatores comportamentais. O modelo C incluiu fatores comportamentais, mas não SSE, e finalmente o modelo D incluiu todas essas variáveis. Modelos de regressão robusta permitem eliminar o efeito de possíveis fatores de confusão na interpretação dos resultados, além de verificar em um conjunto de dados quais variáveis são independentemente associadas à variação dos fatores cardiovasculares. Para correções de análises múltiplas foi empregada a correção de Bonferroni para o grau de significância especificado ($\alpha = 5\%$).

Os modelos de regressão robusta incluíram a autoclassificação fenotípica (AC) (1 = Negro, 2= Misto e 3 = Outros) como variável independente, o que implica que coeficientes mais elevados indicam maior associação com a categoria Outros. Os modelos para PAS, PAD e GLICO também foram ajustados para o IMC e todos foram avaliados pelo coeficiente de determinação (R^2), que indicou o percentual de explicação do modelo e pelo Highest point breakdown value (HPBV), que indicou a robustez do teste estatístico.

Para a análise multivariada foi realizada uma análise de função discriminante, com o objetivo de verificar as variáveis com maior poder discriminante entre os grupos populacionais avaliados (ver Capítulo 4).

5.4 RESULTADOS

Buscando melhor compreender a participação do aspecto étnico-racial, investigamos a influência da autoclassificação fenotípica e da ancestralidade genética na prevalência e variação de fatores de risco associados a doenças cardiovasculares, apresentada nas próximas seções.

5.4.1 Estimativas de autoclassificação fenotípica e sua relação com fenótipos associados a doenças cardiovasculares

A maioria dos indivíduos envolvidos no estudo se autoclassificou como negros (122 - 50,62%) e mistos (102 - 4,32%) e a minoria se autoclassificou como brancos (14 - 5,81%) e ameríndios (3 - 1,24%). As Tabelas 5.5, 5.6 e 5.7 mostram a distribuição da média de cada variável quantitativa analisada de acordo com a autoclassificação fenotípica em cada comunidade. Nenhuma diferença significativa foi observada nas comunidades de Cocalinho e Pé do Morro, já em Kalunga valores mais baixos de glicose foram observados no grupo autoclassificado como negro e maiores valores em grupos autoclassificados mistos.

Tabela 5.5 Distribuição (média \pm desvio padrão) dos níveis pressóricos, parâmetros antropométricos e bioquímicos em cada categoria de autoclassificação fenotípica na comunidade Cocalinho.

Cocalinho					
Autoclassificação fenotípica					
Variáveis	Branco N=6	Negro N=31	Ameríndio N=2	Misto N=14	Valor p
PAS	121,00 \pm 23,45	125,39 \pm 12,27	120,00 \pm 14,14	130,28 \pm 24,37	0,9278
PAD	79,67 \pm 11,74	76,48 \pm 10,14	80,00 \pm 4,24	74,21 \pm 12,06	0,5637
IMC	26,01 \pm 3,64	29,54 \pm 7,49	25,05 \pm 0,35	28,73 \pm 5,78	0,2796
CA	87,67 \pm 5,61	93,82 \pm 12,03	86,50 \pm 3,53	93,50 \pm 14,44	0,3462
CA/E	0,56 \pm 0,05	0,61 \pm 0,07	0,55 \pm 0,001	0,59 \pm 0,09	0,2463
COLT	220,50 \pm 37,00	203,26 \pm 31,50	188,00 \pm 15,56	197,14 \pm 39,54	0,4056
TRI	155,16 \pm 59,94	153,58 \pm 70,68	97,00 \pm 1,41	165,28 \pm 121,91	0,8087
LDL	155,16 \pm 38,45	129,42 \pm 27,69	115,50 \pm 16,26	128,07 \pm 38,11	0,2505
HDL	34,33 \pm 5,92	43,23 \pm 14,18	53,00 \pm 1,41	41,50 \pm 13,49	0,2571
NHDL	186,16 \pm 37,43	160,03 \pm 29,92	135,00 \pm 16,97	155,64 \pm 38,17	0,1460
GLICO	158,33 \pm 180,53	102,42 \pm 43,23	85,50 \pm 12,02	99,93 \pm 31,68	0,8314
Correção de Bonferroni					0,0083

Testes de Kruskal-Wallis para comparação entre as categorias fenotípicas.

Tabela 5.6 Distribuição (média \pm desvio padrão) dos níveis pressóricos, parâmetros antropométricos e bioquímicos em cada categoria de autoclassificação fenotípica na comunidade Pé do Morro.

Pé do Morro					
Autoclassificação fenotípica					
Variáveis	Branco N=6	Negro N=19	Ameríndio	Misto N=33	Valor p
PAS	119,33 \pm 20,26	130,84 \pm 17,95	-	125,48 \pm 13,07	0,5228
PAD	82,16 \pm 14,81	85,21 \pm 11,32	-	80,45 \pm 8,54	0,2069
IMC	27,23 \pm 6,41	30,36 \pm 6,39	-	28,04 \pm 4,42	0,3665
CA	91,38 \pm 16,09	96,94 \pm 10,76	-	93,80 \pm 10,70	0,5874
CA/E	0,59 \pm 0,12	0,63 \pm 0,07	-	0,61 \pm 0,07	0,6805
COLT	217,16 \pm 35,58	204,11 \pm 40,65	-	206,42 \pm 54,81	0,7513
TRI	153,83 \pm 103,92	143,42 \pm 107,45	-	125,45 \pm 71,11	0,9445
LDL	137,16 \pm 29,66	124,50 \pm 27,26	-	136,30 \pm 37,20	0,4953
HDL	49,16 \pm 11,69	45,53 \pm 9,98	-	52,97 \pm 36,73	0,7565
NHDL	168,00 \pm 39,75	157,00 \pm 40,85	-	159,52 \pm 40,53	0,7754
GLICO	91,50 \pm 34,04	94,95 \pm 25,03	-	93,25 \pm 33,09	0,4292
Correção de Bonferroni					0,0167

Testes de Kruskal-Wallis para comparação entre as categorias fenotípicas.

Tabela 5.7 Distribuição (média \pm desvio padrão) dos níveis pressóricos, parâmetros antropométricos e bioquímicos em cada categoria de autoclassificação fenotípica na comunidade Kalunga.

Kalunga					
Autoclassificação fenotípica					
Variáveis	Branco N=2	Negro N=72	Ameríndio N=1	Misto N=55	Valor p
PAS	131,50 \pm 16,26	123,94 \pm 17,37	120,00	127,49 \pm 19,16	0,7581
PAD	78,50 \pm 16,26	78,16 \pm 9,45	80,00	78,41 \pm 12,43	0,9899
IMC	21,35 \pm 2,88	23,73 \pm 4,29	22,81	24,23 \pm 3,34	0,5772
CA	80,00 \pm 1,41	84,86 \pm 10,38	85,00	85,96 \pm 9,98	0,6996
CA/E	0,49 \pm 0,01	0,52 \pm 0,07	0,50	0,53 \pm 0,07	0,5645
COLT	204,50 \pm 41,72	185,53 \pm 33,83	118,00	183,38 \pm 33,63	0,2862
TRI	187,00 \pm 147,08	91,91 \pm 41,34	108,00	114,78 \pm 66,86	0,1271
LDL	109,50 \pm 16,26	106,49 \pm 29,88	35,00	102,18 \pm 26,48	0,2624
HDL	57,50 \pm 3,53	60,61 \pm 11,54	61,00	57,94 \pm 12,11	0,4518
NHDL	147,00 \pm 45,25	124,91 \pm 31,84	57,00	125,43 \pm 33,65	0,3129
GLICO	91,00 \pm 12,73	85,39 \pm 11,67	98,00	94,52 \pm 24,38	0,0054
Correção de Bonferroni					0,0083

Testes de Kruskal-Wallis para comparação entre as categorias fenotípicas.

Diante do baixo número de autoclassificados brancos e ameríndios, reunimos estes indivíduos no mesmo grupo a qual denominamos "Outros". Considerando a prevalência dos fatores em cada categoria de autoclassificação fenotípica, inicialmente verificou-se diferença significativa para a prevalência de diabetes, intolerância à glicose e níveis de triglicerídeos na comunidade de Kalunga. Os autoclassificados como "Outros" apresentaram maior proporção de intolerância à glicose e diabetes do que os autoclassificados como negros e mistos em Kalunga ($p=0,0185$). Além disso, autoclassificados negros e mistos apresentaram níveis mais baixos de triglicerídeos do que as outras categorias de autoclassificação ($p=0,0326$). Todavia, após correção de Bonferroni, nenhuma diferença significativa foi observada entre as categorias étnico-raciais. Os resultados estão apresentados na Tabela 5.8

Tabela 5.8 Prevalência dos fatores de risco para doenças cardiovasculares em cada categoria de autoclassificação fenotípica nas comunidades quilombolas avaliadas.

Variáveis	Cocalinho n (%)				Pé do Morro n (%)				Kalunga n (%)			
	Negro	Mistos	Outros	p	Negro	Misto	Outros	p	Negro	Misto	Outros	P
Hipertensão												
Hipertenso	15 (48,39)	6 (42,86)	3 (37,50)	0,8631	12 (63,16)	13 (39,39)	4 (66,67)	0,1888	20 (28,99)	18 (32,73)	1 (33,33)	0,8646
Normotenso	16 (51,61)	8 (57,14)	5 (62,50)		7 (36,84)	20 (60,61)	2 (33,33)		49 (71,01)	37 (67,27)	2 (66,67)	
Sobrepeso/Obesidade												
<25 (Kg/m ²)	5 (16,13)	4 (28,57)	4 (50,00)	0,1087	3 (15,79)	9 (27,27)	3 (50,00)	0,2253	46 (64,79)	36 (65,45)	3 (100,0)	0,7059
≥25 (Kg/m ²)	26 (83,87)	10 (71,43)	4 (50,00)		16 (84,21)	24 (72,73)	3 (50,00)		25 (35,21)	19 (34,55)	--	
CA												
Sobrepeso	23 (76,67)	9 (64,29)	6 (75,00)	0,6926	15 (78,95)	28 (84,85)	3 (50,00)	0,1798	20 (28,17)	19 (34,55)	--	0,4931
Normal	7 (23,33)	5 (35,71)	2 (25,00)		4 (21,05)	5 (15,15)	3 (50,00)		51 (71,83)	36 (65,45)	3 (100,00)	
CA/E												
Sobrepeso	28 (93,33)	12 (85,71)	8 (100,0)	0,6101	19 (100,0)	33 (100,0)	5 (83,33)	0,1034	42 (59,15)	36 (65,45)	2 (66,67)	0,8136
Normal	2 (6,67)	2 (14,29)	--		--	--	1 (16,67)		29 (40,85)	19 (34,55)	1 (33,33)	
Intolerância à glicose /Diabetes												
Alterado	9 (29,03)	6 (42,86)	2 (25,00)	0,6493	6 (31,58)	6 (18,18)	1 (16,67)	0,5283	6 (8,57)	14 (25,45)	1 (33,33)	0,0185
Normal	22 (70,97)	8 (57,14)	6 (75,00)		13 (68,42)	27 (81,82)	5 (83,33)		64 (91,43)	41 (74,55)	2 (66,67)	
Dislipidemias												
COLT												
<200 mg/dL	14 (45,16)	9 (64,29)	4 (50,00)	0,5423	10 (52,63)	12 (36,36)	1 (16,67)	0,2574	51 (72,86)	38 (69,09)	2 (66,67)	0,8639
≥200 mg/dL	17 (54,84)	5 (35,71)	4 (50,00)		9 (47,37)	21(63,64)	5(83,33)		19 (27,14)	17 (30,91)	1 (33,33)	
TRI												
<200mg/dL	24 (77,42)	9 (64,29)	6 (75,00)	0,6885	15 (78,95)	26 (78,79)	3 (50,00)	0,2920	69 (98,57)	51 (92,72)	2 (66,67)	0,0326
≥200 mg/dL	7 (22,58)	5 (35,71)	2 (25,00)		4 (21,05)	7 (21,21)	3 (50,00)		1 (1,43)	4 (7,27)	1 (33,33)	
LDL												
<160 mg/dL	24(77,42)	10 (71,43)	5(62,50)	0,6885	16(84,21)	25(75,76)	4(66,67)	0,6535	67(95,71)	53(98,15)	3(100,00)	0,6656
≥160 mg/dL	7(22,58)	4(28,57)	3(37,50)		3(15,79)	8(24,24)	2(33,33)		3(4,29)	1(1,85)	--	
HDL												
<40 mg/dL	16 (51,61)	8 (57,14)	4(50,00)	0,9295	15(78,95)	24(72,73)	5(83,33)	0,9045	70 (100,)	54 (98,18)	3(100,0)	0,4531
≥40 mg/dL	15 (48,39)	6(42,86)	4(50,00)		4(21,05)	9(27,27)	1(16,67)		--	1(1,82)	--	
NHDL												
<160 mg/dL	16 (51,61)	10(71,43)	4(50,00)	0,4326	10(52,63)	16(48,48)	3(50,00)	1,0000	62(88,57)	48(87,27)	3(100,00)	1,000
≥ 160 mg/dL	15 (48,39)	4(28,57)	4(50,00)		9(47,37)	17(51,52)	3(50,00)		8(11,43)	7(12,73)	--	
Correção de Bonferroni												0,0167

A autoclassificação fenotípica não foi associada ao risco para hipertensão, sobrepeso/obesidade e intolerância à glicose/diabetes nas comunidades Cocalinho (Tabela 5.9) e Pé do Morro (Tabela 5.10). Observou-se que a categoria de autoclassificação negra representou um fator de proteção quando relacionado à ocorrência de intolerância à glicose e diabetes em Kalunga, enquanto indivíduos autoclassificados como mistos apresentaram três vezes mais chance de apresentar níveis glicêmicos alterados do que as demais categorias étnico-raciais (Tabela 5.11).

Tabela 5.9 Análise da autoclassificação fenotípica entre hipertensos e não hipertensos das comunidades quilombolas avaliadas.

Cocalinho	Hipertensos	Normotensos	OR	IC	Valor p
Negro	15	16	1,35	0,39-4,73	0,796
Mistos	6	8	0,88	0,22-3,52	1,000
Outros	3	5	0,69	0,11-3,90	0,925
Pé do Morro					
Negro	12	7	2,22	0,63-8,00	0,263
Mistos	13	29	0,37	0,11-1,22	0,112
Outros	4	2	2,16	0,29-18,86	0,670
Kalunga					
Negro	20	49	0,84	0,37-1,91	0,701
Mistos	18	37	1,18	0,52-2,70	0,813
Outros	1	2	1,13	0,04-16,65	1,000

OR: *odds* ratio; IC: intervalo de confiança

Tabela 5.10 Análise da autoclassificação fenotípica entre indivíduos com IMC<25 (Kg/m²) e ≥25 (Kg/m²) das comunidades quilombolas avaliadas.

Cocalinho	IMC<25	≥25 (Kg/m²)	OR	IC	Valor p
Negro	5	26	0,34	0,07-1,44	0,114
Mistos	4	10	1,33	0,27-6,35	0,725
Outros	4	4	4,00	0,66-24,96	0,090
Pé do Morro					
Negro	3	16	0,42	0,08-1,98	0,340
Mistos	9	24	1,18	0,31-4,63	1,000
Outros	3	3	3,33	0,45-24,88	0,172
Kalunga					
Negro	46	25	0,89	0,40-1,98	0,853
Mistos	36	19	0,97	0,43-1,15	1,000
Outros	3	--	--	--	--

OR: *odds* ratio; IC: intervalo de confiança

Tabela 5.11 Análise da autoclassificação fenotípica entre indivíduos com intolerância à glicose/Diabetes e glicemia dentro da normalidade das comunidades quilombolas avaliadas.

Cocalinho	Aumentado	Normal	OR	IC	Valor p
Negro	9	22	0,72	0,19-2,67	0,766
Mistos	6	8	1,91	0,45-8,12	0,336
Outros	2	6	0,67	0,08-4,42	1,000
Pé do Morro					
Negro	6	13	2,11	0,50-8,94	0,318
Mistos	6	27	0,57	0,14-2,32	0,526
Outros	1	5	0,66	0,02-7,09	1,000
Kalunga					
Negro	6	64	0,27	0,08-0,82	0,015
Mistos	14	41	3,22	1,09-9,71	0,028
Outros	1	2	2,62	0,08-39,85	0,419

OR: *odds ratio*; IC: intervalo de confiança

Considerando cada comunidade com seu *background* epidemiológico, como mostrado no capítulo anterior, realizou-se uma análise múltipla utilizando-se modelos de análises de regressão robusta. Os resultados obtidos das análises de regressão robusta foram apresentados com base na estimativa do coeficiente de regressão (B) a 95% de intervalo de confiança para cada variável independente participante do modelo estatístico testado. O intercepto é um parâmetro que estima a variável dependente se todas as variáveis independentes tomarem um valor zero. Cada modelo estatístico foi avaliado de acordo com coeficiente de determinação (R^2), que indicou o percentual de explicação pelo conjunto de variáveis independentes e pelo *Highest point breakdown value* (HPBV), que indicou a robustez do teste estatístico aplicado ao conjunto de dados avaliado.

A Tabela 5.12 apresenta os modelos estatísticos definidos nesse trabalho para a busca de associação entre as variações e o fenótipo PAS. Do modelo A para o modelo D, observou-se um aumento do R^2 , isso e, indicando maior explicação da variação de PAS. Destaca-se a relevância dos fatores comportamentais na variação da pressão arterial sistólica em Cocalinho. Por exemplo, o GAF se mostrou uma variável independente inversamente associada à variação da pressão, isto é, para cada incremento no GAF, houve uma diminuição de 4,8080 nos níveis de PAS. Já o consumo de álcool foi diretamente associado aos níveis de PAS. Ainda na mesma tabela, observamos que o IMC foi uma variável significativamente relevante na explicação da variação da pressão arterial em todos os modelos testados para a comunidade Pé do Morro, enquanto em Kalunga, a idade foi mais relevante nessa explicação. Portanto, valores mais elevados de IMC estão associados a níveis mais elevados de pressão

arterial sistólica em Pé do Morro. Em Kalunga, a idade está diretamente associada ao aumento da pressão arterial sistólica. Embora os modelos C e D tenham explicado melhor a variação da pressão arterial em Pé do Morro e Kalunga do que os modelos A e B, a proporção de explicação foi menor que a de Cocalinho. A autoclassificação fenotípica não se mostrou uma variável preditora em nenhum dos modelos testados para pressão arterial sistólica.

Na Tabela 5.13 são apresentados os resultados referentes à variação da pressão arterial diastólica (PAD). Como observado para a PAS, os modelos C e D explicaram melhor a variação da PAD em todas as comunidades, o que indica a relevante participação dos fatores comportamentais no comportamento da pressão da arterial. Em Cocalinho, o IMC se destacou como variável preditora da variação de PAD em todos os modelos testados, assim como álcool nos modelos C e D. Ressalta-se que o sexo masculino foi diretamente associado à variação de PAD nos modelos A e C, enquanto a idade no modelo D. Portanto, ser do sexo masculino, ter níveis elevados de IMC, consumir álcool e apresentar idade mais avançada são indicativos de níveis mais elevados da PAD. Em Pé do Morro, níveis mais baixos de GAF parecem explicar melhor a variação de PAD. Em Kalunga, nenhuma variável se mostrou estatisticamente preditora da variação de PAD. A autoclassificação fenotípica também não se mostrou uma variável preditora em nenhum dos modelos testados para pressão arterial diastólica.

Na Tabela 5.14 os modelos C e D explicaram melhor a variação de IMC que A e B, tanto em Cocalinho quanto Pé do Morro, o que também destaca a participação dos fatores comportamentais na determinação do sobrepeso e obesidade, contudo nenhuma variável se mostrou preditora do comportamento do IMC. Em Kalunga, os modelos B e D explicaram melhor a variação de IMC. Na Tabela 5.15, os modelos C e D explicaram melhor a variação de glicose em todas as comunidades. Em Kalunga, a autoclassificação fenotípica se mostrou uma variável preditora dos níveis de glicose, indicando que autoclassificados não afro-descendentes são associados a níveis mais elevados de glicemia, como observado na comparação das médias e resultados por *odds ratio*. É notável que tanto a análise univariada quanto a análise múltipla mostraram o mesmo resultado.

Tabela 5.12 Associação entre a variação dos níveis de pressão arterial sistólica (PAS) e fatores de risco selecionados para três comunidades quilombolas com base nos coeficientes de regressão (B) e determinação (R^2) obtidos considerando quatro diferentes modelos de regressão.

Variáveis	Modelo A		Modelo B		Modelo C		Modelo D	
	B	p	B	p	B	p	B	p
Cocalinho								
Constante	92,3853	<0,0001	89,3155	<0,0001	108,7952	<0,0001	103,2230	<0,0001
Idade (anos)	0,2549	0,0356	0,2502	0,0426	0,2643	0,0342	0,2673	0,0339
Sexo	3,1274	0,3644	3,3527	0,3461	4,7800	0,1619	4,8702	0,1582
AC	1,1011	0,6399	1,1978	0,6173	0,6052	0,7770	0,8187	0,7093
IMC	0,5757	0,0268	0,5733	0,0291	0,2888	0,2134	0,2850	0,2235
SSE	--	--	0,2134	0,7578	--	--	0,3097	0,6090
GAF	--	--	--	--	-4,8080	0,0032	-4,6650	0,0052
Tabagismo	--	--	--	--	-7,0109	0,0496	-7,0105	0,0516
Álcool	--	--	--	--	9,3799	0,0048	9,7642	0,0045
p ajustado		0,01		0,0083		0,0063		0,0055
HPBV	0,2453		0,2453		0,2264		0,2264	
R2	34,17%		35,79%		63,27%		63,69%	
Pé do Morro								
Constante	86,7188	<0,0001	84,1870	<0,0001	94,1279	<0,0001	85,9250	<0,0001
Idade (anos)	0,1550	0,3250	0,0211	0,8694	0,1312	0,4654	0,1238	0,4577
Sexo	8,0992	0,0214	6,8092	0,0212	5,7887	0,1360	3,9059	0,2936
AC	-1,3966	0,6314	0,3799	0,8745	-2,3003	0,4188	0,3867	0,8886
IMC	0,9880	0,0024	0,7922	0,0040	0,9333	0,0043	0,7116	0,0218
SSE	--	--	0,8449	0,1432	--	--	0,5188	0,4449
GAF	--	--	--	--	-1,6369	0,4772	0,0200	0,9930
Tabagismo	--	--	--	--	1,0357	0,8174	3,0983	0,4758
Álcool	--	--	--	--	5,0066	0,2927	0,9529	0,8387
p ajustado		0,01		0,0083		0,0063		0,0055
HPBV	0,2414		0,2414		0,2414		0,2241	
R2	25,53%		29,11%		42,48%		40,51%	
Kalunga								
Constante	76,9551	<0,0001	78,1591	<0,0001	76,6874	<0,0001	67,7087	<0,0001
Idade (anos)	0,3971	0,0007	0,4220	0,0004	0,4472	0,0002	0,4979	<0,0001
Sexo	-1,7338	0,5213	-1,4043	0,6033	-1,0808	0,6975	0,5664	0,8328
AC	3,1822	0,1860	2,5920	0,2907	1,8388	0,4406	2,4167	0,3043
IMC	0,8442	0,0158	0,8738	0,0123	0,7238	0,0445	0,8904	0,0101
SSE	--	--	-0,2527	0,5471	--	--	-0,0623	0,8820
GAF	--	--	--	--	0,5804	0,7181	0,8234	0,5951
Tabagismo	--	--	--	--	1,9448	0,4872	1,5621	0,5697
Álcool	--	--	--	--	-1,1077	0,6999	-1,2764	0,6489
p ajustado		0,01		0,0083		0,0063		0,0055
HPBV	0,2460		0,2480		0,2459		0,2397	
R2	25,25%		25,90%		27,91%		30,23%	

B: coeficiente de regressão; p: valor p; AC: autotaxonomia; HPBV: Highest point breakdown value; Modelo A (idade, sexo, autotaxonomia fenotípica, IMC); Modelo B (idade, sexo, autotaxonomia fenotípica, IMC, SSE); Modelo C (idade, sexo, autotaxonomia fenotípica, IMC, GAF, tabagismo, álcool); Modelo D (idade, sexo, autotaxonomia fenotípica, IMC, SSE, GAF, tabagismo, álcool).

Tabela 5.13 Associação entre a variação dos níveis de pressão arterial diastólica (PAD) e fatores de risco selecionados para três comunidades quilombolas com base nos coeficientes de regressão (B) e determinação (R^2) obtidos considerando quatro diferentes modelos de regressão.

Variáveis	Modelo A		Modelo B		Modelo C		Modelo D	
Cocalinho	B	p	B	P	B	p	B	p
Constante	47,3169	<0,0001	62,5068	<0,0001	19,0684	0,1295	28,7544	0,0729
Idade (anos)	0,0681	0,4402	0,0773	0,4072	0,3174	0,0016	0,3111	0,0020
Sexo	8,9340	0,0006	6,8751	0,0136	8,1419	0,0014	7,9777	0,0018
AC	0,2093	0,9019	0,4547	0,7984	2,3052	0,1372	1,9538	0,2201
IMC	0,7522	0,0027	0,7665	0,0036	0,8511	0,0002	0,8324	0,0003
SSE	--	--	-1,0214	0,0530	--	--	-0,4694	0,3297
GAF	--	--	--	--	3,1277	0,0216	2,7801	0,0483
Tabagismo	--	--	--	--	-4,5161	0,0889	-4,4991	0,0903
Álcool	--	--	--	--	8,7840	0,0004	8,0501	0,0018
p ajustado	0,01		0,0083		0,0063		0,0055	
HPBV	0,2453		0,2453		0,2264		0,2264	
R2	29,82%		41,60%		55,46%		55,69%	
Pé do Morro	B	p	B	P	B	p	B	p
Constante	87,1113	<0,0001	90,0362	<0,0001	104,1775	<0,0001	103,8061	<0,0001
Idade (anos)	-0,0315	0,6318	-0,0274	0,6790	-0,1074	0,1665	-0,1424	0,1674
Sexo	-3,1152	0,0603	-3,2963	0,0497	-4,5051	0,0201	-0,4295	0,8617
AC	-0,8031	0,5608	-0,5857	0,6783	-2,1801	0,1177	-4,2195	0,0202
IMC	-0,0551	0,7179	-0,0378	0,8069	-0,1890	0,2270	0,1158	0,5578
SSE	--	--	-0,2701	0,4163	--	--	-0,1394	0,7264
GAF	--	--	--	--	-3,1821	0,0037	-3,7411	0,0079
Tabagismo	--	--	--	--	2,9469	0,1647	1,1293	0,6850
Álcool	--	--	--	--	3,7723	0,0877	3,7103	0,1861
p ajustado	0,01		0,0083		0,0063		0,0055	
HPBV	0,2414		0,2414		0,2414		0,2241	
R2	16,40%		18,36%		24,98%		21,84%	
Kalunga	B	p	B	P	B	p	B	p
Constante	62,7681	<0,0001	61,0257	<0,0001	61,1230	<0,0001	60,4893	<0,0001
Idade (anos)	0,1440	0,0388	0,1453	0,0390	0,1633	0,0309	0,1432	0,0507
Sexo	-2,5447	0,1120	-2,2852	0,1524	-2,7557	0,1142	-2,8048	0,0938
AC	1,2327	0,3895	1,2145	0,4040	1,3207	0,3803	1,0000	0,4987
IMC	0,2836	0,1754	0,2909	0,1628	0,2862	0,2120	0,2834	0,1973
SSE	--	--	0,1578	0,5320	--	--	0,2533	0,3391
GAF	--	--	--	--	-0,2747	0,7854	-0,2534	0,7948
Tabagismo	--	--	--	--	1,9573	0,2695	1,3828	0,4221
Álcool	--	--	--	--	2,3737	0,1859	2,3324	0,1771
p ajustado	0,01		0,0083		0,0063		0,0055	
HPBV	0,2460		0,2480		0,2459		0,2379	
R2	7,69%		7,69%		14,17%		17,04%	

B: coeficiente de regressão; p: valor p; AC: autoclassificação; HPBV: Highest point breakdown value; Modelo A (idade, sexo, autoclassificação fenotípica, IMC); Modelo B (idade, sexo, autoclassificação fenotípica, IMC, SSE); Modelo C (idade, sexo, autoclassificação fenotípica, IMC, GAF, tabagismo, álcool); Modelo D (idade, sexo, autoclassificação fenotípica, IMC, SSE, GAF, tabagismo, álcool)

Tabela 5.14 Associação entre a variação do índice de massa corporal (IMC) e fatores de risco selecionados para três comunidades quilombolas com base nos coeficientes de regressão (B) e determinação (R^2) obtidos considerando quatro diferentes modelos de regressão.

Variáveis	Modelo A		Modelo B		Modelo C		Modelo D	
Cocalinho	B	P	B	P	B	P	B	p
Constante	31,1229	<0,0001	31,1604	<0,0001	33,8287	<0,0001	34,1787	<0,0001
Idade (anos)	-0,0365	0,3449	-0,0364	0,3572	-0,0461	0,3574	-0,0464	0,3613
Sexo	-0,7411	0,5235	-0,7448	0,5406	-0,0221	0,9873	-0,0312	0,9824
AC	-0,8667	0,2372	-0,8674	0,2439	-1,1013	0,1637	-1,1122	0,1707
IMC	--	--	--	--	--	--	--	--
SSE	--	--	-0,0026	0,9908	--	--	-0,0186	0,9376
GAF	--	--	--	--	-0,7490	0,2718	-0,7596	0,2797
Tabagismo	--	--	--	--	-1,7624	0,1808	-1,7601	0,1866
Álcool	--	--	--	--	0,4983	0,6935	0,4737	0,7191
p ajustado	0,01		0,0083		0,0063		0,0055	
HPBV	0,2453		0,2453		0,2453		0,2264	
R2	18,96%		22,59%		44,81%		39,40%	
Pé do Morro	B	P	B	P	B	P	B	p
Constante	30,8893	<0,0001	31,1851	<0,0001	36,0928	<0,0001	35,9104	<0,0001
Idade (anos)	-0,0060	0,9104	-0,0172	0,7664	-0,0542	0,4130	-0,0540	0,4208
Sexo	-0,3265	0,7857	-0,6646	0,6118	-0,3018	0,8278	-0,2894	0,8405
AC	-1,2608	0,1955	-1,1754	0,2659	-1,2661	0,2176	-1,2678	0,2221
IMC	--	--	--	--	--	--	--	--
SSE	--	--	0,0422	0,8701	--	--	0,0103	0,9694
GAF	--	--	--	--	-0,9144	0,2788	-0,9046	0,3095
Tabagismo	--	--	--	--	-1,9690	0,2199	-1,9851	0,2359
Álcool	--	--	--	--	2,4417	0,1547	2,4277	0,1706
p ajustado	0,01		0,0083		0,0063		0,0055	
HPBV	0,2586		0,2414		0,2414		0,2414	
R2	9,93%		19,52%		23,91%		30,13%	
Kalunga	B	P	B	P	B	P	B	P
Constante	27,1120	<0,0001	27,4950	<0,0001	26,7744	<0,0001	28,4516	<0,0001
Idade (anos)	-0,0587	0,0364	-0,0572	0,0470	-0,0561	0,0492	-0,0574	0,0444
Sexo	-0,9272	0,1567	-0,9511	0,1500	-0,5365	0,4289	-0,6879	0,3090
AC	0,3259	0,5799	0,3028	0,6161	0,3528	0,5463	0,1449	0,8073
IMC	--	--	--	--	--	--	--	--
SSE	--	--	-0,0462	0,6650	--	--	-0,1014	0,3562
GAF	--	--	--	--	0,2459	0,5277	0,1215	0,7559
Tabagismo	--	--	--	--	-1,5384	0,0197	-1,5125	0,0227
Álcool	--	--	--	--	-0,6167	0,3767	-0,4310	0,5374
p ajustado	0,01		0,0083		0,0063		0,0055	
HPBV	0,2500		0,2520		0,2419		0,2439	
R2	8,95%		13,10%		10,61%		14,96%	

B: coeficiente de regressão; p: valor p; AC: autoclassificação; HPBV: Highest point breakdown value ; Modelo A (idade, sexo, autoclassificação fenotípica, IMC); Modelo B (idade, sexo, autoclassificação fenotípica, IMC, SSE); Modelo C (idade, sexo, autoclassificação fenotípica, IMC, GAF, tabagismo, álcool); Modelo D (idade, sexo, autoclassificação fenotípica, IMC, SSE, GAF, tabagismo, álcool).

Tabela 5.15 Associação entre a variação dos níveis de glicose (GLICO) e fatores de risco selecionados para três comunidades quilombolas com base nos coeficientes de regressão (B) e determinação (R^2) obtidos considerando quatro diferentes modelos de regressão.

Variáveis	Modelo A		Modelo B		Modelo C		Modelo D	
Cocalinho	B	p	B	P	B	P	B	p
Constante	79,1115	<0,0001	61,9042	<0,0001	72,7187	<0,0001	37,1257	0,0932
Idade (anos)	0,2017	0,0877	0,2245	0,0549	0,2537	0,0992	0,3815	0,0108
Sexo	-2,8109	0,4282	-1,1673	0,7417	-4,4061	0,3430	-4,6444	0,2812
AC	-0,0863	0,9711	1,5473	0,5193	0,6029	0,8269	3,8777	0,1657
IMC	0,0330	0,8970	0,0543	0,8252	0,0379	0,8898	0,0360	0,8873
SSE	--	--	0,8460	0,2009	--	--	1,3135	0,0662
GAF	--	--	--	--	0,6648	0,7458	1,5356	0,4368
Tabagismo	--	--	--	--	0,4166	0,9266	-0,5637	0,8935
Álcool	--	--	--	--	2,2799	0,5927	7,3643	0,0894
p ajustado	0,01		0,0083		0,0063		0,0055	
HPBV	0,2453		0,2453		0,2264		0,2264	
R2	33,41%		39,53%		29,92%		38,28%	
Pé do Morro	B	p	b	P	B	p	B	p
Constante	87,9084	<0,0001	87,0148	<0,0001	83,7848	<0,0001	81,4500	0,0001
Idade (anos)	-0,0986	0,4836	-0,0986	0,4882	-0,1244	0,4755	-0,1233	0,4848
Sexo	3,4741	0,2605	3,5289	0,2647	4,7372	0,1588	4,9226	0,1598
AC	-3,2946	0,2001	-3,3165	0,2035	-2,6244	0,3191	-2,6225	0,3249
IMC	0,2508	0,3715	0,2498	0,3789	0,4127	0,1561	0,4114	0,1621
SSE	--	--	0,0635	0,9158	--	--	0,1375	0,8255
GAF	--	--	--	--	0,1791	0,9345	0,3017	0,8944
Tabagismo	--	--	--	--	2,7532	0,4890	2,5326	0,5413
Álcool	--	--	--	--	-7,1357	0,0786	-7,3376	0,0809
p ajustado	0,01		0,0083		0,0063		0,0055	
HPBV	0,2456		0,2456		0,2281		0,2281	
R2	6,82%		6,95%		22,39%		22,48%	
Kalunga	B	p	B	P	B	p	B	p
Constante	54,2870	<0,0001	50,3727	<0,0001	49,5241	<0,0001	40,8266	0,0003
Idade (anos)	0,1973	0,0191	0,1781	0,0363	0,2269	0,0094	0,2338	0,0089
Sexo	-0,4916	0,8001	-0,4587	0,8133	-0,8686	0,6718	-0,6747	0,7471
AC	5,9072	0,0006	6,4026	0,0003	6,2960	0,0003	6,5511	0,0003
IMC	0,5869	0,0191	0,5698	0,0227	0,6518	0,0140	0,6554	0,0155
SSE	--	--	0,4914	0,1007	--	--	0,6340	0,0515
GAF	--	--	--	--	0,3708	0,7543	0,8854	0,4681
Tabagismo	--	--	--	--	2,9497	0,1501	3,0762	0,1461
Álcool	--	--	--	--	-2,9702	0,1532	-2,7084	0,2026
p ajustado	0,01		0,0083		0,0063		0,0055	
HPBV	0,2520		0,2460		0,2439		0,2377	
R2	14,11%		13,18%		27,74%		29,33%	

B: coeficiente de regressão; p: valor p; AC: autoclassificação; HPBV: Highest point breakdown value ; Modelo A (idade, sexo, autoclassificação fenotípica, IMC); Modelo B (idade, sexo, autoclassificação fenotípica, IMC, SSE); Modelo C (idade, sexo, autoclassificação fenotípica, IMC, GAF, tabagismo, álcool); Modelo D (idade, sexo, autoclassificação fenotípica, IMC, SSE, GAF, tabagismo, álcool).

5.4.2 Estimativas de ancestralidade genética e sua relação com fenótipos associados a doenças cardiovasculares

Com base nos níveis pressóricos, parâmetros antropométricos e bioquímicos, observou-se correlação positiva significativa entre ancestralidade genética africana e HDL em Cocalinho e Kalunga, enquanto em Pé do Morro foi observada correlação positiva entre ancestralidade africana, CA/E e os níveis de glicose. A ascendência genética europeia foi correlacionada a níveis mais elevados de NHDL em Cocalinho, enquanto em Kalunga foi observada correlação negativa significativa entre CA, CA/E, TRI e ancestralidade africana. Portanto, as estimativas de ancestralidade africana foram inversamente associadas às variáveis CA, CA/E e triglicérides em Kalunga. Em Cocalinho as estimativas de ancestralidade africana foram inversamente associados os níveis séricos de LDL e NHDL. Nenhuma correlação significativa foi observada entre a ascendência ameríndia e os fenótipos estudados (Tabela 5.16).

Tabela 5.16 Correlação entre as estimativas de ancestralidade genética e fenótipos associados a doenças cardiovasculares

Variáveis	Cocalinho N=52			Pé do Morro N=56			Kalunga N=123		
	Ancestralidade			Ancestralidade			Ancestralidade		
	Africano	Ameríndia	Europeu	Africano	ameríndia	Europeu	Africano	Ameríndia	Europeu
PAS	0,16860	-0,02140	-0,16521	0,07902	0,00687	-0,16501	-0,06668	-0,01047	0,05950
	0,2322	0,8803	0,2418	0,5627	0,9599	0,2243	0,4637	0,9085	0,5133
PAD	0,00899	0,03681	-0,00810	0,20241	-0,08974	-0,14465	0,03190	-0,01739	-0,03869
	0,9496	0,7956	0,9545	0,1346	0,5107	0,2875	0,7262	0,8486	0,6709
IMC	-0,00346	-0,00243	0,07535	0,21553	0,12312	-0,29137	-0,16620	0,09581	0,16429
	0,9806	0,9863	0,5955	0,1106	0,3660	0,0294	0,0662	0,2918	0,0694
CA	-0,07236	0,12811	0,04279	0,26130	-0,02180	-0,24519	-0,26986	0,12679	0,27669
	0,6102	0,3654	0,7633	0,0517	0,8733	0,0686	0,0025	0,1623	0,0019
CA/E	-0,01398	0,03149	0,05404	0,27808	-0,02907	-0,25238	-0,19459	0,13634	0,17752
	0,9216	0,8246	0,7036	0,0380	0,8316	0,0606	0,0310	0,1327	0,0495
COLT	-0,22245	-0,00316	0,18684	0,00398	-0,09209	0,06183	-0,11164	0,01720	0,13124
	0,1129	0,9823	0,1848	0,9768	0,4997	0,6508	0,2190	0,8503	0,1479
TRI	-0,25218	-0,16948	0,24905	0,01877	0,12152	-0,02803	-0,25873	0,16736	0,25690
	0,0713	0,2297	0,0750	0,8908	0,3723	0,8375	0,0039	0,0643	0,0041
LDL	-0,28346	0,05285	0,21939	0,08150	-0,04600	-0,02567	-0,06848	-0,00785	0,07517
	0,0417	0,7098	0,1181	0,5504	0,7364	0,8510	0,4517	0,9313	0,4086
HDL	0,34027	0,14011	-0,33365	-0,17235	-0,14088	0,19284	0,17794	-0,10391	-0,16277
	0,0136	0,3219	0,0156	0,2040	0,3004	0,1545	0,0490	0,2527	0,0720
NHDL	-0,33575	-0,03429	0,28146	0,07529	-0,03082	-0,01378	-0,15403	0,03421	0,16689
	0,0150	0,8093	0,0432	0,5813	0,8216	0,9197	0,0889	0,7072	0,0650
GLICO	0,08090	-0,03169	-0,00301	0,27002	0,12709	-0,35595	-0,09720	0,00317	0,10528
	0,5686	0,8235	0,9831	0,0442	0,3506	0,0071	0,2848	0,9723	0,2465

Coefficiente de correlação de Spearman (rs) acima e valores de $p \leq 0,05$ abaixo. Correlações significativas em negrito. PAS (pressão arterial sistólica), PAD (Pressão arterial diastólica), IMC (Índice de massa corporal), CA (circunferência abdominal), CA/E (razão circunferência abdominal e estatura), COLT (colesterol total), TRI (triglicérides), LDL (lipoproteína de baixa densidade), HDL (lipoproteína de alta densidade), NHDL (lipoproteínas que não apresentam alta densidade), GLICO (glicose).

Para melhor visualização, distribuimos as médias dos fenótipos em três faixas de ancestralidade. Estimativas mais elevadas de ancestralidade africana (>40%) foram associadas a níveis mais elevados de HDL em Cocalinho (Tabela 5.17). Não houve diferença significativa entre as faixas de ancestralidade em Pé do Morro, enquanto em Kalunga observou-se diferença significativa para o fenótipo nível de triglicédeos. Indivíduos com maior estimativa de ascendência africana apresentaram níveis mais baixos de triglicédeos. (Tabelas 5.18 e 5.19). Ressalta-se que em Cocalinho, níveis mais baixos de triglicédeos e NHDL foram associados a estimativas mais elevadas de ancestralidade africana, porém após correção de Bonferroni, tal associação não se manteve.

Tabela 5.17 Distribuição dos fenótipos (média±desvio padrão) de acordo com faixas de ancestralidade africana em Cocalinho.

Cocalinho N=54				
Ancestralidade africana %				
Variáveis	<20	20-40	>40	p
PAS	116,50±17,06	132,61±22,21	124,81±10,91	0,0785
PAD	72,80±8,75	80,00±12,31	75,27±9,32	0,3346
IMC	29,08±8,29	29,35±3,98	28,31±7,44	0,4069
CA	93,50±17,97	96,18±9,19	90,25±10,59	0,1013
CA/E	0,61±0,12	0,61±0,05	0,57±0,06	0,2536
COLT	207,90±47,65	214,50±30,52	195,31±30,03	0,2576
TRI	217,80±109,82	170,94±84,13	125,92±64,72	0,0312
LDL	139,44±47,28	141,38±25,41	123,31±28,69	0,0821
HDL	33,90±10,46	38,83±11,27	46,92±14,00	0,0120
NHDL	174,00±43,92	175,67±32,51	148,38±27,45	0,0296
GLICO	101,30±38,79	102,33±48,83	112,57±88,34	0,9360
Correção de Bonferroni				0,0167

Testes de Kruskal-Wallis para comparação entre as faixas de ancestralidade.

Tabela 5.18 Distribuição dos fenótipos (média±desvio padrão) de acordo com faixas de ancestralidade africana em Pé do Morro.

Pé do Morro N=58				
Ancestralidade africana %				
Variáveis	<20	20-40	>40	p
PAS	125,23±15,72	124,27±12,56	132,20±19,77	0,5546
PAD	78,41±10,12	82,88±9,52	85,26±11,04	0,0925
IMC	28,19±4,90	28,09±4,64	30,38±6,90	0,4233
CA	92,22±13,09	94,88±10,76	96,73±10,08	0,4891
CA/E	0,60±0,09	0,61±0,06	0,64±0,07	0,2356
COLT	216,53±56,55	199,77±47,06	207,86±41,00	0,8004
TRI	130,41±84,62	147,35±103,44	116,00±52,33	0,9219
LDL	130,00±34,45	133,28±30,88	134,66±38,73	0,9981
HDL	60,47±49,36	44,61±10,72	48,00±11,25	0,2246
NHDL	156,06±34,67	162,85±44,70	157,86±39,03	0,8843
GLICO	96,69±41,43	85,15±10,06	105,06±36,67	0,1079
Correção de Bonferroni				0,0167

Testes de Kruskal-Wallis para comparação entre as faixas de ancestralidade.

Tabela 5.19 Distribuição dos fenótipos (média±desvio padrão) de acordo com faixas de ancestralidade africana em Kalunga.

Kalunga N=132				
Ancestralidade africana %				
Variáveis	<20	20-40	>40	p
PAS	115,00±7,07	131,11±10,87	125,41±18,51	0,2071
PAD	76,50±4,95	79,55±9,01	78,43±11,22	0,9032
IMC	27,03±6,45	22,27±2,36	23,93±3,93	0,2722
CA	98,50±17,68	86,50±7,80	84,86±10,05	0,3239
CA/E	0,56±0,11	0,52±0,06	0,52±0,07	0,7387
COLT	201,00±39,60	196,33±24,16	183,37±34,39	0,2496
TRI	166,50±40,31	162,33±66,09	98,08±53,19	0,0009
LDL	116,50±47,37	105,00±19,01	104,07±29,14	0,8562
HDL	51,00	58,77±12,29	59,53±11,85	0,4384
NHDL	150,00±39,59	137,55±27,91	123,84±33,02	0,1763
GLICO	87,00±1,41	91,11±7,29	89,43±19,30	0,6852
Correção de Bonferroni				0,0167

Testes de Kruskal-Wallis para comparação entre as faixas de ancestralidade.

As comparações de médias de ancestralidade africana, ameríndia e europeia entre os fatores de risco apresentadas nas Tabelas 5.20 , 5.21 e 5.22. Concentrações séricas mais baixas de triglicérides foram associadas a estimativas mais elevadas da ascendência africana em ambas as comunidades rurais (Cocalinho e Kalunga). Na comunidade Cocalinho, observou-se que indivíduos com concentrações mais baixas de LDL e NHDL apresentavam estimativas mais elevadas do componente africano. Contudo maiores estimativas de ancestralidade africana foram associadas a menores concentrações de HDL nessa comunidade. Em Pé do Morro nenhuma diferença significativa foi observada. Nossas análises revelaram que os indivíduos de Kalunga que apresentaram valores mais baixos de CA e CA/E, também apresentaram estimativas mais elevadas para componente de ancestralidade africana. Já os componentes europeu e ameríndio foram mais elevados para os indivíduos com sobrepeso.

Tabela 5.20 Comparação das médias das estimativas da ancestralidade africana, ameríndia e europeia de acordo com os fenótipos de risco cardiovascular em Cocalinho.

Fenótipos	N	Ancestralidade africana			Ancestralidade ameríndia			Ancestralidade europeia		
		Média	DP	Valor p	Média	DP	Valor p	Média	DP	Valor p
Hipertensão										
Hipertenso	24	0,36	0,16	1,000	0,22	0,14	0,9237	0,42	0,15	0,7940
Normotenso	30	0,37	0,18		0,19	0,07		0,43	0,21	
Obesidade										
Normal	13	0,35	0,18	0,6253	0,18	0,09	0,5167	0,47	0,18	0,1973
Subpeso	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--
Sobrepeso	24	0,39	0,15		0,23	0,12		0,37	0,15	
Obeso	17	0,35	0,19		0,19	0,08		0,46	0,21	
CA										
Sobrepeso	39	0,36	0,17	0,9277	0,22	0,11	0,9923	0,42	0,18	0,8877
Normal	14	0,36	0,18		0,19	0,11		0,45	0,20	
CA/E										
Sobrepeso	49	0,36	0,17	0,9195	0,21	0,11	0,7618	0,43	0,19	0,7619
Normal	4	0,37	0,12		0,18	0,09		0,44	0,09	
Diabetes										
Normal	37	0,38	0,18	0,9104	0,21	0,11	0,2833	0,42	0,21	0,5801

Fenótipos	N	Ancestralidade africana			Ancestralidade ameríndia			Ancestralidade europeia		
		Média	DP	Valor p	Média	DP	Valor p	Média	DP	Valor p
Intolerância à glicose	11	0,36	0,12		0,18	0,08		0,47	0,14	
Diabético	6	0,33	0,18		0,28	0,14		0,39	0,09	
COLT										
<200 mg/dL	27	0,38	0,18	0,0984	0,22	0,11	0,5200	0,41	0,19	0,5673
≥200 mg/dL	27	0,36	0,17		0,20	0,10		0,44	0,17	
TRI										
<200mg/dL	39	0,41	0,17	0,0059	0,21	0,10	0,5268	0,38	0,17	0,0163
≥200 mg/dL	15	0,27	0,13		0,20	0,12		0,53	0,17	
LDL										
<160 mg/dL	39	0,40	0,16	0,0251	0,20	0,10	0,1193	0,40	0,18	0,2508
≥160 mg/dL	15	0,29	0,17		0,24	0,12		0,47	0,18	
HDL										
<40 mg/dL	26	0,31	0,16	0,0165	0,22	0,12	0,3888	0,46	0,20	0,2209
≥40 mg/dL	28	0,42	0,17		0,19	0,09		0,39	0,16	
NHDL										
<160 mg/dL	30	0,38	0,17	0,0357	0,21	0,11	0,8411	0,41	0,19	0,0623
≥ 160 mg/dL	24	0,35	0,17		0,20	0,11		0,45	0,17	

Tabela 5.21 Comparação das médias das estimativas da ancestralidades africana, ameríndia e europeia de acordo com os fenótipos de risco cardiovascular em Pé do Morro.

Fenótipos	N	Ancestralidade africana			Ancestralidade ameríndia			Ancestralidade europeia		
		Média	DP	Valor p	Média	DP	Valor p	Média	DP	Valor p
Hipertensão										
Hipertenso	29	0,30	0,15	0,5545	0,18	0,12	0,3838	0,52	0,17	0,7736
Normotenso	29	0,29	0,17		0,19	0,09		0,52	0,21	
Obesidade										
Normal	15	0,25	0,13	0,3927	0,14	0,09	0,1499	0,60	0,19	0,0664
Subpeso	--	--			--			--		--
Sobrepeso	21	0,29	0,13		0,21	0,13		0,49	0,15	
Obeso	22	0,33	0,20		0,18	0,09		0,48	0,20	
CA										
Sobrepeso	46	0,30	0,16	0,7082	0,19	0,11	0,8032	0,51	0,18	0,5909
Normal	12	0,28	0,14		0,18	0,11		0,53	0,21	
CA/E										
Sobrepeso	57	0,30	0,16	0,3243	0,19	0,11	1,000	0,51	0,19	0,3243
Normal	1	0,17	--		0,17			0,66		
Diabetes										
Normal	45	0,29	0,15	0,6159	0,17	0,09	0,2097	0,53	0,18	0,2003

Fenótipos	N	Ancestralidade africana			Ancestralidade ameríndia			Ancestralidade europeia		
		Média	DP	Valor p	Média	DP	Valor p	Média	DP	Valor p
Intolerância à glicose	7	0,34	0,14		0,16	0,11		0,50	0,16	
Diabético	6	0,31	0,22		0,29	0,17		0,41	0,18	
COLT										
<200 mg/dL	23	0,29	0,13	0,6193	0,20	0,13	0,7262	0,50	0,15	0,6109
≥200 mg/dL	35	0,30	0,18		0,17	0,09		0,52	0,21	
TRI										
<200mg/dL	44	0,30	0,17	0,7282	0,19	0,11	0,5819	0,51	0,20	0,7211
≥200 mg/dL	14	0,28	0,12		0,18	0,09		0,54	0,13	
LDL										
<160 mg/dL	45	0,28	0,14	0,4624	0,19	0,11	0,3742	0,53	0,18	0,6666
≥160 mg/dL	13	0,36	0,20		0,16	0,09		0,48	0,21	
HDL										
<40 mg/dL	14	0,29	0,12	0,2215	0,19	0,13	0,3888	0,52	0,13	0,4247
≥40 mg/dL	44	0,30	0,17		0,18	0,10		0,51	0,20	
NHDL										
<160 mg/dL	29	0,29	0,14	0,6611	0,20	0,12	0,6622	0,51	0,17	0,6102
≥ 160 mg/dL	29	0,31	0,17		0,17	0,09		0,52	0,20	

Tabela 5.22 Comparação das médias das estimativas da ancestralidades africana, ameríndia e europeia de acordo com os fenótipos de risco cardiovascular em Kalunga.

Fenótipos	N	Ancestralidade africana			Ancestralidade ameríndia			Ancestralidade europeia		
		Média	DP	Valor p	Média	DP	Valor p	Média	DP	Valor p
Hipertensão										
Hipertenso	40	0,62	0,17	0,7715	0,11	0,06	0,2182	0,27	0,17	0,8011
Normotenso	88	0,63	0,15		0,09	0,05		0,26	0,13	
Obesidade										
Normal	80	0,64	0,17	0,1573	0,09	0,05	0,0137	0,27	0,15	0,1409
Subpeso	7	0,72	0,14		0,11	0,07		0,17	0,13	
Sobrepeso	34	0,61	0,12		0,12	0,06		0,28	0,11	
Obeso	9	0,60	0,21		0,13	0,06		0,27	0,18	
CA										
Sobrepeso	39	0,57	0,16	0,0035	0,12	0,06	0,0219	0,31	0,14	0,0094
Normal	91	0,66	0,15		0,09	0,05		0,25	0,14	
CA/E										
Sobrepeso	80	0,61	0,16	0,0251	0,11	0,05	0,1450	0,29	0,14	0,0687
Normal	50	0,66	0,16		0,09	0,05		0,24	0,14	
Diabetes										
Normal	109	0,64	0,16	0,2082	0,10	0,06	0,9680	0,25	0,14	0,1069

Fenótipos	N	Ancestralidade africana			Ancestralidade ameríndia			Ancestralidade europeia		
		Média	DP	Valor p	Média	DP	Valor p	Média	DP	Valor p
Intolerância à glicose	20	0,58	0,16		0,09	0,04		0,32	0,15	
Diabético	1	0,54	--		0,08	--		0,38	--	
COLT										
<200 mg/dL	92	0,64	0,15	0,2424	0,09	0,06	0,1956	0,26	0,13	0,2038
≥200 mg/dL	38	0,60	0,18		0,11	0,05		0,29	0,16	
TRI										
<200mg/dL	124	0,64	0,16	0,0048	0,10	0,05	0,0246	0,25	0,14	0,0074
≥200 mg/dL	6	0,45	0,11		0,14	0,05		0,41	0,09	
LDL										
<160 mg/dL	125	0,63	0,16	0,8112	0,10	0,05	0,8145	0,27	0,15	0,6748
≥160 mg/dL	4	0,63	0,12		0,12	0,05		0,25	0,14	
HDL										
<40 mg/dL	1	0,83	--	0,0576	0,09	--	0,7981	0,08	--	0,0505
≥40 mg/dL	129	0,63	0,16		0,10	0,05		0,27	0,15	
NHDL										
<160 mg/dL	115	0,63	(0,16)	0,2370	0,10	0,05	0,2912	0,26	0,14	0,2795
≥ 160 mg/dL	15	0,58	(0,18)		0,11	0,05		0,30	0,16	

*Valores p significativos em negrito,

Como medida da intensidade da associação, foram calculadas valores de *Odds ratio* para avaliação da ancestralidade genética como possível risco para hipertensão, sobrepeso/obesidade e diabetes. Esses resultados são apresentados nas Tabelas 5.23, 5.24 e 5.25, utilizando-se faixas de ancestralidade. Nenhuma associação foi observada.

Tabela 5.23 Análise da ancestralidade genética africana entre hipertensos e não hipertensos das comunidades quilombolas avaliadas.

Cocalinho	Hipertensos	Normotensos	OR	IC	Valor p
0-20%	3	7	0,47	0,08-2,43	0,483
20-40%	11	7	2,78	0,75-10,58	0,093
>40%	10	16	0,625	0,18-2,11	0,425
Pé do Morro					
0-20%	8	9	0,85	0,24-3,03	1,000
20-40%	12	14	0,76	0,24-2,42	0,792
>40%	9	6	1,73	0,45-6,73	0,550
Kalunga					
0-20%	--	2	--	--	--
20-40%	5	4	3,00	0,65-14,34	0,137
>40%	35	82	0,512	0,12-2,09	0,317

OR: *odds ratio*; IC: intervalo de confiança

Tabela 5.24 Análise da ancestralidade genética africana entre indivíduos com IMC<25 (Kg/m²) e ≥25 (Kg/m²) das comunidades quilombolas avaliadas.

Cocalinho	IMC<25	≥25 (Kg/m²)	OR	IC	Valor p
0-20%	4	6	2,59	0,48-13,95	0,230
20-40%	2	16	0,28	0,03-1,66	0,179
>40%	7	19	1,35	0,33-5,62	0,754
Pé do Morro					
0-20%	5	12	1,29	0,30-5,37	0,747
20-40%	7	19	1,11	0,29-4,18	1,000
>40%	3	12	0,65	0,12-3,14	0,736
Kalunga					
0-20%	1	--	--	--	--
20-40%	8	1	4,55	0,54-100,55	0,162
>40%	71	41	0,192	0,00-1,58	0,162

OR: *odds ratio*; IC: intervalo de confiança

Tabela 5.25 Análise da ancestralidade genética africana entre indivíduos com Intolerância à glicose/Diabetes e glicemia dentro da normalidade das comunidades quilombolas avaliadas.

Cocalinho	Aumentado	Normal	OR	IC	Valor p
0-20%	3	7	0,92	0,16-4,89	1,000
20-40%	6	12	1,14	0,29-4,46	1,000
>40%	8	18	0,94	0,25-3,44	1,000
Pé do Morro					
0-20%	4	13	1,09	0,23-4,94	1,000
20-40%	3	23	0,29	0,05-1,36	0,114
>40%	6	9	3,43	0,77-15,58	0,077
Kalunga					
0-20%	--	2	--	--	--
20-40%	1	8	0,63	0,03-5,51	1,000
>40%	20	99	2,02	0,24-44,52	1,000

OR: *odds* ratio; IC: intervalo de confiança

Com base nas diferenças epidemiológicas observadas nas comunidades, realizou-se uma análise múltipla utilizando-se quatro modelos de análises de regressão robusta, como realizado para autotransclassificação fenotípica anteriormente. Estes resultados permitiram apontar a possível influência da ancestralidade genética na variação de fatores de risco associados a DCV avaliados. Os resultados são apresentados com base no coeficiente de regressão B a 95% de intervalo de confiança para cada fenótipo associado a doença cardiovascular de acordo com cada fenótipo do modelo estatístico. O modelo de regressão robusta incluiu as ancestralidades genéticas (africana, ameríndia e europeia) separadamente, e foi ajustado para idade, sexo, índice SSE, GAF, tabagismo e consumo de álcool. Os modelos para os fenótipos pressão arterial sistólica (PAS), pressão arterial diastólica (PAD) e glicose (GLICO) também foram ajustados para índice de massa corporal (IMC).

Na Tabela 5.26, embora os modelos C e D tenham explicado melhor a variação da pressão arterial sistólica em todas as comunidades, a proporção de explicação pelos modelos foi maior em Cocalinho do que em Pé do Morro e Kalunga. Do modelo A para o modelo D, assim como observado anteriormente nos modelos testados utilizando autotransclassificação fenotípica, observou-se um aumento do R², indicando maior explicação da variação de PAS. Destaca-se a relevância dos fatores comportamentais na variação da pressão arterial sistólica em Cocalinho, GAF e álcool no modelo C, e GAF no modelo D. Em Pé do Morro a variável IMC se mostrou preditora nos modelos A e B, porém com baixo percentual de explicação da variação de PAS. Em Kalunga, a idade se mostrou uma variável diretamente associada à variação de PAS.

Tabela 5.26 Associação entre a variação dos níveis de pressão arterial sistólica (PAS) e fatores de risco selecionados para três comunidades quilombolas com base nos coeficientes de regressão (B) e determinação (R2) obtidos considerando quatro diferentes modelos de regressão.

Variáveis	Modelo A		Modelo B		Modelo C		Modelo D	
Cocalinho	B	p	B	p	B	p	B	p
Constante	-839,71	0,8107	-827,57	0,8156	710,23	0,8027	721,22	0,8011
Idade (anos)	0,29	0,0293	0,29	0,0312	0,27	0,0239	0,27	0,0235
Sexo	3,32	0,3670	3,27	0,3868	4,52	0,1460	4,69	0,1357
africana	929,42	0,7911	918,13	0,7959	-602,78	0,8322	-620,65	0,8285
ameríndia	940,48	0,7884	928,90	0,7933	-589,25	0,8357	-604,81	0,8327
européia	921,56	0,7927	910,21	0,7976	-602,35	0,8322	-619,39	0,8288
IMC	0,67	0,0158	0,67	0,0170	0,27	0,2295	0,26	0,2591
SSE	--	--	-0,05	0,9413	--	--	0,38	0,5294
GAF	--	--	--	--	-4,69	0,0023	-4,52	0,0040
Tabagismo	--	--	--	--	-8,33	0,0186	-8,65	0,0164
Álcool	--	--	--	--	8,64	0,0074	8,95	0,0065
p ajustado	0,007		0,006		0,005		0,0045	
HPBV	0,2407		0,2407		0,2222		0,2222	
R2	43,47%		44,97%		65,87%		66,36%	
Pé do Morro	B	p	B	p	B	p	B	p
Constante	1765,243	0,5559	1712,736	0,5737	815,0469	0,7765	610,7514	0,8334
Idade (anos)	0,1304	0,3998	0,1302	0,4052	0,1037	0,5505	0,1121	0,5222
Sexo	8,0562	0,0215	8,1397	0,0229	3,8706	0,3119	4,2605	0,2736
africana	-1683,60	0,5750	-1632,65	0,5924	-723,584	0,8014	-526,639	0,8563
Ameroandia	-1692,33	0,5727	-1641,36	0,5901	-722,655	0,8015	-526,380	0,8563
européia	-1680,55	0,5755	-1629,65	0,5928	-717,540	0,8029	-521,239	0,8577
IMC	1,1151	0,0005	1,1111	0,0006	0,7880	0,0155	0,7572	0,0219
SSE	--	--	0,1113	0,8711	--	--	0,4793	0,4915
GAF	--	--	--	--	-0,7207	0,7520	-0,2120	0,9299
Tabagismo	--	--	--	--	3,8252	0,3776	3,2422	0,4655
Álcool	--	--	--	--	1,6622	0,7202	0,9976	0,8343
p ajustado	0,007		0,006		0,005		0,0045	
HPBV	0,2414		0,2414		0,2241		0,2241	
R2	36,66%		36,72%		48,14%		48,19%	
Kalunga	B	p	B	p	B	p	B	p
Constante	-813,950	0,7646	-631,405	0,8151	-816,373	0,7629	-688,759	0,7982
Idade (anos)	0,4363	0,0002	0,4744	<,0001	0,4389	0,0002	0,4666	<,0001
Sexo	-2,7139	0,3179	-2,3491	0,3841	-1,8847	0,5143	-1,6273	0,5703
africana	897,2613	0,7413	716,2305	0,7908	893,0828	0,7413	766,5865	0,7759
ameríndia	905,2199	0,7390	723,9756	0,7885	909,6640	0,7366	783,8324	0,7709
européia	915,3226	0,7363	733,8322	0,7858	909,0489	0,7369	782,9435	0,7713
IMC	0,5002	0,1512	0,5391	0,1184	0,5440	0,1376	0,5630	0,1210
SSE	--	--	-0,4633	0,2517	--	--	-0,3474	0,4108
GAF	--	--	--	--	-2,1739	0,5190	1,0902	0,5091
Tabagismo	--	--	--	--	-4,5856	0,7457	0,1440	0,9592
Álcool	--	--	--	--	-5,2643	0,8604	1,2188	0,6793
p ajustado	0,007		0,006		0,005		0,0045	
HPBV	0,2441		0,2460		0,2358		0,2377	
R2	25,96%		27,49%		32,44%		33,63%	

B: coeficiente de regressão; p: valor p; HPBV: Highest point breakdown value; Modelo A (idade, sexo, ancestralidade genética, IMC); Modelo B (idade, sexo, ancestralidade genética, IMC, SSE); Modelo C (idade, sexo, ancestralidade genética, IMC, GAF, tabagismo, álcool); Modelo D (idade, sexo, ancestralidade genética, IMC, SSE, GAF, tabagismo, álcool),

Na Tabela 5.27 são apresentados os modelos para o fenótipo pressão arterial diastólica. Assim como para PAS, Cocalinho apresentou modelos com coeficientes de determinação mais elevados, indicando maior proporção de explicação. Destaca-se que a idade, sexo masculino, IMC e o consumo de álcool representaram preditores da variação de PAD em Cocalinho, enquanto em Pé do Morro e Kalunga nenhuma variável foi apontada. A ancestralidade genética não se mostrou explicativa em nenhum dos modelos múltiplos testados.

Na Tabela 5.28 estão apresentados os modelos de regressão robusta para IMC. Os modelos C e D explicaram melhor a variação de IMC que os modelos A e B, porém a ancestralidade genética não se mostrou explicativa em nenhum dos modelos múltiplos testados. Assim como para IMC, os modelos C e D de regressão robusta explicaram melhor a variação da glicemia. Os resultados estão apresentados na Tabela 5.29. A idade representou uma variável preditora da variação das concentrações de glicose em todos os modelos testados para Cocalinho. Já em Pé do Morro, o consumo de álcool foi inversamente associado à variação da glicemia, indicando que indivíduos com concentrações plasmáticas de glicose mais elevadas não têm o hábito de consumir bebidas alcoólicas. Em Kalunga nenhuma variável foi apontada como preditora da variação da glicemia. Como nos modelos anteriores, a ancestralidade genética não se mostrou explicativa em nenhum dos modelos múltiplos testados.

Como os níveis séricos de triglicerídeos foram associados à ancestralidade africana nas comunidades quilombolas Cocalinho e Kalunga nas análises univariadas, realizamos análises múltiplas por meio de modelos de regressão robusta. Contudo nenhuma associação entre ancestralidade genética e variação dos níveis séricos de triglicerídeos foi verificada nas comunidades avaliadas (Tabela 5.30).

Tabela 5.27 Associação entre a variação dos níveis de pressão arterial diastólica (PAD) e fatores de risco selecionados para três comunidades quilombolas com base nos coeficientes de regressão (B) e determinação (R²) obtidos considerando quatro diferentes modelos de regressão.

Variáveis	Modelo A		Modelo B		Modelo C		Modelo D	
Cocalinho	B	P	B	p	B	P	B	p
Constante	4232,82	0,0948	4530,62	0,0656	1555,91	0,5262	-203,42	0,9190
Idade (anos)	0,09	0,3375	0,11	0,2219	0,24	0,0152	0,23	0,0029
Sexo	7,371	0,0059	6,47	0,0140	7,55	0,0031	12,14	<0,0001
africana	-4188,75	0,0985	-4470,60	0,0694	-1526,44	0,5342	210,26	0,9162
ameríndia	-4170,08	0,0996	-4456,93	0,0699	-1510,25	0,5382	239,29	0,9047
europeia	-4190,26	0,0983	-4472,62	0,0692	-1527,01	0,5339	210,84	0,9160
IMC	0,76	0,0046	0,75	0,0038	0,79	0,0026	0,84	<0,0001
SSE	--	--	-1,03	0,0469	--	--	0,98	0,0591
GAF	--	--	--	--	1,66	0,2297	2,86	0,0190
Tabagismo	--	--	--	--	-4,16	0,1526	-3,08	0,1678
Álcool	--	--	--	--	6,59	0,0121	6,68	0,0012
p ajustado	0,007		0,006		0,005		0,0045	
HPBV	0,2407		0,2407		0,2222		0,2222	
R ²	30,36%		40,18%		57,33%		61,58%	
Pé do Morro	B	P	B	p	B	P	B	P
Constante	941,5151	0,5033	2417,723	0,2408	1156,330	0,5184	1314,129	0,4944
Idade (anos)	-0,0477	0,5173	0,0364	0,7326	-0,1149	0,3213	-0,0523	0,6624
Sexo	-1,2026	0,5128	4,2726	0,0799	2,2920	0,3463	3,5313	0,1662
africana	-853,300	0,5449	-2340,48	0,2567	-1063,96	0,5531	-1222,04	0,5258
ameríndia	-866,256	0,5386	-2363,13	0,2519	-1082,56	0,5460	-1253,40	0,5149
europeia	-857,317	0,5428	-2346,82	0,2552	-1068,15	0,5514	-1231,48	0,5224
IMC	0,0345	0,8405	0,6001	0,006	0,1810	0,3882	0,2048	0,3640
SSE	--	--	-0,6899	0,1560	--	--	0,0886	0,8462
GAF	--	--	--	--	-1,6996	0,2780	-0,6020	0,7135
Tabagismo	--	--	--	--	0,7415	0,8006	1,1566	0,7049
Álcool	--	--	--	--	-0,0699	0,9807	-1,7934	0,5548
p ajustado	0,007		0,006		0,005		0,0045	
HPBV	0,2414		0,2414		0,2241		0,2241	
R ²	17,88%		20,67%		16,46%		17,82%	
Kalunga	B	P	B	P	B	P	B	P
Constante	533,7532	0,7575	417,1155	0,8091	904,9440	0,6030	744,9968	0,6674
Idade (anos)	0,1363	0,0625	0,1407	0,0573	0,1240	0,1043	0,1287	0,0919
Sexo	-2,3515	0,1721	-2,0728	0,2281	-2,9003	0,1131	-2,7076	0,1364
africana	-467,638	0,7867	-352,418	0,8382	-836,481	0,6306	-679,004	0,6952
ameríndia	-465,356	0,7877	-350,974	0,8388	-830,235	0,6331	-673,478	0,6974
europeia	-464,973	0,7879	-349,974	0,8393	-834,734	0,6313	-677,096	0,6960
IMC	0,2023	0,3595	0,2159	0,3266	0,2010	0,3897	0,2014	0,3856
SSE	--	--	0,1021	0,6948	--	--	0,1713	0,5290
GAF	--	--	--	--	-0,8683	0,4052	-0,6961	0,5039
Tabagismo	--	--	--	--	0,8149	0,6491	0,6619	0,7119
Álcool	--	--	--	--	3,1108	0,0936	3,3249	0,0721
p ajustado	0,007		0,006		0,005		0,0045	
HPBV	0,2441		0,2460		0,2358		0,2377	
R ²	6,97%		7,75%		11,60%		16,50%	

B: coeficiente de regressão; p: valor p; HPBV: Highest point breakdown value; Modelo A (idade, sexo, ancestralidade genética, IMC); Modelo B (idade, sexo, ancestralidade genética, IMC, SSE); Modelo C (idade, sexo, ancestralidade genética, IMC, GAF, tabagismo, álcool); Modelo D (idade, sexo, ancestralidade genética, IMC, SSE, GAF, tabagismo, álcool).

Tabela 5.28 Associação entre a variação do índice de massa corporal (IMC) e fatores de risco selecionados para três comunidades quilombolas com base nos coeficientes de regressão (B) e determinação (R2) obtidos considerando quatro diferentes modelos de regressão.

Variáveis	Modelo A		Modelo B		Modelo C		Modelo D	
Cocalinho	B	p	B	p	B	p	B	p
Constante	1440,49	0,1757	1416,89	0,1880	723,82	0,5364	714,83	0,5455
Idade (anos)	-0,02	0,5857	-0,02	0,5586	-0,07	0,1470	-0,07	0,1582
Sexo	-0,99	0,3917	-0,90	0,4495	0,72	0,5835	0,77	0,5609
africana	-1413,33	0,1844	-1390,99	0,1965	-691,13	0,5554	-684,13	0,5634
ameríndia	-1406,19	0,1860	-1383,46	0,1983	-687,39	0,5572	-679,76	0,5654
europeia	-1412,31	0,1846	-1389,97	0,1967	-688,13	0,5571	-681,05	0,5650
IMC	--	--	--	--	--	--	--	--
SSE	--	--	0,08	0,7153	--	--	0,11	0,6900
GAF	--	--	--	--	-1,39	0,0309	-1,32	0,0476
Tabagismo	--	--	--	--	-1,68	0,2462	-1,76	0,2335
Álcool	--	--	--	--	0,96	0,4755	1,04	0,4503
p ajustado	0,008		0,007		0,005		0,0045	
HPBV	0,2407		0,2407		0,2222		0,2222	
R2	24,42%		28,84%		34,64%		45,53%	
Pé do Morro	B	p	B	p	B	p	B	p
Constante	-2219,09	0,0402	-2249,57	0,0401	-1474,22	0,1419	-1482,21	0,1436
Idade (anos)	-0,0455	0,4284	-0,0453	0,4338	-0,0626	0,2987	-0,0604	0,3227
Sexo	-0,5034	0,6915	-0,4362	0,7371	-0,0304	0,9808	0,0949	0,9425
africana	2254,132	0,0373	2283,474	0,0373	1510,867	0,1326	1517,260	0,1347
ameríndia	2248,910	0,0376	2278,212	0,0376	1513,621	0,1315	1519,825	0,1337
europeia	2248,856	0,0377	2278,146	0,0377	1505,453	0,1339	1511,684	0,1360
IMC	--	--	--	--	--	--	--	--
SSE	--	--	0,0761	0,7634	--	--	0,0905	0,7011
GAF	--	--	--	--	-1,0749	0,1824	-0,9676	0,2609
Tabagismo	--	--	--	--	-2,4412	0,0824	-2,5801	0,0781
Álcool	--	--	--	--	1,4158	0,4179	1,2449	0,4939
p ajustado	0,008		0,007		0,005		0,0045	
HPBV	0,2414		0,2414		0,2241		0,2241	
R2	36,81%		42,35%		56,08%		57,62%	
Kalunga	B	p	B	p	B	p	B	p
Constante	-25,5468	0,9696	17,1272	0,9805	-193,768	0,7558	-181,625	0,7923
Idade (anos)	-0,0721	0,0077	-0,0580	0,0429	-0,0683	0,0085	-0,0509	0,0764
Sexo	-1,0280	0,1093	-1,2256	0,0677	-0,5394	0,3976	-0,9227	0,1884
africana	52,3380	0,9377	9,6472	0,9890	218,2400	0,7261	206,6764	0,7644
ameríndia	52,8860	0,9370	12,1660	0,9861	218,7016	0,7254	208,7758	0,7620
europeia	57,7166	0,9313	14,1004	0,9839	224,4463	0,7186	211,9738	0,7586
IMC	--	--	--	--	--	--	--	--
SSE	--	--	-0,0603	0,5633	--	--	-0,0692	0,5189
GAF	--	--	--	--	0,5906	0,1034	0,5435	0,1738
Tabagismo	--	--	--	--	-1,2487	0,0359	-1,6030	0,0160
Álcool	--	--	--	--	-0,1447	0,8237	-0,4195	0,5591
p ajustado	0,008		0,007		0,005		0,0045	
HPBV	0,2481		0,2422		0,2400		0,2419	
R2	12,77%		16,02%		16,90%		17,70%	

B: coeficiente de regressão; p: valor p; HPBV: Highest point breakdown value; Modelo A (idade, sexo, ancestralidade genética); Modelo B (idade, sexo, ancestralidade genética, SSE); Modelo C (idade, sexo, ancestralidade genética, GAF, tabagismo, álcool); Modelo D (idade, sexo, ancestralidade genética, SSE, GAF, tabagismo, álcool).

Tabela 5.29 Associação entre a variação dos níveis de glicose (GLICO) e fatores de risco selecionados para três comunidades quilombolas com base nos coeficientes de regressão (B) e determinação (R2) obtidos considerando quatro diferentes modelos de regressão.

Variáveis	Modelo A		Modelo B		Modelo C		Modelo D	
Cocalinho	B	p	B	p	B	p	B	p
Constante	-5760,91	0,0646	-88,0012	0,9743	-2368,74	0,4391	395,40	0,8894
Idade (anos)	0,3069	0,0065	0,4360	<0,0001	0,4363	0,0003	0,47	<0,0001
Sexo	0,0355	0,9914	6,0895	0,0263	4,8179	0,1709	6,88	0,0296
afriicana	5835,564	0,0614	147,2099	0,9571	2444,089	0,4250	-338,57	0,9053
ameríndia	5819,213	0,0618	122,5473	0,9642	2420,140	0,4290	-359,13	0,8995
européia	5852,120	0,0606	163,8149	0,9522	2458,312	0,4223	-320,39	0,9103
IMC	-0,1321	0,5588	-0,2147	0,2153	-0,2262	0,2776	-0,26	0,1618
SSE	--	--	0,7174	0,1355	--	--	0,79	0,1305
GAF	--	--	--	--	-0,8201	0,5897	0,0045	0,9974
Tabagismo	--	--	--	--	-3,5871	0,3182	-3,71	0,2425
Álcool	--	--	--	--	0,0841	0,9785	0,0071	0,9980
p ajustado	0,007		0,006		0,005		0,0045	
HPBV	0,2407		0,2407		0,2222		0,2222	
R2	50,98%		53,23%		45,44%		49,08%	
Pé do Morro	B	p	B	p	B	p	B	p
Constante	-3930,16	0,0968	-4138,37	0,0836	-2631,53	0,2458	-2816,15	0,2126
Idade (anos)	-0,1884	0,1574	-0,1937	0,1483	-0,2372	0,1265	-0,23	0,1309
Sexo	2,6511	0,3323	3,0098	0,2795	4,4563	0,1096	5,18	0,0674
afriicana	4046,538	0,0878	4250,259	0,0759	2745,995	0,2267	2922,29	0,1966
ameríndia	3986,410	0,0923	4187,800	0,0800	2685,170	0,2367	2857,89	0,2061
européia	4016,330	0,0901	4218,513	0,0780	2716,897	0,2315	2890,69	0,2012
IMC	0,1772	0,4766	0,1642	0,5122	0,3577	0,1430	0,34	0,1665
SSE	--	--	0,4233	0,4263	--	--	0,63	0,2261
GAF	--	--	--	--	0,1891	0,9180	0,79	0,6745
Tabagismo	--	--	--	--	0,9307	0,7814	-0,08	0,9819
Álcool	--	--	--	--	-9,4054	0,0061	-10,33	0,0031
p ajustado	0,007		0,006		0,005		0,0045	
HPBV	0,2456		0,2281		0,2281		0,2281	
R2	32,37%		29,48%		42,90%		46,48%	
Kalunga	B	p	B	p	B	p	B	p
Constante	4896,872	0,0189	3607,476	0,0886	4900,802	0,0223	2334,156	0,2905
Idade (anos)	0,1597	0,0619	0,1870	0,0344	0,1720	0,0552	0,2233	0,0187
Sexo	-0,1995	0,9213	-0,6807	0,7430	-0,1852	0,9327	-0,9655	0,6786
afriicana	-4830,42	0,0206	-3544,92	0,0941	-4838,55	0,0240	-2279,40	0,3018
ameríndia	-4832,68	0,0205	-3544,47	0,0941	-4843,98	0,0238	-2281,34	0,3012
européia	-4826,20	0,0207	-3539,24	0,0947	-4833,68	0,0242	-2273,74	0,3030
IMC	0,4955	0,0515	0,4945	0,0599	0,5740	0,0365	0,5943	0,0421
SSE	--	--	0,2354	0,4428	--	--	0,3472	0,3079
GAF	--	--	--	--	0,3348	0,7903	0,6308	0,6375
Tabagismo	--	--	--	--	2,0959	0,3198	2,3366	0,2979
Álcool	--	--	--	--	-0,3104	0,8868	-1,3504	0,5606
p ajustado	0,007		0,006		0,005		0,0045	
HPBV	0,2422		0,2441		0,2419		0,2358	
R2	6,71%		8,11%		12,89%		12,50%	

B: coeficiente de regressão; p: valor p; HPBV: Highest point breakdown value; Modelo A (idade, sexo, ancestralidade genética, IMC); Modelo B (idade, sexo, ancestralidade genética, IMC, SSE); Modelo C (idade, sexo, ancestralidade genética, IMC, GAF, tabagismo, álcool); Modelo D (idade, sexo, ancestralidade genética, IMC, SSE, GAF, tabagismo, álcool).

Tabela 5.30 Associação entre a variação dos níveis séricos de triglicérides (TRIG) e fatores de risco selecionados para três comunidades quilombolas com base nos coeficientes de regressão (B) e determinação (R2) obtidos considerando quatro diferentes modelos de regressão.

Variáveis	Modelo A		Modelo B		Modelo C		Modelo D	
Cocalinho	B	p	B	P	B	P	B	p
Constante	18806,97	0,3852	18207,09	0,4052	20065,45	0,3410	19909,68	0,3499
Idade (anos)	0,1620	0,8400	0,1120	0,8908	0,6074	0,5282	0,6246	0,5214
Sexo	-11,8370	0,6068	-9,9707	0,6715	-21,3775	0,3929	-20,7714	0,4123
africana	-18727,3	0,3875	-18160,1	0,4067	-19967,3	0,3440	-19841,8	0,3521
ameríndia	-18695,3	0,3877	-18117,6	0,4072	-19932,1	0,3442	-19796,8	0,3526
europeia	-18599,2	0,3906	-18030,4	0,4099	-19847,1	0,3467	-19718,6	0,3549
IMC	0,3009	0,8596	0,2579	0,8806	-0,5027	0,7664	-0,5578	0,7453
SSE	--	--	2,2153	0,6291	--	--	1,6701	0,7173
GAF	--	--	--	--	-12,5633	0,3002	-11,7256	0,3471
Tabagismo	--	--	--	--	-15,4699	0,5757	-16,9056	0,5490
Álcool	--	--	--	--	36,9194	0,1380	38,5035	0,1315
p ajustado	0,007		0,006		0,005		0,0045	
HPBV	0,2407		0,2407		0,2222		0,2222	
R2	25,51%		25,51%		30,12%		30,39%	
Pé do Morro	B	p	B	P	B	P	B	p
Constante	-19094,5	0,3020	-20427,9	0,2779	-6935,19	0,7214	-30796,0	0,1069
Idade (anos)	-0,3812	0,6877	-0,3832	0,6885	-1,2403	0,2918	-1,4380	0,1834
Sexo	17,6919	0,4036	19,6953	0,3643	21,7880	0,3702	37,6738	0,1063
africana	19106,55	0,3025	20411,28	0,2789	7045,334	0,7176	30870,61	0,1064
ameríndia	19177,50	0,3003	20481,01	0,2769	7171,014	0,7126	31076,51	0,1040
europeia	19161,28	0,3009	20464,56	0,2774	7114,762	0,7148	30946,77	0,1054
IMC	3,0503	0,1241	2,9672	0,1390	2,4620	0,2732	1,3729	0,5133
SSE	--	--	2,0883	0,6139	--	--	4,5046	0,3065
GAF	--	--	--	--	-17,4157	0,2735	-23,3888	0,1293
Tabagismo	--	--	--	--	-20,7821	0,4646	-31,0922	0,2548
Álcool	--	--	--	--	-5,5137	0,8606	0,5805	0,9842
p ajustado	0,007		0,006		0,005		0,0045	
HPBV	0,2414		0,2414		0,2241		0,2241	
R2	23,71%		23,92%		23,77%		30,03%	
Kalunga	B	p	B	P	B	P	B	p
Constante	-5349,66	0,4349	-5871,35	0,3909	-6016,16	0,3924	-3386,23	0,6322
Idade (anos)	0,6295	0,0221	0,5885	0,0345	0,6656	0,0218	0,6933	0,0201
Sexo	-6,5230	0,3302	-5,9466	0,3755	-4,7120	0,5145	-6,5539	0,3729
africana	5345,900	0,4351	5858,390	0,3919	6003,147	0,3933	3355,909	0,6352
ameríndia	5456,354	0,4257	5966,711	0,3832	6098,583	0,3858	3436,832	0,6270
europeia	5399,125	0,4306	5911,222	0,3876	6058,375	0,3890	3411,505	0,6296
IMC	1,6100	0,0612	1,5820	0,0662	1,6218	0,0799	1,5213	0,1087
SSE	--	--	1,3183	0,1811	--	--	1,7119	0,1129
GAF	--	--	--	--	2,3124	0,5743	3,9511	0,3494
Tabagismo	--	--	--	--	3,3038	0,6313	3,3408	0,6385
Álcool	--	--	--	--	-4,9483	0,4875	-6,1533	0,4004
p ajustado	0,007		0,006		0,005		0,0045	
HPBV	0,2422		0,2441		0,2419		0,2358	
R2	16,82		20,42%		19,00%		20,65%	

B: coeficiente de regressão; p: valor p; HPBV: Highest point breakdown value; Modelo A (idade, sexo, ancestralidade genética, IMC); Modelo B (idade, sexo, ancestralidade genética, IMC, SSE); Modelo C (idade, sexo, ancestralidade genética, IMC, GAF, tabagismo, álcool); Modelo D (idade, sexo, ancestralidade genética, IMC, SSE, GAF, tabagismo, álcool).

5.4.3 Correlação SSE X ancestralidade genética

Realizou-se uma análise de correlação com o objetivo de verificar se o SSE estava correlacionado às estimativas de ancestralidade genética. Os resultados estão apresentados na Tabela 5.31. Observou-se que estimativas de ancestralidade genética africana foram inversamente correlacionadas ao índice SSE na amostra total avaliada, porém quando avaliada cada comunidade quilombola separadamente, nenhuma correlação significativa foi observada. As estimativas de ancestralidade genética ameríndia e europeia foram diretamente associadas a valores mais elevados de SSE na amostra total.

Tabela 5.31 Correlação de Spearman entre SSE e estimativas de ancestralidade genética

SSE	Africana		ameríndia		europeia	
	rs	p	rs	p	rs	p
Cocalinho	0,09786	0,4814	-0,21864	0,1122	0,03249	0,8156
Pé do Morro	-0,04411	0,7423	-0,08466	0,5275	0,03477	0,7955
Kalunga	0,00174	0,9843	-0,01305	0,8829	0,00179	0,9839
Total	-0,46879	<0,0001	0,30380	<0,0001	0,37797	<0,0001

Coefficiente de correlação de Spearman (rs) p valores de $p \leq 0,05$ abaixo; Correlações significativas em negrito,

5.4.4 Análise multivariada: Análise de Função Discriminante

A Tabela 5.32 mostra as duas funções extraídas e os coeficientes padronizados, bem como a proporção de explicação pelas funções discriminantes. Embora com elevada proporção de discriminação, as estimativas de mistura possivelmente não permitiram informação pelas demais variáveis. Os coeficientes discriminantes canônicos padronizados são usados para classificar a importância de cada variável. Um coeficiente de função discriminante elevado significa que os grupos diferem muito nessa variável. Além disso, os coeficientes são úteis para decidir qual variável afeta mais na discriminação, Realizou-se dois tipos de avaliações: uma envolvendo todo o conjunto de dados com as três ancestralidades (africana, ameríndia e europeia) e outra envolvendo o conjunto de dados com as ancestralidades avaliadas separadamente. A primeira análise discriminante mostrou que as variáveis referentes à ancestralidade genética representavam as variáveis de maior discriminação das comunidades.

Tabela 5.32 Coeficientes padronizados de amostra total das variáveis com poder discriminante, a porcentagem de variância explicada por duas funções discriminantes e significância de cada função discriminante (p-valor).

Variáveis	Coeficientes de função discriminante	
	Z1	Z2
Idade	-0,15018123	-0,33094722
Sexo	0,34445892	-0,18083722
SSE	0,77033699	0,03671949
PAS	-0,02725308	0,27529616
PAD	0,02260456	-0,47714828
IMC	0,52174097	0,25181901
CA	-1,68621940	0,55904763
CA/E	1,54496617	-1,10459746
COLT	-0,23746798	0,46089434
TRI	-0,15143980	-0,64224336
LDL	0,43014525	-2,05903805
HDL	-0,09621454	-0,52606471
NHDL	0,07523083	2,07639044
GLICO	0,06161913	0,35409334
Ancestralidade africana	11,01043994	-19,58068415
Ancestralidade ameríndia	5,35462231	-8,40008593
Ancestralidade europeia	10,44794959	-17,73484769
GAF	-0,30906843	-0,20395451
Tabagismo	-0,04630556	-0,11903997
Álcool	0,11837632	0,58095441
Eigenvalue	3,3794	0,3245
Proporção	91,24	8,76
p value	<0,0001	<0,0001

Por meio da análise incluindo as ancestralidades separadamente, a Tabela 5.33 mostrou que a primeira função foi capaz de explicar 91,49% da variação entre as três comunidades com o conjunto de dados incluindo a ancestralidade africana. Comparando-se os valores entre os grupos, os coeficientes mais elevados indicaram que as variáveis que permitiram maior discriminação das comunidades foram: CA, CA/E e ancestralidade africana.

Tabela 5.33 Coeficientes padronizados de amostra total das variáveis com poder discriminante, a porcentagem de variância explicada por duas funções discriminantes e significância de cada função discriminante (p-valor).

Variáveis	Coeficientes de função discriminante	
	Z1	Z2
Idade	-0,161255038	-0,374476632
Sexo	0,382477750	-0,119016694
SSE	0,781083718	0,088461272
PAS	-0,028778094	0,283454390
PAD	0,032031490	-0,475840192
IMC	0,552868255	0,326260760
CA	-1,798292836	0,358982804
CA/E	1,653443995	-0,946115944
COLT	-0,266191945	0,423315924
TRI	-0,155297475	-0,627640808
LDL	0,465787017	-1,972209921
HDL	-0,080660173	-0,520607637
NHDL	0,085091142	2,054496912
GLICO	0,076614987	0,390400942
Ancestralidade africana	-0,829449859	0,262357363
GAF	-0,286462152	-0,186181220
Tabagismo	-0,017257792	-0,086612146
Álcool	0,111036404	0,593022310
Eigenvalue	3,2588	0,3030
Proporção	91,49%	8,51%
p value	<0,0001	<0,0001

Já as Tabelas 5.34 e 5.35 mostraram a análise do conjunto de dados incluindo as ancestralidades ameríndia e europeia, respectivamente, Nessas tabelas, as variáveis que permitiram maior discriminação foram CA, CA/E e SSE, como observada anteriormente no estudo epidemiológico com a amostra total sem avaliação da ancestralidade genética (ver capítulo 4).

Tabela 5.34 Coeficientes padronizados de amostra total das variáveis com poder discriminante, a porcentagem de variância explicada por 2 funções discriminantes e significância de cada função discriminante (p-valor).

Variáveis	Coeficientes de função discriminante	
	Z1	Z2
Idade	-0,188458491	-0,314637289
Sexo	0,377882670	-0,247006132
SSE	0,841242667	-0,082159166
PAS	-0,066419842	0,319937253
PAD	-0,008476590	-0,485574195
IMC	0,479367094	0,241848835
CA	-1,464410831	0,619830877
CA/E	1,420389354	-1,250239401
COLT	-0,100238542	0,421576046
TRI	-0,151584756	-0,644806233
LDL	0,173683052	-2,019897286
HDL	-0,163754722	-0,501154164
NHDL	0,293310606	2,004365213
GLICO	0,040504680	0,382225280
Ancestralidade ameríndia	0,426618063	0,168456177
GAF	-0,435010053	-0,101554618
Tabagismo	-0,025048862	-0,135963366
Álcool	0,079498587	0,626793618
Eigenvalue	2,5420	0,2949
Proporção	89,60	10,40
p value	<0,0001	<0,0001

Tabela 5.35 Coeficientes padronizados de amostra total das variáveis com poder discriminante, a porcentagem de variância explicada por duas funções discriminantes e significância de cada função discriminante (p-valor).

Variáveis	Coeficientes de função discriminante	
	Z1	Z2
Idade	-0,201627773	0,360259633
Sexo	0,462760325	0,133477104
SSE	0,840288164	-0,091998095
PAS	-0,050615981	-0,270367629
PAD	0,039300801	0,472203678
IMC	0,585477842	-0,294040352
CA	-1,888605096	-0,437672908
CA/E	1,778424685	0,991040366
COLT	-0,256695268	-0,446115333
TRI	-0,125372414	0,615832338
LDL	0,485386819	1,982836136
HDL	-0,079915072	0,525354647
NHDL	0,110578454	-2,035110213
GLICO	0,088216189	-0,366690650
Ancestralidade europeia	0,544922904	0,352652101
GAF	-0,306446855	0,214261958
Tabagismo	0,037075751	0,099654181
Álcool	0,076033818	-0,576067382
Eigenvalue	2,7048	0,3189
Proporção	89,45	0,1055
p value	<0,0001	<0,0001

A Tabela 5.36 resume como os dados do teste estatístico são classificados, mostrando o número de observações em cada grupo. A proporção de correspondência de classificação em Cocalinho foi 94,23% e em Kalunga 98,32%. É possível observar que a comunidade Pé do Morro foi reclassificada em 64,29% dos indivíduos na comunidade Cocalinho e 25,00% na comunidade Kalunga, indicando que este grupo populacional urbano foi mais difícil de discriminar com esse conjunto de dados. Comparando-se esses valores com os resultados da análise discriminante do capítulo anterior (ver capítulo 4) a variável ancestralidade genética aumentou o percentual de classificação em cada uma das comunidades, porém Pé do Morro permaneceu menos discriminada que as demais. Esses resultados sugerem que a

ancestralidade genética africana é uma co-variável do status socioeconômico nessas populações.

Tabela 5.36 Resumo do número de observações e percentual da classificação das comunidades

Comunidades	Cocalinho	Pé do Morro	Kalunga	Total
Cocalinho	49 (94,23%)	--	3 (5,77%)	52 (100,0%)
Pé do Morro	36 (64,29%)	6 (10,71%)	14 (25,00%)	56 (100,0%)
Kalunga	2 (1,68%)	--	117 (98,32%)	119 (100,0%)
Total	87 (38,33%)	6 (2,64%)	134 (59,03%)	227 (100,0%)

O gráfico de pontuação canônica (Figura 5.2) mostra como as duas funções canônicas classificaram as observações entre as comunidades, traçando o escore de observação. O gráfico fornece um resumo sucinto da separação das observações. Quanto mais as observações se agrupam ao modelo discriminante, melhor discriminados são os grupos populacionais, sendo assim foi possível observar que as comunidades rurais Cocalinho e Kalunga foram discriminadas enquanto a urbana Pé do Morro não.

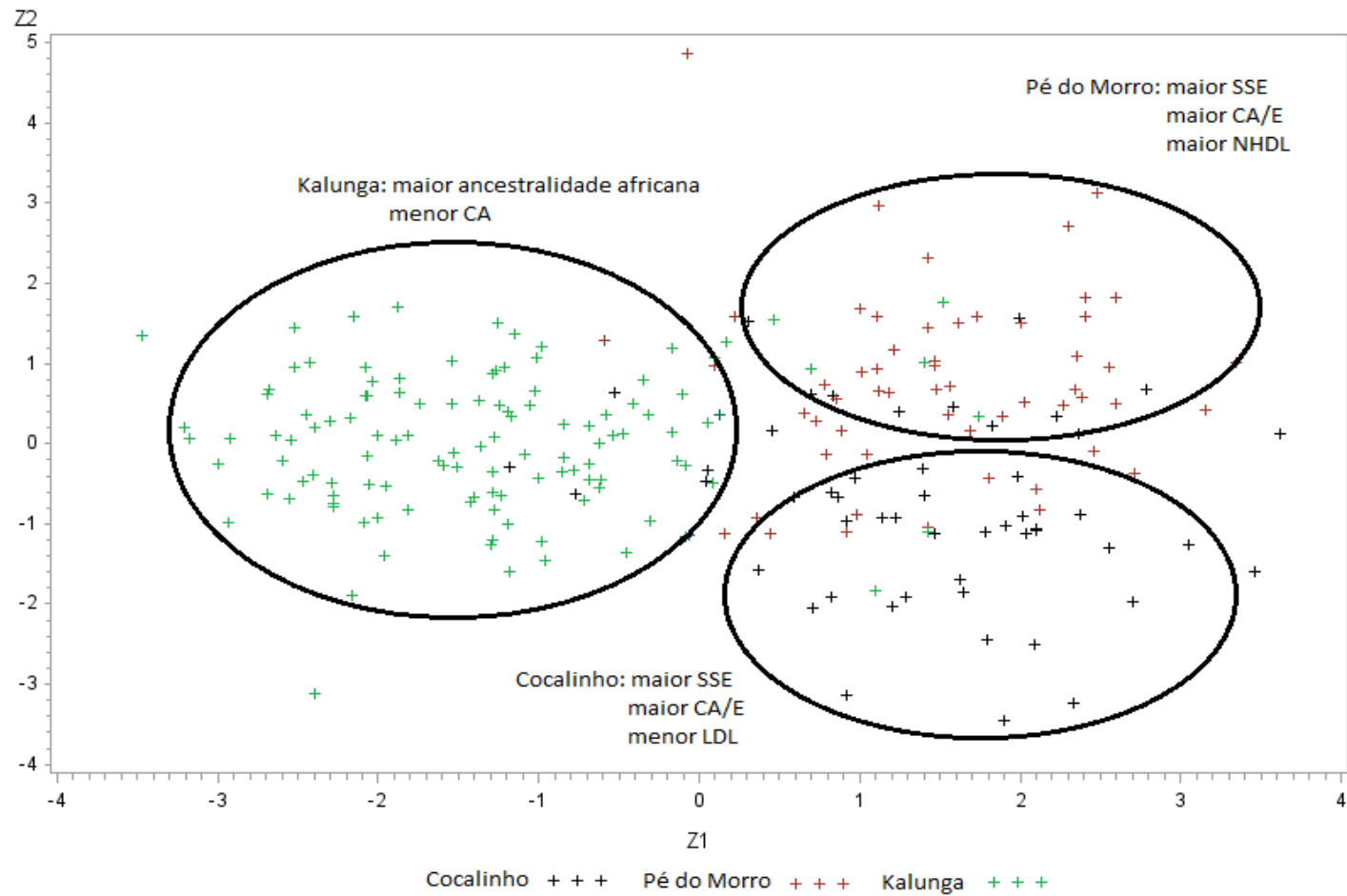


Figura 5.2 Gráfico de pontuação canônica de acordo com as funções de extração da análise discriminante. SSE (status socioeconômico); CA/E (razão circunferência abdominal/estatura); LDL (lipoproteína de baixa densidade); NHDL (lipoproteínas que não apresentam alta densidade). Cada cruz representa um indivíduo que foi classificado e plotado de acordo com a estimativa do panorama epidemiológico e estimativas de ancestralidade genética baseada nas funções extraídas da análise discriminante de função. As comunidades Cocalinho e Kalunga foram mais individualizadas em relação perfil epidemiológico do que a comunidade Pé do Morro.

5.5. DISCUSSÃO

O componente étnico-racial é amplamente utilizado em estudos epidemiológicos, incluindo investigações de iniquidades em saúde. Por outro lado, com a inovação tecnológica e menores custos dos testes genéticos, as estimativas de ancestralidade genética tem colaborado na compreensão da etiologia de diversos problemas de saúde.

Questiona-se se indivíduos classificados como negros apresentam estimativas de ancestralidade genética africana mais elevadas do que um indivíduo classificado como branco. Em se tratando de populações miscigenadas como a brasileira, diferentes padrões de contribuição genética podem ser observados (Parra et al., 2003; Pena, 2005; Pena et al., 2011). Como apresentado no Capítulo 3, foi observada associação significativa entre a contribuição genética europeia ea autoclassificação fenotípica branca, assim como contribuição africana e autoclassificação negra, nas comunidades quilombolas Cocalinho e Kalunga. De fato, a utilização do componente étnico-racial em populações miscigenadas, incluindo até mesmo comunidades tradicionais, como as quilombolas, é controverso, visto que a autoclassificação fenotípica não obrigatoriamente representa um bom indicador da composição genética (Parra et al., 2003; Mersha e Abebe, 2015). Há um debate entre profissionais das diversas áreas, como clínicos, geneticistas de populações e epidemiologistas, com relação as perspectivas e benefícios das estimativas de ancestralidade genética (Yu et al., 2012). De fato, no que se refere à sua aplicação, aparentemente a melhor solução depende da questão científica e populações a serem estudadas (Yu et al., 2012).

Assim, em nosso estudo avaliamos a influência da autoclassificação fenotípica e da ancestralidade genética na distribuição e variação de fatores de risco para doenças cardiovasculares. De acordo com nossos resultados, constatamos que a ancestralidade genética tem um papel pequeno em comparação aos fatores ambientais e socioeconômicos. Foram observadas determinadas tendências que nos levam a postular que o papel da ancestralidade não é nulo.

Dentre os fatores de risco para DCV, foi observado, nesse trabalho, uma associação entre a autoclassificação fenotípica e a variação de glicemia na comunidade Kalunga. Nessa comunidade os níveis mais baixos de glicemia foram observados em indivíduos da categoria negra, sugerindo menor probabilidade de casos de diabetes nesse grupo, o que difere da literatura, que demonstra níveis glicêmicos mais elevados entre autodeclarados negros (Moretto et al., 2016; Kountz et al., 2017; Mouton et al., 2017; Cavagnoli et al., 2017).

A ancestralidade genética tem sido apontada como um fator de influência na ocorrência, no diagnóstico e tratamento de doenças crônicas como hipertensão, obesidade e diabetes mellitus em Afrodescendentes. Contudo, grande parte desses estudos foi realizado em populações norte-americanas ou de ascendência europeia (Kosoy et al., 2012; Qi et al., 2012), o que tem gerado investigações sobre o papel da origem parental africana no desenvolvimento de doenças cardiovasculares em populações miscigenadas.

Considerando a ancestralidade genética, nossos resultados revelaram que as variáveis antropométricas e concentrações séricas de triglicerídeos foram inversamente correlacionadas às estimativas de ancestralidade genética africana em Kalunga, enquanto os níveis séricos de LDL e NHDL foram inversamente correlacionados às estimativas de ancestralidade africana em Cocalinho. Nessas duas comunidades as estimativas de ancestralidade africana foram também associadas a níveis séricos mais elevados de HDL. De acordo com a literatura, apesar da resistência à insulina, doenças cardiovasculares e diabetes tipo 2 estarem associadas aos níveis elevados de triglicerídeos, estes valores em geral são normais em indivíduos Afrodescendentes. Esta condição é frequentemente denominada "paradoxo lipídico". Em autodeclarados brancos, a dislipidemia da resistência à insulina segue o padrão do nível de triglicerídeos elevado e nível de colesterol HDL baixo. Por outro lado, em negros, o perfil característico é nível de triglicerídeos normal e HDL baixo. Este padrão tem sido observado em negros americanos, do oeste africano e América do Sul (Yu et al., 2012, Ariel et al., 2013; Frak et al., 2014; Keswell et al., 2016).

Há evidências de que os níveis de colesterol variam de acordo com o grupo étnico-racial e com a ancestralidade genética. Dados do *National Health and Nutrition Examination Survey* (NHANES) (2009-2010) apontaram que os homens autodeclarados hispânicos tinham uma maior prevalência de colesterol total elevado quando comparados aos brancos e negros (14,8% vs. 11,5% e 8,8%). Esse padrão não se repetiu para as mulheres, onde as estadunidenses de ancestralidade europeia apresentaram concentrações séricas mais elevadas de colesterol total (15,3%) quando comparadas às Afro-americanas (10,9%) e latinas (13,7%). Para LDL, latinos do sexo masculino apresentaram valores mais elevados (38,8%) em comparação com 30,7% dos Afro-americanos e 29,4% para os Euro-americanos (Mozaffarian et al., 2015). Entre as mulheres, os resultados foram diferentes, com elevadas concentrações de LDL mulheres Afro-americanas (33,6%), seguida pelas latinas (31,8%) e Euro-Americanas (32,0%) (Mozaffarian et al., 2015). Estudos de base populacional observaram níveis séricos

mais elevados de HDL entre negros do que entre os brancos, incluindo estudos nos Estados Unidos, Canadá e Reino Unido (Yu et al., 2012).

Um dos mecanismos propostos é a atividade da lipoproteína lipase (LPL), que degrada partículas ricas em triglicerídeos da circulação e que é mais elevada em negros do que em brancos. Além disso, a atividade de LPL é inibida pela apolipoproteína CIII (apoCIII) e os níveis de apoCIII são mais baixos em negros que em brancos. A atividade de LPL é também inibida por resistência à insulina em brancos, mas não em negros, o que implica em maior atividade de LPL e menor inibição. O sinergismo desses mecanismos torna o *clearance* de triglicerídeos maior em negros (Yu et al., 2012).

Nossos resultados estão de acordo com relatos da literatura. Um estudo realizado no Caribe, revelou que indivíduos de ancestralidade autodeclarada africana apresentaram níveis de triglicerídeos mais baixos que sul-asiáticos e mistos (Ramdath et al., 2013). Um outro estudo, esse realizado no Brasil, com amostras do projeto ELSA (Estudo Longitudinal de Saúde de Adultos), mostrou que a categoria negra estava associada a níveis séricos mais baixos de triglicerídeos e mais elevados de HDL do que a categoria branca (Santos, 2015). Já em um outro estudo brasileiro, foi observada uma correlação positiva significativa entre ancestralidade genética europeia e obesidade (Lins e colaboradores (2012). Já a ancestralidade africana mostrou correlação positiva com hipertrigliceridemia e hiperlipidemia (LDL), sugerindo que a estimativa de miscigenação pode se relacionar a etiologia de doenças metabólicas e obesidade em mulheres. Assim, sugere-se que haja uma associação entre perfil lipídico e ancestralidade africana, contudo conjugada com os fatores ambientais. Um estudo realizado na Nigéria apontou que embora os níveis séricos de TRIG e LDL tenham sido maiores nos hipertensos, não diferiram significativamente entre os hipertensos e os controles (Adamu et al., 2013), o que sugere que o perfil lipídico em populações com elevada contribuição africana não seja alterado mesmo com exposição e coexistência de fatores de risco.

Um estudo norte-americano envolvendo 2814 autodeclarados Afro-americanos (*Atherosclerosis Risk in Communities study*) e 1611 (*Multi-Ethnic Study of Atherosclerosis*) avaliou a associação entre ancestralidade genética, IMC, CA e circunferência do quadril, observando que a ancestralidade genética africana foi inversamente associada à obesidade central entre os homens, mas não entre as mulheres (Klimentidis et al., 2016).

Segundo a Pesquisa Nacional em Saúde (2013), a proporção de brancos que referiram colesterol alterado (13,4%) foi maior que a entre negros e pardos (11,2% e 11,8%,

respectivamente), sugerindo um padrão lipídico diferenciado entre afrodescendentes. Assim, a relação entre o componente étnico-racial, ancestralidade genética e o perfil lipídico é complexo, mas as diferenças relatadas foram repetidamente observadas. É possível que essa informação possa ser útil na prática clínica, visto que os resultados de perfil lipídico de indivíduos classificados como negros podem confundir a avaliação de risco para DCV e acarretar a atrasos nas intervenções em uma população vulnerável. Aliado a esse cenário, a ancestralidade genética africana foi associada a piores parâmetros de função diastólica em pacientes brasileiros com insuficiência cardíaca congestiva (ICC), enquanto a ancestralidade ameríndia foi associada a níveis de pressão sistólica mais elevados (Bernardez-Pereira et al., 2016) Um outro estudo brasileiro transversal envolvendo 503 pacientes com insuficiência cardíaca do Sistema Único de Saúde (SUS), observou que indivíduos com maior contribuição de ascendência ameríndia apresentaram maiores taxas de sobrevivência (Cardena et al., 2014). Esses dados permitem sugerir uma explicação para as diferenças no prognóstico quando conhecido grupo étnico-racial. Uma vez que a relação custo-efetividade seja benéfica, a ancestralidade genética provavelmente pode ser incorporada na prática clínica para definir grupos de alto risco e, possivelmente, na formulação de um guia tratamento (Bernardez-Pereira et al., 2016).

Nenhuma associação entre as estimativas de ancestralidade genética e glicemia foi verificada em Kalunga, porém em Pé do Morro foi observada uma correlação direta entre ancestralidade africana e glicemia. Um estudo norte-americano investigou a associação do risco de diabetes e a ancestralidade genética de 16.476 autodeclaradas Afro-Americanas e hispânicas por meio de 92 marcadores informativos de ancestralidade (AIM). Foi observada uma associação significativa entre ancestralidade genética africana e ameríndia e o risco de diabetes, mesmo após ajuste de idade, *status* sócioeconômico e índice de massa corporal (IMC) (Qi et al., 2012). Em um estudo do tipo caso-controle com a população colombiana, a ancestralidade ameríndia estimada por meio de AIM, foi significativamente mais elevada entre casos de diabetes tipo 2 do que nos controles (32% vs 29%) (Campbell et al., 2012).

Em Kalunga a idade foi uma variável preditora relevante na explicação da variação dos níveis pressóricos sistólicos. O aumento da pressão sistólica se dá ao longo de toda a vida, ao contrário da pressão diastólica, que se eleva até por volta de 50 anos, tendendo a se estabilizar ou até mesmo a sofrer redução após essa idade. A prevalência da hipertensão sistólica aumenta com a idade e por volta dos 50 anos de idade torna-se a forma mais comum da hipertensão arterial. A pressão arterial diastólica é um fator de risco para doenças

cardiovasculares mais importante que a pressão sistólica até os 50 anos de idade e após essa faixa etária a pressão sistólica passa a ser mais relevante que a diastólica (Chobanian et al., 2003; Chobanian et al., 2009).

Considera-se que população autodeclarada negra é mais exposta à discriminação e pobreza (Faerstein et al., 2014), porém é notável que elas apresentam perfis de saúde diferentes e, possivelmente, não associados ao componente étnico-racial e ancestralidade genética, mas às condições sociais, econômicas e ambientais. Nosso estudo mostrou três comunidades quilombolas, nas quais aquela com o maior componente genético africano e menor SSE, apresentou a menor prevalência de DCV. Poderia ser incoerente, mas devemos ter ciência que o componente ambiental direciona como será a resposta, isto é, considerando a Teoria da Origem e Desenvolvimento da Saúde e Doença (TODSD) é possível propor uma justificativa para eventos transgeracionais das diferenças na saúde cardiovascular entre grupos populacionais submetidos a diferentes pressões ecológicas ao longo da vida (Kuzawa e Sweet, 2009). Aliado a isso, apresentam estilos de vida diferenciados, altamente associados ao processo de urbanização, como observamos também em determinados estudos realizados na África (Oguoma et al., 2015; Ajayi et al., 2016; Ofori-Asenso et al., 2016; Akindele et al., 2016).

Com o objetivo de analisar as diferenças entre as prevalências de fatores de risco de doenças crônicas não transmissíveis segundo raça/cor no Brasil, foi realizado um estudo transversal com dados de inquérito telefônico envolvendo 45.448 adultos. Foram verificadas diferenças nos fatores de risco segundo raça/cor que podem ser explicadas por aspectos culturais e diferenças socioeconômicas, as quais determinam menor acesso a bens e menos oportunidades para a população negra (Malta et al., 2015). Nossos resultados da análise multivariada mostraram que as variáveis ancestralidade genética africana, CA e CA/E foram as mais relevantes na discriminação das comunidades quilombolas. Por outro lado, a ancestralidade genética europeia e ameríndia não foram informativas. Pode-se propor a partir desses resultados que índices mais baixos de SSE estão associados à ancestralidade africana, sugerindo que a ancestralidade africana é co-variável do *status* sócioeconômico, como demonstrado em diversos estudos (Gravlee et al., 2005; Barata et al., 2007; Barata, 2009; Lima-Costa et al., 2014; Singh et al., 2015). Ainda, a discordância entre a cor da pele e níveis pressóricos varia com o SSE, de modo que a cor mais escura, relativa à maior pigmentação, está associada a PAS em contextos de SES baixa, mas com menor PAS em contextos de SSE elevado (Gravlee et al., (2005). Sugere-se que as disparidades entre

grupos étnico-raciais sejam devido a interação entre fatores ambientais e genéticos, visto que, em nosso estudo, Kalunga apresentou a maior contribuição genética africana, menor SSE e menor prevalência de DCV quando comparadas às outras comunidades.

Buscando avaliar se a composição genética era diferente entre indivíduos de uma mesma localidade geográfica pertencentes a diferentes extratos sócioeconômicos, Dalton (2010) avaliou por meio de STR autossômicos amostras biológicas oriundas de um laboratório público e outro privado de identificação humana do Distrito Federal. Por meio dessas análises, o autor verificou uma maior contribuição europeia em grupos populacionais com SSE mais elevado, contrastando com uma maior proporção do componente africano entre indivíduos de uma classe economicamente mais baixa. Contudo, ressalta-se que nesse estudo o autor partiu da premissa que os indivíduos amostrados em um laboratório público apresentavam baixo poder aquisitivo quando comparados aos indivíduos oriundos do laboratório privado, o que confere um viés de recrutamento, visto que não foi utilizado critérios de investigação individual do status sócioeconômico na amostra.

Em um outro estudo, envolvendo 1246 crianças de Salvador, Bahia, verificou-se que estimativas mais elevadas da ancestralidade genética individual africana foram associadas a um baixo *status* sócioeconômico, tendo como variáveis a renda familiar e o nível de escolaridade materna. Além disso, ancestralidade africana foi associada a piores condições ambientais (ausência de água encanada e presença relatada de roedores no domicílio) e infecções parasitárias (Magalhães, 2016). Apesar desses estudos não terem sido realizados com populações tradicionais, estes resultados demonstraram a manutenção de uma estratificação genética e social na população brasileira, onde indivíduos com maior ancestralidade africana ocupam posições economicamente mais baixas.

De acordo com nossa revisão da literatura, grande parte dos estudos que analisaram a associação entre doenças cardiovasculares e ancestralidade genética foram conduzidos nos Estados Unidos e no Caribe, apresentando resultados heterogêneos (Hutchinson et al., 1986; Robinson et al., 2004; Reiner et al., 2005; Tang et al., 2006; Klimentidis et al., 2010; Dumitrescu et al., 2015; Quinlan et al., 2016; Nandakumar et al., 2017). Um estudo brasileiro, envolvendo indivíduos acima de 60 anos de idade do Projeto Bambuí-Epigen, não observou associação significativa entre ancestralidade genética africana e pressão arterial sistólica, similar ao resultado de nosso estudo. Esses resultados sugerem que o aumento da pressão arterial, IMC e glicemia ocorre independentemente das estimativas de ancestralidade genética, sendo possivelmente relacionado ao estilo de vida e status socioeconômico dos indivíduos.

Sugere-se que fatores sociais e ambientais são determinantes na prevalência e variação de níveis pressóricos, IMC e glicemia nas comunidades avaliadas, contudo, não se pode excluir a possibilidade da ocorrência de fatores genéticos. Por exemplo, estudos em *quilombos* do Vale do Ribeira em São Paulo têm apontado variantes para hipertensão e obesidade, porém utilizando as estimativas de ancestralidade genética como controle para estudo de caso/controle (Yeh et al., 2008; Angeli et al., 2011; Kimura et al., 2012). Aliado a isso, a média de idade na nossa amostra foi acima de 50 anos de idade, o que não permite generalizações dos resultados para amostras mais jovens.

Com os resultados da análise multivariada, observou-se uma covariação entre SSE e ancestralidade genética africana. É importante destacar que a classe social de um dado indivíduo resulta de processos históricos, o que pode incluir herança da escravidão e outros sistemas de dominação a que os negros e grupos nativo-americanos foram submetidos. Porém, ressalta-se que independentemente da ancestralidade genética covariar com SSE e desvantagens sociais, ela não capta processos sociológicos e culturais, altamente dinâmicos, e que influenciam significativamente nos indicadores de saúde. Assim, nossos resultados indicam a necessidade de extremo critério na interpretação de análises que exploram a associação entre a ancestralidade genética e desfechos de interesse para a saúde. E mais, critério deve ser também utilizado em estudos de associação entre ancestralidade genética e identidade étnico-racial, onde além dos aspectos culturais, são destacáveis os aspectos políticos.

Em consonância com o capítulo anterior, podemos apontar que os indivíduos com maior contribuição genética africana são aqueles que apresentam menor *status* socioeconômico, mas essas características não foram associadas à maior prevalência de fatores de risco para doenças cardiovasculares. As populações Afro-derivadas das Américas são geneticamente muito heterogêneas por causa de sua própria trajetória evolutiva e isto representa um forte argumento contra explicações étnico-raciais e genéticas para as elevadas taxas de prevalência de hipertensão, por exemplo, entre os indivíduos categorizados como negros (Madrigal, 2009). Provavelmente um estilo de vida rural tradicional, como observado em Kalunga e em outras populações africanas (Cooper et al., 2015; Ajayi et al., 2016; Ofori-Asenso et al., 2016), contribui para menor prevalência de doenças cardiovasculares. Por exemplo, um estudo envolvendo indivíduos de comunidades Afro-derivadas de Chicago, Kingston, Jamaica, Gana e África do Sul, faixa etária de 25 a 49 anos, verificou uma prevalência mais elevada de hipertensão nas comunidades dos Estados Unidos e África do

Sul. Observou-se uma prevalência de 5% entre homens da comunidade rural de Gana a aproximadamente 30% na África do Sul. Já entre as mulheres, 4% em Gana e 24% nos Estados Unidos (Cooper et al., 2015). Já um estudo envolvendo populações africanas observou as seguintes prevalências para obesidade: Uganda área rural (10%), Uganda área peri-urbana (14%), Tânzania (40%), Nigéria (31%) e África do Sul (54%) (Ajayi et al., 2016). De acordo com os estudos citados e nossos resultados, a urbanização se apresenta como um determinante na ocorrência de doenças cardiovasculares. No entanto, apesar do exposto, surge a questão se podemos ou não ir além dos métodos indiretos aplicados na epidemiologia, como a utilização de estimativas de ancestralidade genética. Em outras palavras, se há ou não uma justificativa biológica para a utilização do componente étnico-racial quando se trata de doenças crônicas.

Considerando que grupos populacionais Afro-derivados apresentam maior variação genética entre eles quando comparados a outros grupos populacionais e que esses grupos estão expostos a diferentes componentes ambientais, espera-se que o perfil epidemiológico seja heterogêneo devido a diferenças na interação gene-ambiente. Mesmo com acesso à ancestralidade genética e a heterogeneidade de resultados observados nos estudos envolvendo populações miscigenadas, é persistente a hipótese de que diferenças na ancestralidade são críticas, principalmente em estudos etiológicos, onde pouco se conhece a interação de diferentes variantes e fatores ambientais na ocorrência de doenças complexas (Zhu et al., 2011). Assim, a falta de replicação em estudos genéticos pode ser devido à falta da análise de dados socioculturais e a incapacidade de testar as interações gene - ambiente. Nossos resultados sugerem estudos adicionais envolvendo mapeamento (*admixture mapping*), que podem ser um úteis na identificação de *loci* associados a doenças cardiovasculares.

5.6 CONCLUSÃO

- ✓ Não foi observada influência da autotranscrição fenotípica e ancestralidade genética na distribuição e variação de fatores de risco para doenças cardiovasculares nas comunidades avaliadas;
- ✓ A análise de função discriminante mostrou que o status socioeconômico está associado às estimativas de ancestralidade genética.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Mais de 2500 comunidades quilombolas estão dispersas pelo país, sendo que, de acordo com o conceito tradicional e o imaginário popular, esperaria-se que estas estivessem vinculadas somente à resistência à escravidão. Porém, por meio da avaliação do padrão de migração realizada nesse trabalho, demonstramos que há heterogeneidade de história de formação entre as comunidades quilombolas do Brasil Central. Esses resultados nos fizeram refletir sobre os quilombos em seu conceito ampliado. Nosso estudo sugere que as particularidades históricas e sociais são dinâmicas e modelam a organização e estrutura genética dessas comunidades, e, conseqüentemente, destacam a importância da coesão cultural e reconhecimento desses indivíduos enquanto um grupo populacional quilombola.

No mesmo contexto, observamos que a autodeclaração étnico-racial nem sempre está relacionada com as estimativas de ancestralidade genética nessas populações, sugerindo que, como a autodeclaração se baseia em um conceito sociocultural passível de viés de classificação, os dados biológicos não constituem ferramentas para identificação étnico-racial. Concluimos que em populações miscigenadas, dados biológicos devem ser utilizados com cautela, não podendo ser diretamente associados ao processo de identidade étnico-racial de um grupo populacional, nem mesmo de uma comunidade tradicional.

Na sequência descrevemos um panorama epidemiológico, mostrando que essas comunidades se encontram em um processo crescente de transição epidemiológica, da comunidade menos urbanizada para a mais urbanizada. Dessa forma, o componente socioeconômico e o estilo de vida representaram elementos fundamentais na determinação da prevalência de fatores de risco para doenças cardiovasculares, não diferindo de outras comunidades não tradicionais e socialmente vulneráveis de nosso país. O estudo sugeriu ainda que a ancestralidade genética tem um papel pequeno na ocorrência de doenças complexas, em comparação aos fatores ambientais e socioeconômicos e que o perfil cardiovascular dessas comunidades está diretamente associado ao de modificação do estilo de vida rústico para mais urbanizado.

Embora determinadas limitações metodológicas possam ser identificadas, entre elas, a limitação geográfica (Kalunga), o fato das comunidades serem pequenos grupos populacionais (Cocalinho e Pé do Morro) e o parentesco entre os habitantes dos quilombos, buscou-se aqui um diferencial. Pouco ainda se conhece sobre essas comunidades e as informações na literatura são estratificadas em diferentes áreas científicas (antropologia,

genética, saúde coletiva e epidemiologia, por exemplo). Pesquisas multi e interdisciplinares como esta podem servir como subsídio para, juntamente com evidências historiográficas e outros estudos populacionais desta natureza, direcionarem à proposição de hipóteses acerca da história, estrutura de populações afrodescendentes e determinantes sociais de saúde. A natureza multidisciplinar do presente estudo chama a atenção para uma melhoria da comunicação entre os cientistas da área biológica, médica, ambiental e antropológica e fornece uma diversidade de dados destinados à formulação de políticas públicas.

Acreditamos que esses resultados poderão servir como fonte primária para estudos comparativos de outras comunidades quilombolas, auxiliando estudos históricos, genéticos, antropológicos, epidemiológicos e o aperfeiçoamento de políticas públicas de saúde já existentes como a Política Nacional de Saúde Integral da População Negra e Programa Brasil Quilombola.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABA, Associação Brasileira de Antropologia 2012. Grupo de trabalho Quilombos (2012). Brasília- Distrito Federal.
- Abe-Sandes, K., Bomfim, T. F., Machado, T. M. B., Abe-Sandes, C., Acosta, A. X., Alves, C. R. B., & Castro Filho, B. G. 2010. Ancestralidade Genômica, nível socioeconômico e vulnerabilidade ao HIV/aids na Bahia, Brasil. *Saúde e Sociedade*, 19(supl. 2): 75-84.
- Adamu, U. G., Okuku, G. A., Oladele, C. O., Abdullahi, A., Oduh, J. I., & Fasae, A. J. 2013. Serum lipid profile and correlates in newly presenting Nigerians with arterial hypertension. *Vasc Health Risk Manag*, 9: 763-768.
- Adefurin, A., Ghimire, L. V., Kohli, U., Muszkat, M., Sofowora, G. G., Paranjape, S. Y., Stein, C. M., & Kurnik, D. 2013. Blacks have a greater sensitivity to alpha1-adrenoceptor-mediated venoconstriction compared with white. *Hypertension*, 61(4): 915-920.
- Adeniyi, O. V., Longo-Mbenza, B., & Goon, D. 2015. Female sex, poverty and globalization as determinants of obesity among rural South African type 2 diabetics: a cross-sectional study. *BMC public health*, 15(1): 298.
- Adogu, P., Ubajaka, C., Emelumadu, O., & Alutu, C. 2015. Epidemiologic Transition of diseases and health-related events in Developing Countries: A Review. *American Journal of Medicine and Medical Sciences*, 5(4): 150-157.
- Aikins D.G, A., Pitchforth, E., Allotey, P., Ogedegbe, G., & Agyemang, C. 2012. Culture, ethnicity and chronic conditions: reframing concepts and methods for research, interventions and policy in low- and middle-income countries. *Ethn Health*, 17(6): 551-561.
- Ajayi, I. O., Adebamowo, C., Adami, H.-O., Dalal, S., Diamond, M. B., Bajunirwe, F., Guwatudde, D., Njelekela, M., Nankya-Mutyoba, J., & Chiwanga, F. S. 2016. Urban-rural and geographic differences in overweight and obesity in four sub-Saharan African adult populations: a multi-country cross-sectional study. *BMC public health*, 16(1): 1126.
- Akindele, M. O., Phillips, J. S., & Igumbor, E. U. 2016. The relationship between body fat percentage and body mass index: Overweight and obese individuals in an urban African setting. *Journal of Public Health in Africa*, 7(1).
- Al-Alem, U., Rauscher, G., Shah, E., Batai, K., Mahmoud, A., Beisner, E., Silva, A., Peterson, C., & Kittles, R. 2014. Association of genetic ancestry with breast cancer in ethnically diverse women from Chicago. *PLoS One*, 9(11): e112916.
- Albuquerque, D., Stice, E., Rodriguez-Lopez, R., Manco, L., & Nobrega, C. 2015. Current review of genetics of human obesity: from molecular mechanisms to an evolutionary perspective. *Mol Genet Genomics*, 290(4): 1191-1221.
- Almeida, J. B., Kian, K. O., Lima, R. C., & Souza, M. C. 2016. Total and Abdominal Adiposity and Hypertension in Indigenous Women in Midwest Brazil. *PLoS One*, 11(6): e0155528.
- Almeida, R. C., Gandolfi, L., De Nazare Klautau-Guimaraes, M., Ferrari, I., Sousa, S. M., Abe-Sandes, K., Barbosa, A. A., Simoes, A. L., Pratesi, R., & Oliveira, S. F. 2012. Does celiac disease occur in Afro-derived Brazilian populations? *Am J Hum Biol*, 24(5): 710-712.
- Almond, D., & Currie, J. 2011. Killing Me Softly: The Fetal Origins Hypothesis. *J Econ Perspect*, 25(3): 153-172.
- Alvarado-Mora, M. V., Botelho, L., Gomes-Gouvêa, M. S., de Souza, V. F., Nascimento, M. C., Pannuti, C. S., Carrilho, F. J., & Pinho, J. R. 2011. Detection of Hepatitis B virus subgenotype A1 in a Quilombo community from Maranhão, Brazil. *Virology journal*, 8(1): 415.
- Alves-Silva, J., da Silva Santos, M., Guimarães, P. E., Ferreira, A. C., Bandelt, H.-J., Pena, S. D., & Prado, V. F. 2000. The ancestry of Brazilian mtDNA lineages. *The American Journal of Human Genetics*, 67(2): 444-461.
- Alves, C., Fortuna, C. M., & Toralles, M. B. P. 2008. A aplicação e o conceito de raça em saúde pública: definições, controvérsias e sugestões para uniformizar sua utilização nas pesquisas biomédicas e na prática clínica. *Gazeta Médica da Bahia*, 74(1).
- Alves, R. F. S., & Faerstein, E. 2016. Desigualdade educacional na ocorrência de obesidade abdominal por sexo e cor/raça: Estudo Pró-Saúde, 1999-2001 e 2011-2012. *Cadernos de Saúde Pública*, 32(2).
- Alvim, R.O., Mourao-Junior, C. A., de Oliveira, C. M., Krieger, J. E., Mill, J. G., & Pereira, A. C. 2014. Body mass index, waist circumference, body adiposity index, and risk for type 2 diabetes in two populations in Brazil: general and ameríndian. *PloS one*, 9(6): e100223.
- Aminde, L. N., Atem, J. A., Kengne, A. P., Dzudie, A., & Veerman, J. L. 2017. Body mass index-measured adiposity and population attributability of associated factors: a population-based study from Buea, Cameroon. *BMC obesity*, 4(1): 1.

- Amorim, C. E., Gontijo, C. C., Falcao-Alencar, G., Godinho, N. M., Toledo, R. C., Pedrosa, M. A., Luizon, M. R., Simoes, A. L., Klautau-Guimares, M. N., & Oliveira, S. F. 2011. Migration in Afro-Brazilian rural communities: crossing demographic and genetic data. *Hum Biol*, 83(4): 509-521.
- Amorim, C. E. G. 2009. Genética de populações e reinterpretção da história demográfica de remanescentes de quilombos: uma comparação entre três populações do nordeste brasileiro. Dissertação (Mestrado em Biologia Animal) -Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Brasília (UnB), Brasília.
- Amorim, C.E.G. , Nunes, K., Meyer, D., Comas, D., Bortolini, M. C., Salzano, F. M., & Hunemeier, T. 2017. Genetic signature of natural selection in first Americans. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 114(9): 2195-2199.
- Angeli, C. B., Kimura, L., Auricchio, M. T., Vicente, J. P., Mattevi, V. S., Zembruski, V. M., Hutz, M. H., Pereira, A. C., Pereira, T. V., & Mingroni-Netto, R. C. 2011. Multilocus analyses of seven candidate genes suggest interacting pathways for obesity-related traits in Brazilian populations. *Obesity (Silver Spring)*, 19(6): 1244-1251.
- Angeli, C. B. 2008. Susceptibilidade genética e outros fatores de risco associados ao sobrepeso e à obesidade em populações afro-descendentes do Vale do Ribeira-SP. Universidade de São Paulo.
- Anjos, R. S. A., & Cypriano, A. 2006. Quilombolas. *Tradições e cultura da resistência. São Paulo: Aori Comunicação*.
- Anjos, R. S. A. d. 2011. Cartografia Da DiÁspora África – Brasil. *Revista da Anpege*, 7(1): 261-274.
- Antón, J.; Bello, A.; Del Popolo, F.; Paixão, M.; Rangel, M. Santiago. 2009. Chile, Serie Población y desarrollo 87, Naciones Unidas CEPAL, p.13-35
- Araújo, J. D. d. 2012. Polarização epidemiológica no Brasil. *Epidemiologia e Serviços de Saúde*, 21(4): 533-538.
- Arruti, J. M. A., & Monteiro, J. M. 2006. *Mocambo: antropologia e história do processo de formação quilombola*: Edusc.
- Ashwell, M., Gunn, P., & Gibson, S. 2012. Waist-to-height ratio is a better screening tool than waist circumference and BMI for adult cardiometabolic risk factors: systematic review and meta-analysis. *Obesity reviews*, 13(3): 275-286.
- Aurélio Neto, O. 2016. A pecuária tradicional como forma de (re)existir no campo: o gado Curraleiro no Território Quilombola Kalunga, na região nordeste de Goiás. *Élisée, Rev. Geo. UEG – Anápolis*, v.5, n.1, p.57-77, jan. /jun. 2016.
- Baiocchi, M. d. N. 1996. Kalunga- A sagrada terra. *Rev. Fac. Dir. UFG*, 19/20(1): 107-120.
- Baldwin-Jones, A. E. 2011. The Jamaican marronage, a social pseudomorph: The case of the Accompong Maroons. CiteSeer.
- Bamshad, M. J., Wooding, S., Watkins, W. S., Ostler, C. T., Batzer, M. A., & Jorde, L. B. 2003. Human population genetic structure and inference of group membership. *The American Journal of Human Genetics*, 72(3): 578-589.
- Barbosa, M. d. C. L., Barbosa, J. B., Guerra, L. F. A., Barbosa, M. F. L., Barbosa, F. L., Barbosa, R. L., Guida, D. L., Martins, M. L. B., Bouskela, E., & Nascimento, M. d. D. S. B. 2015. Dislipidemia e risco cardiovascular em afrodescendentes: um estudo em comunidades quilombolas do Maranhão, Brasil. *Revista Brasileira de Medicina de Família e Comunidade*, 10(36).
- Barata, R. B., Almeida, M. F. d., Montero, C. V., & Silva, Z. P. d. 2007. Health inequalities based on ethnicity in individuals aged 15 to 64, Brazil, 1998. *Cadernos de Saúde Pública*, 23(2): 305-313.
- Barcelos, R.S.S. Constituição genética de populações urbanas do Centro-Oeste brasileiro (Goiás e Distrito Federal) estimada por marcadores uniparentais Y-específicos e do DNAm. 2006. Tese de Doutorado. Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal. Universidade de Brasília. Brasília, DF.
- Barker, D. J., Osmond, C., Winter, P., Margetts, B., & Simmonds, S. J. 1989. Weight in infancy and death from ischaemic heart disease. *The Lancet*, 334(8663): 577-580.
- Barroso, S. M., Melo, A. P. S., & Guimarães, M. D. C. 2014. Depressão em comunidades quilombolas no Brasil: triagem e fatores associados. *Rev Panam Salud Publica* 35(4).
- Bateson, P., Barker, D., Clutton-Brock, T., Deb, D., D'udine, B., Foley, R. A., Gluckman, P., Godfrey, K., Kirkwood, T., & Lahr, M. M. 2004. Developmental plasticity and human health. *Nature*, 430(6998): 419-421.
- Bedoya, G., Montoya, P., García, J., Soto, I., Bourgeois, S., Carvajal, L., Labuda, D., Alvarez, V., Ospina, J., & Hedrick, P. W. 2006. Admixture dynamics in Hispanics: a shift in the nuclear genetic ancestry of a South American population isolate. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 103(19): 7234-7239.
- Beltrão, J. (Coord.). 2008. Universidade Federal do Pará. PROJETO DE PESQUISA: Corpo Presente: Representações de Saúde entre Quilombolas e Políticas Públicas. (Edital Universal FAPESPA 003\2008). Universidade Federal do Pará.
- Benedet, A. L., Moraes, C. F., Camargos, E. F., Oliveira, L. F., Souza, V. C., Lins, T. C., Henriques, A. D., Carmo, D. G., Machado-Silva, W., Araujo, C. N., Cordova, C., Pereira, R. W., & Nobrega, O. T. 2012.

- ameríndian genetic ancestry protects against Alzheimer's disease. *Dement Geriatr Cogn Disord*, 33(5): 311-317.
- Bernardez-Pereira, S., Gioli-Pereira, L., Marcondes-Braga, F. G., Santos, P. C., Spina, J. M., Horimoto, A. R., Santos, H. C., Bacal, F., Fernandes, F., Mansur, A. J., Pietrobon, R., Krieger, J. E., Mesquita, E. T., & Pereira, A. C. 2016. Genomic ancestry as a predictor of haemodynamic profile in heart failure. *Open Heart*, 3(2): e000434.
- Bernardo, S., Hermida, R., Desidério, M., Silva, D. A., & de Carvalho, E. F. 2014. mtDNA ancestry of Rio de Janeiro population, Brazil. *Molecular biology reports*, 41(4): 1945-1950.
- Bezerra, V. M., Andrade, A. C. d. S., César, C. C., & Caiaffa, W. T. 2013. Comunidades quilombolas de Vitória da Conquista, Bahia, Brasil: hipertensão arterial e fatores associados. *Cadernos de Saúde Pública*, 29(9): 1889-1902.
- Blanton, R. E., Silva, L. K., Morato, V. G., Parrado, A. R., Dias, J. P., Melo, P. R., Reis, E. A., Goddard, K. A., Nunes, M. R., & Rodrigues, S. G. 2008a. Genetic ancestry and income are associated with dengue hemorrhagic fever in a highly admixed population. *European Journal of Human Genetics*, 16(6): 762-765.
- Bloch, K. V., Coutinho, E. d. S., Lôbo, M. S. d. C., Oliveira, J. E. P. d., & Milech, A. 1993. Pressão arterial, glicemia capilar e medidas antropométricas em uma população Yanomámi. *Cad. saúde pública*, 9(4): 428-438.
- Bomfim, T. F. 2008. *Ascestralidade genômica em uma amostra de portadores do HIV-1 do estado da Bahia*. Dissertação (Mestrado em Biotecnologia em Saúde e Medicina Investigativa) - Fundação Oswaldo Cruz. Centro de Pesquisas Gonçalo Moniz, Salvador, 2008.
- Bonilla, C., Parra, E. J., Pfaff, C. L., Dios, S., Marshall, J. A., Hamman, R. F., Ferrell, R. E., Hoggart, C. L., McKeigue, P. M., & Shriver, M. 2004. Admixture in the Hispanics of the San Luis Valley, Colorado, and its implications for complex trait gene mapping. *Annals of human genetics*, 68(2): 139-153.
- Borges, W. D. 2011. Prevalência da hipertensão arterial sistêmica e seus determinantes bioantropológicos em populações quilombolas da Amazônia. Dissertação (Mestrado em Saúde, Sociedade e Endemias na Amazônia). Universidade Federal do Amazonas
- Bortolini, M. C., Da Silva, W. A., De Guerra, D. C., Remonato, G., Mirandola, R., Hutz, M. H., Weimer, T. A., Silva, M. C. B., Zago, M. A., & Salzano, F. M. 1999. 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*, 11(4): 551-563.
- Bove, R. M., Vala-Haynes, E., & Vallengia, C. R. 2012. Women's health in urban Mali: Social predictors and health itineraries. *Social science & medicine*, 75(8): 1392-1399.
- Brasil, & Informação, d. d. D. S. e. C. a. F. S. d. A. e. G. d. 2007. Chamada nutricional Quilombola 2008: resumo executivo: MDS Brasília.
- Brasil, & Saúde, d. d. 2008. Mais saúde: direito de todos: 2008-2011: Ministério da Saúde Brasília.
- Brasil, M. S. 2010. Política Nacional de Saúde Integral da População Negra: uma política do SUS: Ministério da Saúde Brasília.
- Brasil. Presidência da República. Casa Civil. Decreto nº.6040, 07 de fevereiro de 2007. Institui a Política Nacional de Desenvolvimento Sustentável dos Povos e Comunidades Tradicionais. Disponível em: http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_ato2007-2010/2007/decreto/d6040.htm. Acesso em: 07 de novembro de 2014.
- Brasil. Presidência da República. Casa Civil. Decreto nº.4887, 20 de novembro de 2003. Regulamenta o procedimento para identificação, reconhecimento, delimitação, demarcação e titulação das terras ocupadas por remanescentes das comunidades dos quilombos de que trata o art.68 das Disposições Constitucionais Transitórias. Disponível em: http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/decreto/2003/d4887.htm Acesso em: 07 de novembro de 2014.
- Brasil. Ministério da Saúde. Portaria nº 992, 13 de maio de 2009. Institui a Política Nacional de Saúde Integral da População Negra. Disponível: http://bvsms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/gm/2009/prt0992_13_05_2009.html Acesso em: 16 de janeiro de 2017.
- Brasil. Ministério da Saúde. Portaria nº 2201, 14 de setembro de 2011. Estabelece as Diretrizes Nacionais para Biorrepositório e Biobanco de Material Biológico Humano com Finalidade de Pesquisa. Disponível: http://bvsms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/gm/2011/prt2201_14_09_2011.html Acesso em: 16 de janeiro de 2017.
- Brasil. Ministério da Saúde. Portaria n.º 1.434, de 14 de setembro de 2004. Define mudanças no financiamento da atenção básica em saúde no âmbito da estratégia Saúde da Família, e dá outras providências. Disponível: http://189.28.128.100/dab/docs/legislacao/portaria1434_14_07_04.pdf. Acesso: 18 de abril de 2017.

- Brasil. Conselho Nacional de Saúde. Resolução CNS nº444, 12 de maio de 2011. Disponível: <http://conselho.saude.gov.br/resolucoes/2011/Reso441.pdf> Acesso em: 10 de fevereiro de 2014.
- Brazil, M. 2006. Formação do campesinato negro no Brasil: Reflexão categorial sobre os fenômenos. VIII Encontro de História de Mato Grosso do Sul: 100-117.
- Bryc, K., Durand, E. Y., Macpherson, J. M., Reich, D., & Mountain, J. L. 2015. The genetic ancestry of African Americans, Latinos, and European Americans across the United States. *The American Journal of Human Genetics*, 96(1): 37-53.
- Brown-Riggs, C. 2015. Nutrition and Health Disparities: The Role of Dairy in Improving Minority Health Outcomes. *Int J Environ Res Public Health*, 13(1): ijerph13010028.
- Brum, D. G., Luizon, M. R., Santos, A. C., Lana-Peixoto, M. A., Rocha, C. F., Brito, M. L., de Oliveira, E. M. L., Bichuetti, D. B., Gabbai, A. A., & Diniz, D. S. 2013. European ancestry predominates in neuromyelitis optica and multiple sclerosis patients from Brazil. *PLoS one*, 8(3): e58925.
- Buss, P. M., & Pellegrini Filho, A. 2007. A saúde e seus determinantes sociais. *Physis*, 17(1): 77-93.
- Cabral-Miranda, G., Dattoli, V. C. C., & Dias-Lima, A. 2010. Enteroparasitos e condições socioeconômicas e sanitárias de uma comunidade Quilombola do semi-árido Baiano. *Revista de Patologia Tropical*, 39(1): 48-55.
- Callegari-Jacques, S. M., & Salzano, F. M. 1999. Brazilian Indian/non Indian interactions and their effects. *Ciênc. cult.(São Paulo)*, 51(3/4): 166-174.
- Callegari-Jacques, S. M., Grattapaglia, D., Salzano, F. M., Salamoni, S. P., Crossetti, S. G., Ferreira, M. E., & Hutz, M. H. 2003. Historical genetics: spatiotemporal analysis of the formation of the Brazilian population. *American Journal of Human Biology*, 15(6): 824-834.
- Campbell, D. D., Parra, M. V., Duque, C., Gallego, N., Franco, L., Tandon, A., Hünemeier, T., Bortolini, C., Villegas, A., & Bedoya, G. 2012. Amerind ancestry, socioeconomic status and the genetics of type 2 diabetes in a Colombian population. *PLoS One*, 7(4): e33570.
- Cardena, M., Ribeiro-Dos-Santos, A., Santos, S., Mansur, A., Bernardez-Pereira, S., Santos, P., Pereira, A., & Fridman, C. 2016. Mitochondrial and genomic ancestry are associated with etiology of heart failure in Brazilian patients. *Journal of human hypertension*, 30(2): 120-123.
- Cardena, M. M., Ribeiro-Dos-Santos, A., Santos, S., Mansur, A. J., Pereira, A. C., & Fridman, C. 2013. Assessment of the relationship between self-declared ethnicity, mitochondrial haplogroups and genomic ancestry in Brazilian individuals. *PLoS One*, 8(4): e62005.
- Cardena, M. M., Ribeiro-dos-Santos, A., Santos, S., Mansur, A. J., Pereira, A. C., & Fridman, C. 2014. amerindian genetic ancestry is associated with higher survival rates compared to African and European ancestry in Brazilian patients with heart failure. *Int J Cardiol*, 176(2): 527-528.
- Cardoso, G. L., Takanashi, S. Y. L., & Guerreiro, J. F. 2012. Inherited hemoglobin disorders in an Afro-Amazonian community: Saracura. *Genetics and molecular biology*, 35(3): 553-556.
- Cardoso, L. G. V., Melo, A. P. S., & Cesar, C. C. 2015. Prevalência do consumo moderado e excessivo de álcool e fatores associados entre residentes de Comunidades Quilombolas de Vitória da Conquista, Bahia, Brasil. *Ciência & Saúde Coletiva*, 20(3): 809-820.
- Cardim, C. H., & Dias Filho, R. G. 2011. A herança africana no Brasil e no Caribe: Fundação Alexandre de Gusmão.
- Carlice-dos-Reis, T., Viana, J., Moreira, F. C., de Lemos Cardoso, G., Guerreiro, J., Santos, S., & Ribeiro-dos-Santos, Â. 2017. Investigation of mutations in the HBB gene using the 1,000 genomes database. *PLoS one*, 12(4): e0174637.
- Carneiro, F. F., Tambellini, A. T., Silva, J. A. d., Haddad, J. P. A., Búrigo, A. C., Sá, W. R. d., Viana, F. C., & Bertolini, V. A. 2008. Saúde de famílias do Movimento dos Trabalhadores Sem Terra e de bóias-frias, Brasil, 2005. *Revista de Saúde Pública*, 42(4): 757-763.
- Carroll, M., Flegal, K., Kit, B., & Ogden, C. 2013. Prevalence of obesity among adults: United States, 2011–2012. *Am Med Assoc*, 311(8).
- Carril, L. d. F. B. 2005. Quilombo, território e geografia. *Agrária (São Paulo. Online)*(3): 156-171.
- Carter, E. L. 2003. Race vs ethnicity in dermatology. *Archives of dermatology*, 139(4): 539-540.
- Carvalho-Silva, D. R., Santos, F. R., Rocha, J., & Pena, S. D. 2001. The phylogeography of Brazilian Y-chromosome lineages. *The American Journal of Human Genetics*, 68(1): 281-286.
- Carvalho, A. I. D., Buss, P. M., Lobato, L. d. V. C., & Noronha, J. C. d. 2014. Determinantes sociais na saúde, na doença e na intervenção, *Políticas e sistema de saúde no Brasil*: 121-142: Editora Fiocruz.
- Carvalho, B. M., Bortolini, M. C., Santos, S. E. B. d., & Ribeiro-dos-Santos, Â. K. C. 2008. Mitochondrial DNA mapping of social-biological interactions in Brazilian Amazonian African-descendant populations. *Genetics and Molecular Biology*, 31(1): 12-22.
- Carvalho, D. C., Wanderley, A. V., Amador, M. A., Fernandes, M. R., Cavalcante, G. C., Pantoja, K. B., Mello, F. A., de Assumpcao, P. P., Khayat, A. S., Ribeiro-Dos-Santos, A., Santos, S., & Dos Santos, N. P.

2015. ameríndian genetic ancestry and INDEL polymorphisms associated with susceptibility of childhood B-cell Leukemia in an admixed population from the Brazilian Amazon. *Leuk Res*.
- Cavagnoli, G., Pimentel, A. L., Freitas, P. A. C., Gross, J. L., & Camargo, J. L. 2017. Effect of ethnicity on HbA1c levels in individuals without diabetes: Systematic review and meta-analysis. *PLoS One*, 12(2): e0171315.
- Castri, L., Otarola, F., Blell, M., Ruiz, E., Barrantes, R., Luiselli, D., Pettener, D., & Madrigal, L. 2007. Indentured migration and differential gender gene flow: the origin and evolution of the East-Indian community of Limon, Costa Rica. *Am J Phys Anthropol*, 134(2): 175-189.
- Cavalcante, I. M. d. S. 2011. Acesso e acessibilidade aos serviços de saúde em três quilombos na Amazônia Paraense: um olhar antropológico. Dissertação (Mestrado em Saúde, Sociedade e Endemias na Amazônia). Universidade Federal do Amazonas.
- Chaix, R., Quintana-Murci, L., Hegay, T., Hammer, M. F., Mobasher, Z., Austerlitz, F., & Heyer, E. 2007. From social to genetic structures in central Asia. *Current Biology*, 17(1): 43-48.
- Chen, C. 2002 Paper 265-27 Robust Regression and Outlier Detection with the ROBUSTREG Procedure. In Proceedings of the Proceedings of the Twenty-Seventh Annual SAS Users Group International Conference.
- Cheng, C.-Y., Reich, D., Haiman, C. A., Tandon, A., Patterson, N., Elizabeth, S., Akylbekova, E. L., Brancati, F. L., Coresh, J., & Boerwinkle, E. 2012. African ancestry and its correlation to type 2 diabetes in African Americans: a genetic admixture analysis in three US population cohorts. *PLoS One*, 7(3): e32840.
- Chobanian, A. V., Bakris, G. L., Black, H. R., Cushman, W. C., Green, L. A., Izzo Jr, J. L., Jones, D. W., Materson, B. J., Oparil, S., & Wright Jr, J. T. 2003. The seventh report of the joint national committee on prevention, detection, evaluation, and treatment of high blood pressure: the JNC 7 report. *Jama*, 289(19): 2560-2571.
- Chor, D., Ribeiro, A. L. P., Carvalho, M. S., Duncan, B. B., Lotufo, P. A., Nobre, A. A., de Aquino, E. M. L. L., Schmidt, M. I., Griep, R. H., & Molina, M. D. C. B. 2015. Prevalence, awareness, treatment and influence of socioeconomic variables on control of high blood pressure: results of the ELSA-Brasil Study. *PLOS one*, 10(6): e0127382.
- Chor, D., Ribeiro, A. L. P., Carvalho, M. S., Duncan, B. B., Lotufo, P. A., Nobre, A. A., de Aquino, E. M. L. L., Schmidt, M. I., Griep, R. H., & Molina, M. D. C. B. 2015. Prevalence, awareness, treatment and influence of socioeconomic variables on control of high blood pressure: results of the ELSA-Brasil Study. *PLOS one*, 10(6): e0127382.
- Coelho, L.B. A. 2010 Comunidade Pé do Morro em Aragominas-TO. Governo do Tocantins Secretaria da Cidadania e Justiça. Superintendência de Proteção dos Direitos Humanos (material enviado pela Fundação Cultural Palmares).
- Coelho, A., Moura, R., Cavalcanti, C., Guimarães, R., Sandrin-Garcia, P., Crovella, S., & Brandão, L. 2015. A rapid screening of ancestry for genetic association studies in an admixed population from Pernambuco, Brazil. *Genet Mol Res*, 14(1): 2876-2884.
- Collins-Schramm, H. E., Chima, B., Morii, T., Wah, K., Figueroa, Y., Criswell, L. A., Hanson, R. L., Knowler, W. C., Silva, G., & Belmont, J. W. 2004. Mexican American ancestry-informative markers: examination of population structure and marker characteristics in European Americans, Mexican Americans, ameríndians and Asians. *Human genetics*, 114(3): 263-271.
- Comissão Pró-Índio de São Paulo. 2014. Sidônio, M.L. Os Luízes. Belo Horizonte: FAT Editores, 1998. Disponível em: http://www.cisp.org.br/comunidades/html/brasil/mg/mg_quilombos_urbanos.html. Acesso em 26 de novembro de 2014.
- Cooper, R., Rotimi, C., Ataman, S., McGee, D., Osotimehin, B., Kadir, S., Muna, W., Kingue, S., Fraser, H., & Forrester, T. 1994. The prevalence of hypertension in seven populations of west African origin. *American journal of public health*, 87(2): 160-168.
- Cooper, R. S., Forrester, T. E., Plange-Rhule, J., Bovet, P., Lambert, E. V., Dugas, L. R., Cargill, K. E., Durazo-Arvizu, R. A., Shoham, D. A., & Tong, L. 2015. Elevated hypertension risk for African-origin populations in biracial societies: modeling the Epidemiologic Transition Study. *Journal of hypertension*, 33(3): 473.
- Costa, C. E. C. d. 2015. Migrações negras no pós-abolição do sudeste cafeeiro (1888-1940). *Topoi (Rio de Janeiro)*, 16(30): 101-126.
- Costa, M. S., & Denadai, W. 2013. Intestinal Parasites and Polyparasitism: Neglected Diseases in Children and Teenagers from Quilombolas Communities - Espírito Santo State, Brazil. *Perspectivas Médicas*, 25(1): 5-10.
- Cordeiro, M. d. M., Monego, E. T., & Martins, K. A. 2014. Overweight in Goiás' quilombola students and food insecurity in their families. *Revista de Nutrição*, 27(4): 405-412.
- Choukem, S.-P., Kamdeu-Chedeu, J., Leary, S. D., Mboué-Djicka, Y., Nebongo, D. N., Akazong, C., Mapoure, Y. N., Hamilton-Shield, J. P., Gautier, J.-F., & Mbanya, J. C. 2017. 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*, 4(1): 7.
- Crawford, A. G., Cote, C., Couto, J., Daskiran, M., Gunnarsson, C., Haas, K., Haas, S., Nigam, S. C., & Schuette, R. 2010. Prevalence of obesity, type II diabetes mellitus, hyperlipidemia, and hypertension in the United States: findings from the GE Centricity Electronic Medical Record database. *Population health management*, 13(3): 151-161.
- Dalton, G. d. C. 2010. Análise de diferenciação intra-populacional em amostras de diferentes estratos socioeconômicos. Tese (Doutorado em Biologia Animal) -Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Brasília (UnB), Brasília.
- D'Elia, M. P. B. 2015. Avaliação comparativa da ancestralidade em mulheres com melasma facial: um estudo transversal. Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Faculdade de Medicina de Botucatu, 2015.
- Del Popolo, F., & Antón, J. 2009. Visibilidad estadística de la población afrodescendiente de América Latina: aspectos conceptuales y metodológicos. *En: Afrodescendientes en América Latina y el Caribe: del reconocimiento estadístico a la realización de derechos. Santiago: CEPAL, 2009. LC/L. 3045-P. p. 13-38.*
- Dietz, W. H. 1995. Does hunger cause obesity? *Pediatrics*, 95(5): 766-767.
- Ding, K., De Andrade, M., Manolio, T. A., Crawford, D. C., Rasmussen-Torvik, L. J., Ritchie, M. D., Denny, J. C., Masys, D. R., Jouni, H., & Pachecho, J. A. 2013. Genetic variants that confer resistance to malaria are associated with red blood cell traits in African-Americans: an electronic medical record-based genome-wide association study. *G3: Genes| Genomes| Genetics*, 3(7): 1061-1068.
- Diniz, M. E. C. G. 2008. Fecundidade e Genética em Kalunga: busca de associação entre dados demográficos e marcadores moleculares num remanescente de quilombo brasileiro.
- Domingues, P. 2007. Movimento negro brasileiro: alguns apontamentos históricos. *Revista Tempo*, 12(23): 100-122.
- Dressler, W. W., & Bindon, J. R. 2000. The health consequences of cultural consonance: Cultural dimensions of lifestyle, social support, and arterial blood pressure in an African American community. *American anthropologist*, 102(2): 244-260.
- Dressler, W. W., Oths, K. S., Ribeiro, R. P., Balieiro, M. C., & Dos Santos, J. E. 2008. Cultural consonance and adult body composition in urban Brazil. *American Journal of Human Biology*, 20(1): 15-22.
- Dressler, W. W., Balieiro, M. C., Ribeiro, R. P., & Dos Santos, J. E. 2014. Culture as a mediator of health disparities: cultural consonance, social class, and health. *Annals of Anthropological Practice*, 38(2): 214-231.
- Dumitrescu, L., Restrepo, N. A., Goodloe, R., Boston, J., Farber-Eger, E., Pendergrass, S. A., Bush, W. S., & Crawford, D. C. 2015. Towards a phenome-wide catalog of human clinical traits impacted by genetic ancestry. *BioData mining*, 8(1): 35.
- Durso, D. F., Bydlowski, S. P., Hutz, M. H., Suarez-Kurtz, G., Magalhaes, T. R., & Pena, S. D. 2014. Association of genetic variants with self-assessed color categories in Brazilians. *PLoS One*, 9(1): e83926.
- Egan, K. J., Knutson, K. L., Pereira, A. C., & von Schantz, M. 2016. The role of race and ethnicity in sleep, circadian rhythms and cardiovascular health. *Sleep Med Rev*.
- Enoch, M.-A., Shen, P.-H., Xu, K., Hodgkinson, C., & Goldman, D. 2006. Using ancestry-informative markers to define populations and detect population stratification. *Journal of Psychopharmacology*, 20(4 suppl): 19-26.
- Excoffier, L., & Lischer, H. E. 2010. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular ecology resources*, 10(3): 564-567.
- Castilla, E., & Schuler-Faccini, L. 2014. From rumors to genetic isolates. *Genetics and molecular biology*, 37(1): 186-193.
- Excoffier, L., Smouse, P. E., & Quattro, J. M. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131(2): 479-491.
- Faerstein, E., Chor, D., Werneck, G. L., Lopes, C. d. S., & Kaplan, G. 2014. Race and perceived racism, education, and hypertension among Brazilian civil servants: the Pró-Saúde Study. *Revista Brasileira de Epidemiologia*, 17: 81-87.
- Fändriks, L. 2016. Roles of the gut in the metabolic syndrome: an overview. *Journal of Internal Medicine*.
- Farfán-Santos, E. 2015. "Fraudulent" Identities: The Politics of Defining Quilombo Descendants in Brazil. *The Journal of Latin American and Caribbean Anthropology*, 20(1): 110-132.
- Fávaro, T. R., Santos, R. V., Cunha, G. M. d., Leite, I. d. C., & Coimbra Jr, C. E. 2015. Obesidade e excesso de peso em adultos indígenas Xukuru do Ororubá, Pernambuco, Brasil: magnitude, fatores socioeconômicos e demográficos associados. *Cadernos de Saúde Pública*, 31(8): 1685-1697.

- Feldman, M. W., Lewontin, R. C., & King, M.-C. 2003. Race: a genetic melting-pot. *Nature*, 424(6947): 374-374.
- Felisbino-Mendes, M. S., Jansen, A. K., Gomes, C. S., & Velásquez-Meléndez, G. 2014. Avaliação dos fatores de risco cardiovasculares em uma população rural brasileira. *Cadernos de Saúde Pública*, 30(6): 1183-1194.
- Ferdinand, K. C., & Nasser, S. A. 2015. Racial/ethnic disparities in prevalence and care of patients with type 2 diabetes mellitus. *Curr Med Res Opin*, 31(5): 913-923.
- Fernández, J. R., Pearson, K. E., Kell, K. P., & Bohan Brown, M. 2013. Genetic admixture and obesity: recent perspectives and future applications. *Human heredity*, 75(2-4): 98-105.
- Ferreira, D. F. 1996. Análise multivariada. Lavras: UFLA, 22: 394.
- Ferreira da Silva, L. A., Pimentel, B. J., de Azevedo, D. A., da Silva, E. N. P., & dos Santos, S. S. 2002. Allele frequencies of nine STR loci—D16S539, D7S820, D13S317, CSF1PO, TPOX, TH01, F13A01, FESFPS and vWA—in the population from Alagoas, northeastern Brazil. *Forensic science international*, 130(2): 187-188.
- Ferreira, L. B., Mendes-Junior, C. T., Wiesel, C. E. V., Luizon, M. R., & Simões, A. L. 2006. Y-STR diversity and ethnic admixture in White and Mulatto Brazilian population samples. *Genetics and Molecular Biology*, 29(4): 605-607.
- Ferreira, H.S., Lamenha, M. L. D., Júnior, A. F. S. X., Cavalcante, J. C., & dos Santos, A. M. 2011. Nutrição e saúde das crianças das comunidades remanescentes dos quilombos no Estado de Alagoas, Brasil. *Rev Panam Salud Publica*, 30(1): 51.
- Ferreira, H. D. S., Silva, W. O., Santos, E. A. d., Bezerra, M. K. d. A., Silva, B. C. V. d., & Horta, B. L. 2013a. Body composition and hypertension: a comparative study involving women from maroon communities and from the general population of Alagoas State, Brazil. *Revista de Nutrição*, 26(5): 539-549.
- Ferreira, H. D. S., Xavier Júnior, A. F. S., de Assunção, M. L., dos Santos, E. A., & Horta, B. L. 2013b. Effect of breastfeeding on head circumference of children from impoverished communities. *Breastfeeding Medicine*, 8(3): 294-301.
- Ferreira, R. 2006. Biografia, mobilidade e cultura atlântica: a micro-escala do tráfico de escravos em Benguela, séculos XVIII-XIX. *Tempo*, X/20 (Niterói, 2006): 23-49.
- Ferreira, L. B. Diversidade do DNA Mitocondrial de populações brasileiras ameríndias e afrodescendentes. Tese. Departamento de Genética, Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto. Universidade de São Paulo., Ribeirão Preto.
- Ferreira Vasconcelos, C. C., Cruz Dos Santos, G. A., Thuler, L. C., Camargo, S. M., & Papais Alvarenga, R. M. 2012. African ancestry is a predictor factor to secondary progression in clinical course of multiple sclerosis. *ISRN Neurol*, 2012: 410629.
- Fiabani, A. 2008. *Os Novos Quilombos Luta pela terra e afirmação étnica no Brasil (1988-2008)*. Tese. Universidade do Vale do Rio dos Sinos - UNISINOS, São Leopoldo - Rio Grande do Sul.
- Fieller, N. 2004. Statistical Modelling and Computing. Course of the University of Sheffield, Department of Probability and Statistics.
- Fox, J. 2002. Bootstrapping regression models. An R and S-PLUS Companion to Applied Regression: A Web Appendix to the Book. Sage, Thousand Oaks, CA. URL <http://cran.r-project.org/doc/contrib/Fox-Companion/appendix-bootstrapping.pdf>.
- Franca, S. L., Lima, S. S., & Vieira, J. R. 2016. Metabolic Syndrome and Associated Factors in Adults of the Amazon Region. *PLoS One*, 11(12): e0167320.
- Francez, P. A. d. C., Rodrigues, E. M. R., Frazão, G. F., Borges, N. D. d. R., & Santos, S. E. B. d. 2011. Allelic frequencies and statistical data obtained from 12 codis STR loci in an admixed population of the Brazilian Amazon. *Genetics and molecular biology*, 34(1): 35-39.
- Francez, P. A.C., Ribeiro-Rodrigues, E. M., & dos Santos, S. E. B. 2012. Allelic frequencies and statistical data obtained from 48 AIM INDEL loci in an admixed population from the Brazilian Amazon. *Forensic Science International: Genetics*, 6(1): 132-135.
- Francez, P. A., Ribeiro-Rodrigues, E. M., & dos Santos, S. E. 2012. Allelic frequencies and statistical data obtained from 48 AIM INDEL loci in an admixed population from the Brazilian Amazon. *Forensic Sci Int Genet*, 6(1): 132-135.
- Freitas, D. A., Caballero, A. D., Marques, A. S., Hernández, C. I. V., & Antunes, S. 2011. Saúde e comunidades quilombolas: uma revisão da literatura. *Rev Cefac*, 13(5): 937-943.
- Fridman, C., Gonzalez, R., Pereira, A., & Cardena, M. 2014. Haplotype diversity in mitochondrial DNA hypervariable region in a population of southeastern Brazil. *International journal of legal medicine*, 128(4): 589-593.
- Funari, P. P. d. A. 1996. A arqueologia de Palmares: sua contribuição para o conhecimento da história da cultura afro-americana. *Liberdade por um fio: história dos quilombos no Brasil*. São Paulo: Companhia das Letras: 26-51.

- George, C., Goedecke, J. H., Crowther, N. J., Jaff, N. G., Kengne, A. P., Norris, S. A., & Micklesfield, L. K. 2016. The Role of Body Fat and Fat Distribution in Hypertension Risk in Urban Black South African Women. *PLoS one*, 11(5): e0154894.
- Giolo, S. R., Soler, J. M., Greenway, S. C., Almeida, M. A., De Andrade, M., Seidman, J., Seidman, C. E., Krieger, J. E., & Pereira, A. C. 2012. Brazilian urban population genetic structure reveals a high degree of admixture. *European Journal of Human Genetics*, 20(1): 111-116.
- Gluckman, P. D., Hanson, M. A., & Beedle, A. S. 2007. Early life events and their consequences for later disease: a life history and evolutionary perspective. *Am J Hum Biol*, 19(1): 1-19.
- Godinho, N., Gontijo, C., Diniz, M., Falcão-Alencar, G., Dalton, G., Amorim, C., Barcelos, R., Klautau-Guimarães, M., & Oliveira, S. 2008. Regional patterns of genetic admixture in South America. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 1(1): 329-330.
- Godoy-Matos, A., Oliveira, J., Guedes, E., Carraro, L., Lopes, A., & Mancini, M. 2009. Associação Brasileira para o Estudo da Obesidade e da Síndrome Metabólica, Diretrizes brasileiras de obesidade 2009/2010/ABESO. São Paulo: AC Farmacêutica.
- Gomes, F. 2011. Africanos e crioulos no campesinato negro do Maranhão oitocentista *Outros tempos Dossiê História e Literatura*, 8(11).
- Gomes, K. D. O., Reis, E. A., Guimarães, M. D. C., & Cherchiglia, M. L. 2013. Utilização de serviços de saúde por população quilombola do Sudoeste da Bahia, Brasil. *Cadernos de Saúde Pública*, 29(9): 1829-1842.
- Gomes, F.S. 2015. Mocambos e quilombos: uma história do campesinato negro no Brasil: Editora Companhia das Letras.
- Gontijo, C. C. 2008. Composição genética de duas populações afro-derivadas brasileiras inferida a partir de marcadores informativos de ancestralidade. Dissertação (Mestrado em Biologia Animal) -Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Brasília (UnB), Brasília.
- Gontijo, C. C., Guerra Amorim, C. E., Godinho, N. M., Toledo, R. C., Nunes, A., Silva, W., Da Fonseca Moura, M. M., De Oliveira, J. C., Pagotto, R. C., Klautau-Guimaraes Mde, N., & De Oliveira, S. F. 2014. Brazilian quilombos: A repository of amerindian alleles. *Am J Hum Biol*, 26(2): 142-150.
- González-Andrade, F., Sánchez, D., González-Solórzano, J., Gascón, S., & Martínez-Jarreta, B. 2007. Sex-specific genetic admixture of Mestizos, amerindian Kichwas, and Afro-Ecuadorans from Ecuador. *Human biology*, 79(1): 51-77.
- Goodman, A. H., Moses, Y. T., & Jones, J. L. 2012. *Race: Are we so different?*: Wiley-Blackwell Chichester, UK.
- Goonesekera, S. D., Fang, S. C., Piccolo, R. S., Florez, J. C., & McKinlay, J. B. 2015a. Biogeographic ancestry is associated with higher total body adiposity among African-American Females: the boston area community health survey. *PLoS one*, 10(4): e0122808.
- Goonesekera, S. D., Yang, M. H., Hall, S. A., Fang, S. C., Piccolo, R. S., & McKinlay, J. B. 2015b. Racial ethnic differences in type 2 diabetes treatment patterns and glycaemic control in the Boston Area Community Health Survey. *BMJ open*, 5(5): e007375.
- Goosby, B. J., Malone, S., Richardson, E. A., Cheadle, J. E., & Williams, D. T. 2015. Perceived discrimination and markers of cardiovascular risk among low-income African American youth. *American Journal of Human Biology*, 27(4): 546-552.
- Graham, H., & White, P. C. 2016. Social determinants and lifestyles: integrating environmental and public health perspectives. *Public Health*, 141: 270-278.
- Gravlee, C. C. 2009a. How race becomes biology: embodiment of social inequality. *Am J Phys Anthropol*, 139(1): 47-57.
- Gravlee, C. C., & Dressler, W. W. 2005. Skin pigmentation, self-perceived color, and arterial blood pressure in Puerto Rico. *American Journal of Human Biology*, 17(2): 195-206.
- Gravlee, C. C., Non, A. L., & Mulligan, C. J. 2009b. Genetic ancestry, social classification, and racial inequalities in blood pressure in Southeastern Puerto Rico. *PLoS One*, 4(9): e6821.
- Grossman, A., & Grossman, E. 2017. Blood pressure control in type 2 diabetic patients. *Cardiovascular Diabetology*, 16(1): 3.
- Gubert, M. B., Segall-Corrêa, A. M., Spaniol, A. M., Pedroso, J., Coelho, S. E. D. A. C., & Pérez-Escamilla, R. 2016. Household food insecurity in black-slaves descendant communities in Brazil: has the legacy of slavery truly ended? *Public health nutrition*: 1-10.
- Guedes, L. d. S. 2014. Contribuição para o diagnóstico socioambiental da microrregião de Araguaína-TO. *OBSERVATORIUM: Revista Eletrônica de Geografia*, v.6, n.17, 91-103.
- Guerrero, A. F. H. 2010. *Situação nutricional de populações remanescentes de Quilombos do Município de Santarém, Pará Brasil*. Rio de Janeiro: Escola Nacional de Saúde Pública Sergio Arouca, Fundação Oswaldo Cruz.
- Guimarães, R. C. R., & Silva, H. P. 2015. Estado nutricional e crescimento de crianças quilombolas de diferentes comunidades do estado do Pará. *Amazônica-Revista de Antropologia*, 7(1): 186-209.

- Hartl, D. L., & Clark, A. G. 2010. *Princípios de Genética de Populações-4*: Artmed Editora.
- Harper, K., & Armelagos, G. 2010. The changing disease-scape in the third epidemiological transition. *Int J Environ Res Public Health*, 7(2): 675-697.
- Heggen, E., Svendsen, M., & Tonstad, S. 2017. Smoking cessation improves cardiometabolic risk in overweight and obese subjects treated with varenicline and dietary counseling. *Nutrition, Metabolism and Cardiovascular Diseases*.
- Hellenthal, G., Busby, G. B., Band, G., Wilson, J. F., Capelli, C., Falush, D., & Myers, S. 2014. A genetic atlas of human admixture history. *Science*, 343(6172): 747-751.
- Himmelgreen, D. A. 2013. Using a life course approach and a bio-cultural perspective to understand the food insecurity and obesity paradox. *Cadernos de Saúde Pública*, 29(2): 230-231.
- Hu, H., Huff, C. D., Yamamura, Y., Wu, X., & Strom, S. S. 2015. The Relationship between Native American Ancestry, Body Mass Index and Diabetes Risk among Mexican-Americans. *PLoS One*, 10(10): e0141260.
- Hruby, A., Manson, J. E., Qi, L., Malik, V. S., Rimm, E. B., Sun, Q., Willett, W. C., & Hu, F. B. 2016. Determinants and consequences of obesity. *American journal of public health*, 106(9): 1656-1662.
- Hutchinson, J. 1986. Relationship between African admixture and blood pressure variation in the Caribbean. *Human heredity*, 36(1): 12-18.
- Instituto Nacional de Cidadania e Reforma Agrária (INCRA) [http://www.cchla.ufpb.br/neabi/pdf/Quilombos%20\(INCRA\)%202012.pdf](http://www.cchla.ufpb.br/neabi/pdf/Quilombos%20(INCRA)%202012.pdf)- Acesso em novembro de 2014.
- IBGE, Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística 2011. Censo Demográfico 2010 Características da População e dos Domicílios Resultados do Universo. Rio de Janeiro.
- IBGE, Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. <http://www.ibge.gov.br>, Censo 2010 - Acesso em dezembro de 2012.
- Isanaka, S., Mora-Plazas, M., Lopez-Arana, S., Baylin, A., & Villamor, E. 2007. Food insecurity is highly prevalent and predicts underweight but not overweight in adults and school children from Bogota, Colombia. *The Journal of nutrition*, 137(12): 2747-2755.
- Jardim, P., Carneiro, O., Carneiro, S., & Baiocchi, M. 1992. Arterial blood pressure in the remaining isolated black community of a quilombo north of Goiás-Kalunga. *Arquivos brasileiros de cardiologia*, 58(4): 289-293.
- Jobling, M., Hurler, M., & Tyler-Smith, C. 2014. *Human evolutionary genetics: origins, peoples & disease*: Garland Science.
- Jones, E. S., David, S. J., McIntyre, A. D., Nondi, J., Gogo, K., Akintunde, A., Hackam, D. G., & Rayner, B. L. 2017. High Frequency of Variants of Candidate Genes in Black Africans with Low Renin-Resistant Hypertension. *American journal of hypertension*.
- Kamura, Y., Iwata, M., Maeda, S., Shinmura, S., Koshimizu, Y., Honoki, H., Fukuda, K., Ishiki, M., Usui, I., & Fukushima, Y. 2016. FTO Gene Polymorphism Is Associated with Type 2 Diabetes through Its Effect on Increasing the Maximum BMI in Japanese Men. *PLoS one*, 11(11): e0165523.
- Karasch, M. 1996. Os quilombos do ouro na capitania de Goiás. *REIS, João José; GOMES, Flávio dos Santos. Liberdade por um fio: história dos quilombos no Brasil. São Paulo: Cia. Das Letras: 240-262.*
- Kazlauskaitė, R., Avery-Mamer, E. F., Li, H., Chataut, C. P., Janssen, I., Powell, L. H., & Kravitz, H. M. 2017. Race/ethnic comparisons of waist-to-height ratio for cardiometabolic screening: The study of women's health across the nation. *Am J Hum Biol*, 29(1).
- Keaton, J. M., Bailey, J. N. C., Palmer, N. D., Freedman, B. I., Langefeld, C. D., Ng, M. C., & Bowden, D. W. 2014. A comparison of type 2 diabetes risk allele load between African Americans and European Americans. *Human genetics*, 133(12): 1487-1495.
- Kehdy, F. S., Gouveia, M. H., Machado, M., Magalhães, W. C., Horimoto, A. R., Horta, B. L., Moreira, R. G., Leal, T. P., Scliar, M. O., & Soares-Souza, G. B. 2015. Origin and dynamics of admixture in Brazilians and its effect on the pattern of deleterious mutations. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112(28): 8696-8701.
- Kent, M., Santos, R. V., & Wade, P. 2014. Negotiating Imagined Genetic Communities: Unity and Diversity in Brazilian Science and Society. *American Anthropologist*, 116(4): 736-748.
- Keswell, D., Tootla, M., & Goedecke, J. H. 2016. Associations between body fat distribution, insulin resistance and dyslipidaemia in black and white South African women. *Cardiovasc J Afr*, 27(3): 177-183.
- Kimura, L. 2010. *Fatores genéticos associados à hipertensão essencial em populações remanescentes de quilombos do Vale do Ribeira-São Paulo*. Tese. Universidade de São Paulo.
- Kimura, L., Angeli, C., Auricchio, M., Fernandes, G., Pereira, A., Vicente, J., Pereira, T., & Mingroni-Netto, R. 2012. Multilocus family-based association analysis of seven candidate polymorphisms with essential hypertension in an African-derived semi-isolated Brazilian population. *International journal of hypertension*, 2012.

- Kimura, L., Ribeiro-Rodrigues, E. M., De Mello Auricchio, M. T. B., Vicente, J. P., Batista Santos, S. E., & Mingroni-Netto, R. C. 2013. Genomic ancestry of rural African-derived populations from Southeastern Brazil. *American Journal of Human Biology*, 25(1): 35-41.
- Kimura, L., Nunes, K., Macedo-Souza, L. I., Rocha, J., Meyer, D., & Mingroni-Netto, R. C. 2016. Inferring paternal history of rural African-derived Brazilian populations from Y chromosomes. *Am J Hum Biol*.
- Kittles, R. A., Santos, E. R., Oji-Njideka, N. S., & Bonilla, C. 2007. Race, skin color and genetic ancestry: implications for biomedical research on health disparities. *California Journal of Health Promotion*, 5: 9-23.
- Klimentidis, Y. C., Arora, A., Zhou, J., Kittles, R., & Allison, D. B. 2016. 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. *Front Genet*, 7: 89.
- Kochergin, C. N., Proietti, F. A., & César, C. C. 2014. Comunidades quilombolas de Vitória da Conquista, Bahia, Brasil: autoavaliação de saúde e fatores associados. *Cadernos de Saúde Pública*, 30(7): 1487-1501.
- Komiyama, M., Shimada, S., Wada, H., Yamakage, H., Satoh-Asahara, N., Shimatsu, A., Akao, M., Morimoto, T., Takahashi, Y., & Hasegawa, K. 2016. Time-dependent changes of atherosclerotic LDL complexes after smoking cessation. *Journal of atherosclerosis and thrombosis*, 23(11): 1270-1275.
- Kosoy, R., Qi, L., Nassir, R., Garcia, L., Allison, M., Shigeta, R., Robbins, J., & Seldin, M. F. 2012. Relationship between hypertension and admixture in post-menopausal African American and Hispanic American women. *J Hum Hypertens*, 26(6): 365-373.
- Kozłowski, A. G., Motta-Castro, A. R., Nascimento, L. B., Silva, Á., Teles, S. A., Villar, L. M., Gaspar, A., & Martins, R. 2009. Prevalence of hepatitis A virus infection in Afro-Brazilian isolated communities in Central Brazil. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*, 102(1): 121-123.
- Kursmark, M., & Weitzman, M. 2009. Recent findings concerning childhood food insecurity. *Current Opinion in Clinical Nutrition & Metabolic Care*, 12(3): 310-316.
- Kusuma, Y., Babu, B., & Naidu, J. 2002. Blood pressure levels among cross-cultural populations of Visakhapatnam district, Andhra Pradesh, India. *Annals of human biology*, 29(5): 502-512.
- Kuzawa, C. W. 2008. The developmental origins of adult health: intergenerational inertia in adaptation and disease. *Evolution and health*: 325-349.
- Kuzawa, C. W., & Sweet, E. 2009. Epigenetics and the embodiment of race: developmental origins of US racial disparities in cardiovascular health. *Am J Hum Biol*, 21(1): 2-15.
- Lackland, D. T. 2014. Racial differences in hypertension: implications for high blood pressure management. *The American journal of the medical sciences*, 348(2): 135.
- Lane, D., & Lip, G. 2001. Ethnic differences in hypertension and blood pressure control in the UK. *Qjm*, 94(7): 391-396.
- La Torre, O. D. 2013. "Are they really quilombos?" Black peasants, politics, and the meaning of quilombo in present-day Brazil. *Journal of Transatlantic Studies* 3(1 and 2): 97-118.
- Leite, I. B. 1999. Quilombos e quilombolas: cidadania ou folclorização? *Horizontes Antropológicos*, 5(10): 123-149.
- Leite, F. P., Menegassi, F. J., Schwengber, S. P., Raimann, P. E., & Albuquerque, T. c. K. 2003. STR data for 09 autosomal STR markers from Rio Grande do Sul (southern Brazil). *Forensic science international*, 132(3): 223-224.
- Lima-Costa, M. F., Macinko, J., Mambrini, J. V., Cesar, C. C., Peixoto, S. V., Magalhaes, W. C., Horta, B. L., Barreto, M., Castro-Costa, E., Firmo, J. O., Proietti, F. A., Leal, T. P., Rodrigues, M. R., Pereira, A., & Tarazona-Santos, E. 2015. Genomic Ancestry, Self-Rated Health and Its Association with Mortality in an Admixed Population: 10 Year Follow-Up of the Bambui-Epigen (Brazil) Cohort Study of Ageing. *PLoS One*, 10(12): e0144456.
- Lima-Costa, M. F., Mambrini, J. V., Leite, M. L., Peixoto, S. V., Firmo, J. O., Loyola Filho, A. I., Gouveia, M. H., Leal, T. P., Pereira, A. C., Macinko, J., & Tarazona-Santos, E. 2016. Socioeconomic Position, But Not African Genomic Ancestry, Is Associated With Blood Pressure in the Bambui-Epigen (Brazil) Cohort Study of Aging. *Hypertension*, 67(2): 349-355.
- Lima-Costa, M. F., Rodrigues, L. C., Barreto, M. L., Gouveia, M., Horta, B. L., Mambrini, J., Kehdy, F. S. G., Pereira, A., Rodrigues-Soares, F., Victora, C. G., Tarazona-Santos, E., Cesar, C. C., Conceição, J. S., Costa, G. N. O., Esteban, N., Fiaccone, R. L., Figueiredo, C. A., Firmo, J. O. A., Horimoto, A. R. V. R., Leal, T. P., Machado, M., Magalhães, W. C. S., de Oliveira, I. O., Peixoto, S. V., Rodrigues, M. R., Santos, H. C., & Silva, T. M. 2015. Genomic ancestry and ethnoracial self-classification based on 5,871 community-dwelling Brazilians (The Epigen Initiative). *Scientific Reports*, 5: 9812.
- Lima, R. 2002. *A contribuição masculina na formação de três remanescentes de quilombos do Vale do São Francisco (nordeste do Brasil) avaliada por marcadores do cromossomo Y*. 2002. Dissertação

- (Mestrado em Genética de Populações) - Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Brasília (UnB), Brasília.
- Lins, T. C., Pires, A. S., Paula, R. S., Moraes, C. F., Vieira, R. G., Vianna, L. G., Nobrega, O. T., & Pereira, R. W. 2012. Association of serum lipid components and obesity with genetic ancestry in an admixed population of elderly women. *Genetics and molecular biology*, 35(3): 575-582.
- Lins, T. C., Vieira, R. G., Abreu, B. S., Gentil, P., Moreno-Lima, R., Oliveira, R. J., & Pereira, R. W. 2011. Genetic Heterogeneity of Self-Reported Ancestry Groups in an Admixed Brazilian Population. *Journal of Epidemiology*, 21(4): 240-245.
- Lins, T. C., Vieira, R. G., Abreu, B. S., Grattapaglia, D., & Pereira, R. W. 2010. Genetic composition of Brazilian population samples based on a set of twenty-eight ancestry informative SNPs. *American Journal of Human Biology*, 22(2): 187-192.
- Loh, P.-R., Lipson, M., Patterson, N., Moorjani, P., Pickrell, J. K., Reich, D., & Berger, B. 2013. Inferring admixture histories of human populations using linkage disequilibrium. *Genetics*, 193(4): 1233-1254.
- Lopes Maciel, L. G., Ribeiro Rodrigues, E. M., Carneiro Dos Santos, N. P., Ribeiro Dos Santos, A., Guerreiro, J. F., & Santos, S. 2011. Afro-derived Amazonian populations: inferring continental ancestry and population substructure. *Hum Biol*, 83(5): 627-636.
- Lopes, M. A. D. O. 2009. Experiências históricas dos quilombolas no Tocantins: organização, resistência e identidades *Patrimônio e Memória*, 5(1): 107-126.
- Louwers, Y., Lao, O., Fauser, B., Kayser, M., & Laven, J. 2014. The impact of self-reported ethnicity versus genetic ancestry on phenotypic characteristics of polycystic ovary syndrome (PCOS). *The Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism*, 99(10): E2107-E2116.
- Luizon, M. R., Mendes-Junior, C. T., De Oliveira, S. F., & Simões, A. L. 2008. Ancestry informative markers in amerindians from Brazilian Amazon. *American Journal of Human Biology*, 20(1): 86-90.
- Macedo, R.M.B; Suzuki, J.C. 2010. Migrações em comunidades quilombolas: um estudo de Poça (Eldorado-SP). Anais XVI Encontro Nacional dos Geógrafos. Realizado de 25 a 31 de julho de 2010. Porto Alegre - RS.
- Macia, E., Gueye, L., & Duboz, P. 2016. Hypertension and Obesity in Dakar, Senegal. *PloS one*, 11(9): e0161544.
- Madrigal, L., Blell, M., Ruiz, E., Fuentes, A., & Panter-Brick, C. 2009. The slavery hypothesis: An evaluation of a genetic-deterministic explanation for hypertension prevalence rate (HPR) inequalities: 236-255: London, UK: Berghahn Books.
- Madrigal, L. 2012. *Statistics for anthropology*: Cambridge University Press.
- Malta, D. C., Iser, B. P. M., Claro, R. M., Moura, L. d., Bernal, R. T. I., Nascimento, A. d. F., Silva Jr, J. B. d., & Monteiro, C. A. 2013. Prevalência de fatores de risco e proteção para doenças crônicas não transmissíveis em adultos: estudo transversal, Brasil, 2011. *Epidemiologia e Serviços de Saúde*, 22(3): 423-434.
- Malta, D. C., de Moura, L., & Bernal, R. T. 2015. Differentials in risk factors for chronic non-communicable diseases from the race/color standpoint. *Cien Saude Colet*, 20(3): 713-725.
- Marmot, M. 2005. Social determinants of health inequalities. *The Lancet*, 365(9464): 1099-1104.
- Marmot, M. 2011. Global action on social determinants of health. *Bulletin of the world Health Organization*, 89(10): 702-702.
- Marrero, A. R., Bravi, C., Stuart, S., Long, J. C., Pereira das Neves Leite, F., Kommers, T., Carvalho, C. M., Pena, S. D. J., Ruiz-Linares, A., & Salzano, F. M. 2007. Pre-and post-Columbian gene and cultural continuity: the case of the Gaucho from southern Brazil. *Human heredity*, 64(3): 160-171.
- Lopes Maciel, L. G., Rodrigues, E. M. R., Dos Santos, N. P. C., Dos Santos, Â. R., Guerreiro, J. F., & Santos, S. 2011. Afro-derived Amazonian populations: inferring continental ancestry and population substructure. *Human Biology*, 83(5): 627-636.
- Madrigal, L. 2006. *Human biology of Afro-Caribbean populations*: Cambridge University Press.
- Madrigal, L., & Barbuji, G. 2007. Partitioning of genetic variation in human populations and the concept of race. *Anthropological Genetics*: 19-37.
- Madrigal, L., Brady, J., Raxter, M., Ruiz, E., Otarola, F., & Blell, M. 2011. Obesity, hypertension, and migration: a meta-analysis of populations of the South Asian diaspora. *Human biology*, 83(1): 71-86.
- Madrigal, L., Relethford, J. H., & Crawford, M. H. 2003. Heritability and anthropometric influences on human fertility. *American journal of human biology*, 15(1): 16-22.
- Mahmood, S. S., Levy, D., Vasan, R. S., & Wang, T. J. 2014. The Framingham Heart Study and the epidemiology of cardiovascular disease: a historical perspective. *The lancet*, 383(9921): 999-1008.
- Manly, B. F. 2004. *Multivariate statistical methods: a primer*: CRC Press.
- Manta, F. S. N., Pereira, R., Caiafa, A., Silva, D. A., Gusmão, L., & Carvalho, E. F. 2013a. Analysis of genetic ancestry in the admixed Brazilian population from Rio de Janeiro using 46 autosomal ancestry-informative indel markers. *Annals of human biology*, 40(1): 94-98.

- Manta, F. S.N., Pereira, R., Vianna, R., de Araújo, A. R. B., Gitaí, D. L. G., da Silva, D. A., de Vargas Wolfgramm, E., da Mota Pontes, I., Aguiar, J. I., & Moraes, M. O. 2013b. Revisiting the genetic ancestry of Brazilians using autosomal AIM-Indels. *PloS one*, 8(9): e75145.
- Marcílio, M. L., & Bethell, L. 1999. A população do Brasil colonial. *História da América Latina. São Paulo: Edusp*: 311-338.
- Marques, A. S., Freitas, D. A., Alves Leão, C. D., Oliveira, M., Ketlin, S., Pereira, M. M., & Caldeira, A. P. 2014. Atenção Primária e saúde materno-infantil: a percepção de cuidadores em uma comunidade rural quilombola. *Revista Ciência & Saúde Coletiva*, 19(2).
- Marques, C. E., & Gomes, L. 2013. A Constituição de 1988 e a ressignificação dos quilombos contemporâneos Limites e potencialidades. *RBCS*, 28(81).
- Marquese, R. d. B. 2006. A dinâmica da escravidão no Brasil: resistência, tráfico negreiro e alforrias, séculos XVII a XIX. *Novos estudos-CEBRAP*(74): 107-123.
- Martinez-Marignac, V. L., Valladares, A., Cameron, E., Chan, A., Perera, A., Globus-Goldberg, R., Wachter, N., Kumate, J., McKeigue, P., & O'Donnell, D. 2007. Admixture in Mexico City: implications for admixture mapping of type 2 diabetes genetic risk factors. *Human genetics*, 120(6): 807-819.
- Martínez, H., Rodríguez-Larralde, A., Izaguirre, M. H., & De Guerra, D. C. 2007. Admixture estimates for Caracas, Venezuela, based on autosomal, Y-chromosome, and mtDNA markers. *Human biology*, 79(2): 201-213.
- Mathias, R. A., Taub, M. A., Gignoux, C. R., Fu, W., Musharoff, S., O'Connor, T. D., Vergara, C., Torgerson, D. G., Pino-Yanes, M., & Shringarpure, S. S. 2016. A continuum of admixture in the Western Hemisphere revealed by the African Diaspora genome. *Nature communications*, 7: 12522.
- Matos, M. A., Reis, N. R. S., Kozłowski, A. G., Teles, S. A., Motta-Castro, A. R. C., Mello, F. C., Gomes, S. A., & Martins, R. M. 2009. Epidemiological study of hepatitis A, B and C in the largest Afro-Brazilian isolated community. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 103(9): 899-905.
- Mauvais-Jarvis, F., Clegg, D. J., & Hevener, A. L. 2013. The role of estrogens in control of energy balance and glucose homeostasis. *Endocrine reviews*, 34(3): 309-338.
- Mauvais-Jarvis, F. 2015. Sex differences in metabolic homeostasis, diabetes, and obesity. *Biology of sex differences*, 6(1): 14.
- Medeiros, D. S. d., Moura, C. S. d., Guimarães, M. D. C., & Acurcio, F. d. A. 2013. Utilização de medicamentos pela população quilombola: inquérito no Sudoeste da Bahia. *Revista de Saúde Pública*, 47(5): 905-913.
- Meegen-Silva, A. C. 1999. Kalunga: identidade étnica de uma comunidade remanescente de quilombos. *Kalunga: identidade étnica de uma comunidade remanescente de quilombos*. Dissertação(Mestrado em Antropologia Cultural) Vrije Universiteit. Amsterda, Holanda.
- Melo, M., & Silva, H. 2015. Doenças crônicas e os determinantes sociais da saúde em comunidades quilombolas do Pará, Amazônia, Brasil. *Revista ABPN*, 7(16): 168-189.
- Meigs, J. B., Grant, R. W., Piccolo, R., López, L., Florez, J. C., Porneala, B., Marceau, L., & McKinlay, J. B. 2014. Association of African genetic ancestry with fasting glucose and HbA1c levels in non-diabetic individuals: the Boston Area Community Health (BACH) Prediabetes Study. *Diabetologia*, 57(9): 1850-1858.
- Mimbacas, A., Perez-Bravo, F., Santos, J. L., Pisciotano, C., Grignola, R., Javiel, G., Jorge, A. M., & Cardoso, H. 2004. The association between HLA DQ genetic polymorphism and type 1 diabetes. *European journal of epidemiology*, 19(10): 931-934.
- Mingoti, S. A. 2005. Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada: Editora UFMG.
- Mingroni-Netto, R., Auricchio, M., Vicente, J., Volochko, A., & Batista, L. 2009a. Importância da pesquisa do traço e da anemia falciforme nos remanescentes de quilombos do Vale do Ribeira-SP. *Saúde nos quilombos*: 169-177.
- Mingroni-Netto, R., Angeli, C., Kimura, L., Auricchio, M., & Vicente, J. 2009b. Doenças modernas nos antigos quilombos: A obesidade e a hipertensão no Vale do Ribeira. *In Saúde nos quilombos, A. Volochko and LE Batista, orgs. São Paulo, Brazil: Instituto da Saúde*: 179-191.
- Monego, E. T., Peixoto, M. d. R. G., de Moraes Cordeiro, M., & Costa, R. M. 2010. (In) segurança alimentar de comunidades quilombolas do Tocantins. *Segurança Alimentar e Nutricional*, 17(1): 37-47.
- Motta-Castro, A. R., Martins, R. M., Araujo, N. M., Niel, C., Facholi, G. B., Lago, B. V., Mello, F. C., & Gomes, S. A. 2008. Molecular epidemiology of hepatitis B virus in an isolated Afro-Brazilian community. *Arch Virol*, 153(12): 2197-2205.
- Moura, R.R., Coelho, A. V. C., de Queiroz Balbino, V., Crovella, S., & Brandão, L. A. C. 2015. Meta-analysis of Brazilian genetic admixture and comparison with other Latin America countries. *American Journal of Human Biology*, 27(5): 674-680.

- Mozaffarian, D., Benjamin, E., Go, A., Arnett, D. K., Blaha, M. J., Cushman, M., Das, S. R., Sarah de Ferranti, M., Després, J.-P., & Fullerton, H. J. 2015. AHA statistical Update. *Heart Disease and Stroke. Circulation*.
- Nandakumar, P., Lee, D., Richard, M. A., Tekola-Ayele, F., Tayo, B. O., Ware, E., Sung, Y. J., Salako, B., Ogunniyi, A., Gu, C. C., Grove, M. L., Fornage, M., Kardia, S., Rotima, C., Cooper, R. S., Morrison, A. C., Ehret, G., & Chakravarti, A. 2017. Rare coding variants associated with blood pressure variation in 15 914 individuals of African ancestry. *J Hypertens*.
- Nascimento, A., & Quilombismo, O. 1980. Petrópolis. Vozes.
- Nascimento, A. F., Oliveira, J. S., Silva Junior, J. C., & Barbosa, A. A. 2016. Genomic ancestry evaluated by ancestry-informative markers in patients with sickle cell disease. *Genet Mol Res*, 15(1).
- Nascimento, L. B. d., Carneiro, M. A. d. S., Teles, S. A., Lopes, C. L. R., Reis, N. R. d. S., Silva, Á. M. d. C., Castro, A. R. C. M. d., Otsuki, K., Vicente, A. C. P., & Martins, R. M. B. 2009. Prevalência da infecção pelo HTLV-1, em remanescentes de quilombos no Brasil Central.
- Neme, S., & Andrade, C. 1987. Quilombo: forma de resistência. Proposta histórico-arqueológica. *Gilberto Huber e Ferdinando Bastos de Souza Insurreição Negra e Justiça. Rio de Janeiro, OAB*.
- Novais, T. O. 2015. O uso de álcool e outras drogas na comunidade Kalunga de Cavalcante e suas redes de cuidado. Tese (Doutorado em Ciências da Saúde). Universidade Federal de Goiás.
- Obesidade, D. B. 2009. 2010/ABESO—Associação Brasileira para Estudo da Obesidade e Síndrome Metabólica: Itapevi, SP: AC Farmacêutica.
- O'Dwyer, E. C. 2007. Terras de quilombo: identidade étnica e os caminhos do reconhecimento. *Revista TOMO(11): 43-58*.
- O'Donnell, O. 2007. Access to health care in developing countries: breaking down demand side barriers. *Cadernos de Saúde Pública*, 23(12): 2820-2834.
- Ofori-Asenso, R., Agyeman, A. A., Laar, A., & Boateng, D. 2016. Overweight and obesity epidemic in Ghana—a systematic review and meta-analysis. *BMC Public Health*, 16(1): 1239.
- Oguoma, V. M., Nwose, E. U., & Richards, R. S. 2015. Prevalence of cardio-metabolic syndrome in Nigeria: a systematic review. *Public Health*, 129(5): 413-423.
- Okop, K. J., Levitt, N., & Puoane, T. 2015. 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*, 10(10): e0140153.
- Oliveira, S. F., Dos Santos, E. B., De Souza Mendonça, P. J., Da Cruz Rocha, D. C., & Dos Santos, S. E. B. 2001. Group-specific component (GC) in curiaú and pacoval, two african-derived brazilian populations. *American Journal of Human Biology*, 13(6): 718-720.
- Oliveira, S. F., Pedrosa, M. A. F., Sousa, S. M., Mingroni-Netto, R. C., Abe-Sandes, K., Ferrari, I., Barbosa, A. A., Auricchio, M., & Klautau-Guimaraes, M. 2002. Heterogeneous distribution of HbS and HbC alleles in Afro-derived Brazilian populations. *Int J Hum Genet*, 2(3): 153-159.
- Oliveira, G. A. D. 2010. Os posseiros e a luta pela terra na região do Bico do Papagaio 1964-1985: modernização e tradição (Mestrado em Ciências Sociais)- Faculdade de Filosofia e Ciências (FFC) - UNESP, Marília, São Paulo.
- Oliveira, A. S. J., Rodrigues, F. E. N., Corrêia, L. S. S., Tavares, M. d. E., & Monteiro, T. L. 2011. Quilombolas do Pará: condições de vulnerabilidade nas comunidades remanescentes de Quilombo. Assis: Triunfal Gráfica e Editora.
- Oliveira, J. S., Ferreira, R. S., Santos, L. M., Marin, L. J., Correa, R. X., Luizson, M. R., Simoes, A. L., Gadelha, S. R., & Sousa, S. M. 2016. Self-declared ethnicity and genomic ancestry in prostate cancer patients from Brazil. *Genet Mol Res*, 15(4).
- Oliveira, K. F., & Jannuzzi, P. M. 2005. Motivos para migração no Brasil e retorno ao Nordeste padrões etários, por sexo e origem/destino. *São Paulo em Perspectiva*, 19(4): 134-143.
- Oliveira, M. V., Guimarães, M. D. C., & França, E. B. 2014. Fatores associados a não realização de Papanicolau em mulheres quilombolas. *Ciênc saúde coletiva [Internet]*, 19(11): 4535-4544.
- Oliveira, S. F., Pedrosa, M. A. F., Sousa, S. M., Mingroni-Netto, R. C., Abe-Sandes, K., Ferrari, I., Barbosa, A. A., Auricchio, M., & Klautau-Guimaraes, M. 2002. Heterogeneous distribution of HbS and HbC alleles in Afro-derived Brazilian populations. *Int J Hum Genet*, 2(3): 153-159.
- Omran, A. R. 2005. The epidemiologic transition: a theory of the epidemiology of population change. *The Milbank Quarterly*, 83(4): 731-757. Reprinted from *The Milbank Memorial Fund Quarterly*, Vol. 49, No. 4, Pt. 1, 1971 (pp. 509–38). Style and usage are unchanged.
- Onadoko, M. O., Lawoyin, T., Amodu, M., Ejikeme, C., & Dairo, M. 2002. Problems of widowhood: a study of widows in a tertiary institution in Ibadan, south west Nigeria. *African journal of medicine and medical sciences*, 31(3): 201-206.
- OMS, Organização Mundial da Saúde. 2011. Diminuindo diferenças: A prática das políticas sobre determinantes sociais da saúde: OMS Rio de Janeiro.

- Organization, W. H. 2014. Noncommunicable diseases country profiles 2014.
- Ortega, V. E., & Kumar, R. 2015. The Effect of Ancestry and Genetic Variation on Lung Function Predictions: What Is "Normal" Lung Function in Diverse Human Populations? *Curr Allergy Asthma Rep*, 15(4): 16.
- Palacín, L. 1994. O século do ouro em Goiás. *Goiânia: UCG*: 134.
- Palha, T. d. J. B. F., Ribeiro-Rodrigues, E. M., Ribeiro-dos-Santos, Â., Guerreiro, J. F., de Moura, L. S. S., & Santos, S. 2011. Male ancestry structure and interethnic admixture in African-descent communities from the Amazon as revealed by Y-chromosome Strs. *American journal of physical anthropology*, 144(3): 471-478.
- Parra, E. J., Kittles, R. A., & Shriver, M. D. 2004. Implications of correlations between skin color and genetic ancestry for biomedical research. *Nature genetics*, 36: S54-S60.
- Parra, E. J., Marcini, A., Akey, J., Martinson, J., Batzer, M. A., Cooper, R., Forrester, T., Allison, D. B., Deka, R., & Ferrell, R. E. 1998. Estimating African American admixture proportions by use of population-specific alleles. *The American Journal of Human Genetics*, 63(6): 1839-1851.
- Parra, F. C., Amado, R. C., Lambertucci, J. R., Rocha, J., Antunes, C. M., & Pena, S. D. 2003. Color and genomic ancestry in Brazilians. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 100(1): 177-182.
- Pedrosa, M., & Oliveira, S. 2004. *Mixtura étnica en poblaciones afro-descendientes semi-aisladas de Brasil*. Paper presented at the Caracas. Anais do VIII Congresso de la Asociacion Latino americana de Antropología Biológica.
- Pedrosa, M. A. F. 2006. Composição genética de quatro populações remanescentes de quilombos do Brasil com base em microssatélites e marcadores de ancestralidade. Dissertação (Mestrado em Biologia Animal) - Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Brasília (UnB), Brasília.
- Pena, G. G., Martinez-Perez, A., Dutra, M. S., Gazzinelli, A., Correa-Oliveira, R., Soria, J. M., & Velasquez-Melendez, G. 2016. Genetic determinants of cardiometabolic risk factors in rural families in Brazil. *Am J Hum Biol*, 28(5): 619-626.
- Pena, S. D. 2005. Razões para banir o conceito de raça da medicina brasileira. *Hist. ciênc. saúde-Manguinhos*, 12(2): 321-346.
- Pena, S. D., & Bortolini, M. C. 2004. Pode a genética definir quem deve se beneficiar das cotas universitárias e demais ações afirmativas? *Estudos avançados*, 18(50): 31-50.
- Pena, S. D., Di Pietro, G., Fuchshuber-Moraes, M., Genro, J. P., Hutz, M. H., Kehdy, F. d. S. G., Kohlrausch, F., Magno, L. A. V., Montenegro, R. C., & Moraes, M. O. 2011. The genomic ancestry of individuals from different geographical regions of Brazil is more uniform than expected. *PloS one*, 6(2): e17063.
- Pereira, R., Phillips, C., Pinto, N., Santos, C., dos Santos, S. E. B., Amorim, A., Carracedo, Á., & Gusmão, L. 2012. Straightforward inference of ancestry and admixture proportions through ancestry-informative insertion deletion multiplexing. *PloS one*, 7(1): e29684.
- Pereira, L. L., Silva, H. P. d., & Santos, L. M. P. 2015. Projeto Mais Médicos para o Brasil: estudo de caso em comunidades quilombolas. *Revista da ABPN*, 7(16): 28-51.
- Perreira, K. M., & Telles, E. E. 2014. The color of health: Skin color, ethnoracial classification, and discrimination in the health of Latin Americans. *Social science & medicine*, 116: 241-250.
- Petrucelli, J. L. Ethnic/racial statistics: Brazil and an overview of the Americas. In: FERRÁNDEZ, L. F. A. & Kradolfer, S. Everlasting countdowns: race, ethnicity and national censuses in Latin American states. Newcastle: Cambridge Scholars Publishing, p. 264-303, 2012.
- Peters, A., & McEwen, B. S. 2015. Stress habituation, body shape and cardiovascular mortality. *Neurosci Biobehav Rev*, 56: 139-150.
- Colfer, P., C. 2008. Human health and forests: a global overview of issues, practice and policy.
- Pinheiro, R. S., Viacava, F., Travassos, C., & Brito, A. d. S. 2002. Sexo, morbidade, acesso e utilização de serviços de saúde no Brasil. *Ciência & Saúde Coletiva*, 7(4): 687-707.
- Pinho, C. P. S., Diniz, A. d. S., Arruda, I. K. G. d., Batista Filho, M., Coelho, P. C., Sequeira, L. A. d. S., & Lira, P. I. C. d. 2013. Prevalence of abdominal obesity and associated factors among individuals 25 to 59 years of age in Pernambuco State, Brazil. *Cadernos de Saúde Pública*, 29(2): 313-324.
- Pinho, L., Dias, R. L., Mendes Alves Cruz, L., & Aléssio Velloso, N. 2015. Condições de saúde de comunidade quilombola no norte de Minas Gerais. *Revista de Pesquisa: Cuidado e Fundamental*, 7(1).
- Piperata, B. A., Ivanova, S. A., Da-gloria, P., Veiga, G., Polsky, A., Spence, J. E., & Murrieta, R. S. 2011a. Nutrition in transition: dietary patterns of rural Amazonian women during a period of economic change. *Am J Hum Biol*, 23(4): 458-469.
- Piperata, B. A., Spence, J. E., Da-Gloria, P., & Hubbe, M. 2011b. The nutrition transition in amazonia: rapid economic change and its impact on growth and development in Ribeirinhos. *Am J Phys Anthropol*, 146(1): 1-13.
- Piza, E., & Rosemberg, F. 1999. Cor nos censos brasileiros. *Revista USP*(40): 122-137.
- PNAD, Pesquisa Nacional por Amostra de Domicílios. 2014. Síntese de Indicadores 2014. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Rio de Janeiro.

- Price, A. L., Patterson, N., Yu, F., Cox, D. R., Waliszewska, A., McDonald, G. J., Tandon, A., Schirmer, C., Neubauer, J., Bedoya, G., Duque, C., Villegas, A., Bortolini, M. C., Salzano, F. M., Gallo, C., Mazzotti, G., Tello-Ruiz, M., Riba, L., Aguilar-Salinas, C. A., Canizales-Quinteros, S., Menjivar, M., Klitz, W., Henderson, B., Haiman, C. A., Winkler, C., Tusie-Luna, T., Ruiz-Linares, A., & Reich, D. 2007. A genomewide admixture map for Latino populations. *Am J Hum Genet*, 80(6): 1024-1036.
- Pritchard, J. K., Stephens, M., & Donnelly, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155(2): 945-959.
- Qi, L., Nassir, R., Kosoy, R., Garcia, L., Waetjen, L. E., Ochs-Balcom, H. M., Gass, M., Robbins, J., & Seldin, M. F. 2013. Relationship between hysterectomy and admixture in African American women. *American journal of obstetrics and gynecology*, 208(4): 279. e271-279. e277.
- Queiroz, E. M., Santos, A. M., Castro, I. M., Machado-Coelho, G. L., Candido, A. P., Leite, T. M., Pereira, R. W., & Freitas, R. N. 2013. Genetic composition of a Brazilian population: the footprint of the Gold Cycle. *Genet Mol Res*, 12(4): 5124-5133.
- Quinlan, J., Pearson, L. N., Clukay, C. J., Mitchell, M. M., Boston, Q., Gravlee, C. C., & Mulligan, C. J. 2016. Genetic Loci and Novel Discrimination Measures Associated with Blood Pressure Variation in African Americans Living in Tallahassee. *PLoS One*, 11(12): e0167700.
- Ramdath, D. D., Singh, S., Hilaire, D. G., & Nayak, B. S. 2013. Determinants of plasma triglyceride levels in a multiethnic working class Caribbean population: Effect of ethnicity, diet and obesity. *Diabetes & Metabolic Syndrome: Clinical Research & Reviews*, 7(4): 198-201.
- Ramos, J. D. S. 1996. Dos males que vêm com o sangue: as representações raciais e a categoria do imigrante indesejável nas concepções sobre imigração da década de 20. *Raça, ciência e sociedade. Rio de Janeiro: Fiocruz/CCBB*.
- Ramos, C., Magna, L., de Mello, M., Silva, R., & de Moura-Neto, R. 2004. Genetic variation and relationships at six VNTR loci in two distinct sample populations in Brazil. *Annals of human biology*, 31(6): 660-668.
- Ramos, B. R.A, D'Elia, M. P. B., Amador, M. A. T., Santos, N. P. C., Santos, S. E. B., da Cruz Castelli, E., Witkin, S. S., Miot, H. A., Miot, L. D. B., & da Silva, M. G. 2016. Neither self-reported ethnicity nor declared family origin are reliable indicators of genomic ancestry. *Genetica*, 144(3): 259-265.
- Rangel, D. L. d. O., Oliveira, C. d., Kyaw, C. M., Caldeira Júnior, A. M., & Monteiro, P. S. 2014. Perfil parasitológico de moradores de uma comunidade quilombola. *Acta Paulista de Enfermagem*, 27(6): 513-519.
- Rasella, D., Machado, D. B., Castellanos, M. E. P., Paim, J., Szwarcwald, C. L., Lima, D., Magno, L., Pedrana, L., Medina, M. G., Penna, G. O., & Barreto, M. L. 2016. Assessing the relevance of indicators in tracking social determinants and progress toward equitable population health in Brazil. *Global Health Action*, 9(1): 29042.
- Rathmann, W., & Giani, G. 2004. Global prevalence of diabetes: estimates for the year 2000 and projections for 2030. *Diabetes care*, 27(10): 2568-2569.
- Raymond, M., & Rousset, F. 1995. GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism. *Journal of heredity*, 86(3): 248-249.
- Rebbeck, T. R., & Sankar, P. 2005. Ethnicity, ancestry, and race in molecular epidemiologic research. *Cancer Epidemiol Biomarkers Prev*, 14(11 Pt 1): 2467-2471.
- Reis, J. J., & Gomes, F. d. S. 1996. Introdução—Uma história da liberdade. *Liberdade por um fio: História dos quilombos no Brasil*: 9-25.
- Reis, E. 1997. Discriminating analysis (Análise Discriminante). *Estatística Multivariada Aplicada*. Edições Silabo, Lisbon, Portugal: 201-244.
- Ribeiro-dos-Santos, A. K. C., Pereira, J. M., Lobato, M. R. F., Carvalho, B. M., Guerreiro, J. F., & Dos Santos, S. B. 2002. Dissimilarities in the process of formation of Curiaú, a semi-isolated Afro-Brazilian population of the Amazon region. *American journal of human biology*, 14(4): 440-447.
- Ribeiro, G. 2005. Contribuição genética masculina, baseada em marcadores Y-específicos na constituição de quatro comunidades afro-descendentes brasileiras. *Master's thesis, Universidade de Brasília, Brasília, Brazil*.
- Ribeiro, G. G., De Lima, R. R., Wiesel, C. E., Ferreira, L. B., Sousa, S. M., Rocha, D. M., Canas Mdo, C., Nardelli-Costa, J., Klautau-Guimaraes Mde, N., Simoes, A. L., & Oliveira, S. F. 2009. Afro-derived Brazilian populations: male genetic constitution estimated by Y-chromosomes STRs and AluYAP element polymorphisms. *Am J Hum Biol*, 21(3): 354-356.
- Ribeiro, G. G. B. L. 2009. Análise Genética de Marcadores do Tipo STR e Indel em cromossomos sexuais humanos em populações remanescentes de Quilombos. Tese (Doutorado em Biologia Animal)-Universidade de Brasília, Brasília.
- Ribeiro, G. G. B. L., Abe-Sandes, K., Barcelos, R. d. S. S., Klautau-Guimarães, M. d. N., Junior, W. A. d. S., & Oliveira, S. F. d. 2011. Who were the male founders of rural Brazilian Afro-derived communities? A proposal based on three populations. *Annals of human biology*, 38(2): 237-240.

- Ribeiro-Rodrigues, E. M., Palha, T. d. J. B. F., & dos Santos, S. E. B. 2007. Allele frequencies data and statistic parameters for 13 STR loci in a population of the Brazilian Amazon Region. *Forensic science international*, 168(2): 244-247.
- Robinson, W. R. 2012. Gender-Specific Effects of Early Nutritional Restriction on Adult Obesity Risk: Evidence From Quasi-Experimental Studies. *Obesity*, 20(12): 2464-2466.
- Rooij, S. R., & Roseboom, T. J. 2013. The developmental origins of ageing: study protocol for the Dutch famine birth cohort study on ageing. *BMJ open*, 3(6): e003167.
- Rostand, S. G. 2010. Vitamin D, blood pressure, and African Americans: toward a unifying hypothesis. *Clin J Am Soc Nephrol*, 5(9): 1697-1703.
- Rotar, O., Moguchaia, E., Boyarinova, M., Kolesova, E., Khromova, N., Freylikhman, O., Smolina, N., Solntsev, V., Kostareva, A., Konradi, A., & Shlyakhto, E. 2015. Seventy years after the siege of Leningrad: does early life famine still affect cardiovascular risk and aging? *J Hypertens*, 33(9): 1772-1779; discussion 1779.
- Ruiz-Linares, A., Adhikari, K., Acuña-Alonzo, V., Quinto-Sanchez, M., Jaramillo, C., Arias, W., Fuentes, M., Pizarro, M., Everardo, P., & de Avila, F. 2014. Admixture in Latin America: geographic structure, phenotypic diversity and self-perception of ancestry based on 7,342 individuals. *PLoS Genet*, 10(9): e1004572.
- Saab, K. R., Kendrick, J., Yracheta, J. M., Lanaspá, M. A., Pollard, M., & Johnson, R. J. 2015. New insights on the risk for cardiovascular disease in African Americans: the role of added sugars. *J Am Soc Nephrol*, 26(2): 247-257.
- Salfati, E., Morrison, A. C., Boerwinkle, E., & Chakravarti, A. 2015. Direct estimates of the genomic contributions to blood pressure heritability within a population-based cohort (ARIC). *PloS one*, 10(7): e0133031.
- São-Bento, M., Carvalho, M., Andrade, L., Lopes, V., Serra, A., Gamero, J., Corte-Real, F., Vide, M., & Anjos, M. 2008. STR data for the 15 AmpFISTR® Identifier™ loci in the Brazilian population of São Paulo State. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 1(1): 367-369.
- Saitou, N. 1995. A genetic affinity analysis of human populations. *Human Evolution*, 10(1): 17-33.
- Silva, A. C. A. 2016. Na saúde e na doença: variabilidade genética humana estimada por marcadores genéticos neutros e em genes. Tese (Doutorado em Biologia Animal) -Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Brasília (UnB), Brasília.
- Slatkin, M. 1991. Inbreeding coefficients and coalescence times. *Genetical research*, 58(02): 167-175.
- Salzano, F. M. 2007. O conceito de raça a partir da biologia e da sociologia. *Genética na Escola*, 2(01): 1-2.
- Salzano, F. M., & Callegari-Jacques, S. M. 1988. *South American Indians: a case study in evolution*: Oxford University Press.
- Salzano, F. M., & Freire-Maia, N. 1967. *Populações brasileiras: aspectos demográficos, genéticos e antropológicos [por] FM Salzano [e] N. Freire-Maia*: Cia. Ed. Nacional, Ed. da Universidade.
- Salzano, F. M., & Maia, N. F. 1970. *Problems in human biology: a study of Brazilian populations*: Wayne State University Press.
- Salzano, F. M., & Sans, M. 2014. Interethnic admixture and the evolution of Latin American populations. *Genetics and molecular biology*, 37(1): 151-170.
- Santos, A., & Doula, S. M. 2008. Políticas públicas e quilombolas: questões para debate e desafios à prática extensionista. *Revista Extensão Rural, DEAER/PGExR-CCR-UFSM, Ano XV*(16): 67-83.
- Santos, S.E.B. 2015. Memorial apresentado à Universidade Federal do Pará para Concurso de professor Titular da Carreira do Magistério Superior. Memorial (Professor Titular). Universidade Federal do Pará, Belém, PA.
- Santos, H. C., Horimoto, A. V., Tarazona-Santos, E., Rodrigues-Soares, F., Barreto, M. L., Horta, B. L., Lima-Costa, M. F., Gouveia, M. H., Machado, M., Silva, T. M., Sanches, J. M., Esteban, N., Magalhaes, W. C., Rodrigues, M. R., Kehdy, F. S., Pereira, A. C., & Brazilian, E. P. C. 2016. A minimum set of ancestry informative markers for determining admixture proportions in a mixed American population: the Brazilian set. *Eur J Hum Genet*, 24(5): 725-731.
- Santos, M. E. V. d. 2015. Mobilidade dos trabalhadores dos engenhos na abolição e no pós-abolição: trajetórias e autonomia (Zona da Mata Sul, 1884-1893), *XXVIII Simpósio Nacional de História Lugares dos Historiadores: velhos e novos desafios*. Florianópolis.
- Santos, N. P., Ribeiro-Rodrigues, E. M., Ribeiro-Dos-Santos, A. K., Pereira, R., Gusmao, L., Amorim, A., Guerreiro, J. F., Zago, M. A., Matte, C., Hutz, M. H., & Santos, S. E. 2010. Assessing individual interethnic admixture and population substructure using a 48-insertion-deletion (INSEL) ancestry-informative marker (AIM) panel. *Hum Mutat*, 31(2): 184-190.
- Santos, R. C., & Silva, M. S. 2014. Condições de vida e itinerários terapêuticos de quilombolas de Goiás. *Saúde e Sociedade*, 23(3), 1049-1063.

- Santos, Ricardo V., Fry, Peter H., Monteiro, S., Maio, Marcos C., Rodrigues, José C., Bastos-Rodrigues, L., & Pena, Sérgio D. J. 2009. Color, Race, and Genomic Ancestry in Brazil. *Current Anthropology*, 50(6): 787-819.
- Sartorio, S. D. 2008. Aplicações de técnicas de análise multivariada em experimentos agropecuários usando o software R. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz.
- Saúde, M. 2008. Mais saúde: direito de todos: 2008-2011: Editora do Ministério da Saúde Brasília.
- Saúde, M., Secretaria de Ciência, Secretaria de Ciência, Tecnologia e Insumos Estratégicos, Departamento de Ciência e Tecnologia. 2008. Agenda nacional de prioridades de pesquisa em saúde: Editora do Ministério da Saúde Brasília (DF).
- Schlesinger, D., Grinberg, L. T., Alba, J. G., Naslavsky, M. S., Licinio, L., Farfel, J. M., Suemoto, C. K., de Lucena Ferretti, R. E., Leite, R. E., de Andrade, M. P., dos Santos, A. C., Brentani, H., Pasqualucci, C. A., Nitrini, R., Jacob-Filho, W., Zatz, M., & Brazilian Aging Brain Study, G. 2013. African ancestry protects against Alzheimer's disease-related neuropathology. *Mol Psychiatry*, 18(1): 79-85.
- Schmidt, M. I., & Duncan, B. B. 2011. O enfrentamento das doenças crônicas não transmissíveis: um desafio para a sociedade brasileira. *Epidemiologia e Serviços de Saúde*, 20(4): 421-423.
- Schuster, M. A., Elliott, M. N., Kanouse, D. E., Wallander, J. L., Tortolero, S. R., Ratner, J. A., Klein, D. J., Cuccaro, P. M., Davies, S. L., & Banspach, S. W. 2012. Racial and ethnic health disparities among fifth-graders in three cities. *N Engl J Med*, 367(8): 735-745.
- Schlüssel, M. M., Silva, A. A. M. d., Pérez-Escamilla, R., & Kac, G. 2013. Household food insecurity and excess weight/obesity among Brazilian women and children: a life-course approach. *Cadernos de saude publica*, 29(2): 219-226.
- Szwarcwald, C. L., Souza-Júnior, P. R., & Damacena, G. N. 2010. 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*, 10(1): 217.
- Szwarcwald, C. L., Malta, D. C., Pereira, C. A., Vieira, M. L. F. P., Conde, W. L., Souza Junior, P. R. B. d., Damacena, G. N., Azevedo, L. O., Silva, G., & Theme Filha, M. M. 2014. Pesquisa Nacional de Saúde no Brasil: concepção e metodologia de aplicação.
- Scliar, M. 2007. História do conceito de saúde. *Physis*, 17(1): 29-41.
- Scliar, M. O., Vaintraub, M. T., Vaintraub, P., & Fonseca, C. G. 2009. Brief communication: Admixture analysis with forensic microsatellites in Minas Gerais, Brazil: The ongoing evolution of the capital and of an African-derived community. *American journal of physical anthropology*, 139(4): 591-595.
- Singer, M., Bulled, N., Ostrach, B., & Mendenhall, E. 2017. Syndemics and the biosocial conception of health. *The Lancet*, 389(10072): 941-950.
- SEPPPIR, Secretaria de Políticas de Promoção da Igualdade Racial. 2012. Programa Brasil Quilombola: diagnóstico de ações realizadas Brasília, DF.
- Seyferth, G. 1996. Construindo a nação: hierarquias raciais e o papel do racismo na política de imigração e colonização. *Raça, ciência e sociedade. Rio de Janeiro: Fiocruz/CCBB*, 996.
- Shetty, P. B., Hua, T., Bamidele, T., Morrison, A. C., Hanis, C. L., Rao, D. C., Young, J. H., Ervin, R., Boerwinkle, E., & Cooper, R. S. 2012. Variants in CXADR and F2RL1 are associated with blood pressure and obesity in African-Americans in regions identified through admixture mapping. *Journal of hypertension*, 30(10): 1970.
- Shriver, M. D., & Kittles, R. A. 2004. Genetic ancestry and the search for personalized genetic histories. *Nature Reviews Genetics*, 5(8): 611-618.
- Shriver, M. D., Smith, M. W., Jin, L., Marcini, A., Akey, J. M., Deka, R., & Ferrell, R. E. 1997. Ethnic-affiliation estimation by use of population-specific DNA markers. *American journal of human genetics*, 60(4): 957.
- Silbiger, V. N., Hirata, M. H., Luchessi, A. D., Genvigir, F. D., Cerda, A., Rodrigues, A. C., Willrich, M. A., Arazi, S. S., Dorea, E. L., Bernik, M. M., Faludi, A. A., Bertolami, M. C., Santos, C., Carracedo, A., Salas, A., Freire, A., Lareu, M. V., Phillips, C., Porras-Hurtado, L., Fondevila, M., & Hirata, R. D. 2012. Differentiation of African components of ancestry to stratify groups in a case-control study of a Brazilian urban population. *Genet Test Mol Biomarkers*, 16(6): 524-530.
- Silva, R.D.J., Garavello, M. E. d. P. E., Navas, R., Nardoto, G. B., Mazzi, E. A., & Martinelli, L. A. 2015. Transição agroalimentar em comunidades tradicionais rurais: o caso dos remanescentes de quilombo Kalunga-GO. *Segurança Alimentar e Nutricional*, 22(1): 591-607.
- Silva, H. P., Padez, C., Moura, E. A., & Filgueiras, L. A. 2016. Obesity, hypertension, social determinants of health and the epidemiologic transition among traditional Amazonian populations. *Annals of human biology*, 43(4): 371-381.
- Silva, H. P., Piperata, B. A., & Dufour, D. L. 2016. Human Biology of the Amazon. *Ann Hum Biol*, 43(4): 289-292.

- Silva, S. R. d. 2011. A trajetória do negro no Brasil e a territorialização quilombola. *Revista NERA*, 14(19): 73-89.
- Silva, G. S., & da Silva, V. J. 2015. Quilombos Brasileiros: alguns aspectos da trajetória do negro no Brasil. *Mosaico*, 7(2): 191-200.
- Silva, T. M. d. 2017. Ancestralidade biogeográfica, raça/cor, determinantes sociais e sintomas de asma e atopia em uma coorte do município de Salvador, Bahia. Tese (Doutorado em Saúde Pública). Universidade Federal da Bahia.
- Silva, V. S. 1997. Do Mucambo do Pau Preto à Rio das Rãs-liberdade e escravidão na construção da identidade negra de um quilombo contemporâneo. Dissertação de Mestrado em Sociologia/FFCH/UFBA.
- Silva, J. A. N. 2007. Condições sanitárias e de saúde em Caiana dos Crioulos, uma comunidade Quilombola do Estado da Paraíba. *Saúde e Sociedade*, 16(2): 111-124.
- Silva, T. M., Rani, M. S., de Oliveira Costa, G. N., Figueiredo, M. A., Melo, P. S., Nascimento, J. F., Molyneaux, N. D., Barreto, M. L., Reis, M. G., & Teixeira, M. G. 2014. The correlation between ancestry and color in two cities of Northeast Brazil with contrasting ethnic compositions. *European Journal of Human Genetics*, 23(7): 984-989.
- Silva, H. P. 2010. Variabilidade, raça e racismo: conversando sobre a diversidade biocultural humana. *Diversidade, Educação e Direitos*: 9.
- Silva, M. J. G., da Silva Lima, F. S., & Hamann, E. M. 2010. Uso dos serviços públicos de saúde para DST/HIV/aids por comunidades remanescentes de Quilombos no Brasil. *Saúde e Sociedade*, 19(supl. 2): 109-120.
- Singh, G. K., Siahpush, M., Azuine, R. E., & Williams, S. D. 2015. Widening socioeconomic and racial disparities in cardiovascular disease mortality in the United States, 1969-2013. *International Journal of MCH and AIDS*, 3(2): 106.
- Siqueira, M. d. L. 2007. Quilombos no Brasil e a singularidade de Palmares. *Salvador, Secretaria Municipal de Educação e Cultura. Lei*, 10(03).
- Soares, A. A. 1995. Kalunga: o direito de existir (questões antropológicas e jurídicas sobre remanescentes de quilombo). *Brasília: Fundação Palmares*.
- Soares, D. A., & Barreto, S. M. 2014a. [Overweight and abdominal obesity in adults in aquilombocommunity in Bahia State, Brazil]. *Cad Saude Publica*, 30(2): 341-354.
- Soares, L. P., Dal Fabbro, A. L., Silva, A. S., Sartorelli, D. S., Franco, L. F., Kuhn, P. C., Moises, R. S., Vieira-Filho, J. P. B., & Franco, L. J. 2015. Prevalence of metabolic syndrome in the Brazilian Xavante indigenous population. *Diabetology & metabolic syndrome*, 7(1): 105.
- Sociedade, B. D. H., Cardiologia, S. B. D., & Nefrologia, S. B. d. 2010. VI Brazilian guidelines on hypertension. *Arquivos brasileiros de cardiologia*, 95(1 Suppl): 1.
- Solar, O., & Irwin, A. 2010. A conceptual framework for action on the social determinants of health. World Health Organization Geneva : World Health Organization
- Souza, C. L., Barroso, S. M., & Guimarães, M. D. C. 2014. Oportunidade perdida para diagnóstico oportunista de diabetes mellitus em comunidades quilombolas do sudoeste da Bahia, Brasil. *Ciência & Saúde Coletiva*, 19(6): 1653-1662.
- Souza-Júnior, P. R. B. d., Freitas, M. P. S. d., Antonaci, G. d. A., & Szwarcwald, C. L. 2015. Desenho da amostra da Pesquisa Nacional de Saúde 2013. *Epidemiologia e Serviços de Saúde*, 24(2): 207-216.
- Souza, E. S., De Araujo, L. F., De Alencar, D. O., Dos Santos, S. E., Silva, W. A., Jr., Ferreira, C. A., & Baddini-Martinez, J. 2015. Does ethnic ancestry play a role in smoking? *An Acad Bras Cienc*, 87(1): 447-453.
- Stevens, G., Ishizawa, H., & Grbic, D. 2015. Measuring race and ethnicity in the censuses of Australia, Canada, and the United States: Parallels and paradoxes. *Canadian Studies in Population*, 42(1-2): 13-34.
- Stokowski, R. P., Pant, P. K., Dadd, T., Fereday, A., Hinds, D. A., Jarman, C., Filsell, W., Ginger, R. S., Green, M. R., & van der Ouderaa, F. J. 2007. A genomewide association study of skin pigmentation in a South Asian population. *The American Journal of Human Genetics*, 81(6): 1119-1132.
- Stringhini, S., Forrester, T. E., Plange-Rhule, J., Lambert, E. V., Viswanathan, B., Riesen, W., Korte, W., Levitt, N., Tong, L., Dugas, L. R., Shoham, D., Durazo-Arvizu, R. A., Luke, A., & Bovet, P. 2016. The social patterning of risk factors for noncommunicable diseases in five countries: evidence from the modeling the epidemiologic transition study (METS). *BMC Public Health*, 16: 956.
- Sturm, R. A. 2009. Molecular genetics of human pigmentation diversity. *Hum Mol Genet*, 18(R1): R9-17.
- Suarez-Kurtz, G., Pena, S. D., Struchiner, C. J., & Hutz, M. H. 2012. Pharmacogenomic Diversity among Brazilians: Influence of Ancestry, Self-Reported Color, and Geographical Origin. *Front Pharmacol*, 3: 191.
- Szwarcwald, C. L., Malta, D. C., Pereira, C. A., Vieira, M. L. F. P., Conde, W. L., Souza Junior, P. R. B. d., Damacena, G. N., Azevedo, L. O., Silva, G., & Theme Filha, M. M. 2014. Pesquisa Nacional de Saúde no Brasil: concepção e metodologia de aplicação.

- Tang, H., Choudhry, S., Mei, R., Morgan, M., Rodriguez-Cintron, W., Burchard, E. G., & Risch, N. J. 2007. Recent genetic selection in the ancestral admixture of Puerto Ricans. *The American Journal of Human Genetics*, 81(3): 626-633.
- Tarazona-Santos, E., Kehdy, F., Magalhães, W. C. S., Rodrigues, M. R., Scliar, M., Zolini, C., Barreto, M. L., Horta, B. L., Pereira, A. C., & Lima-Costa, M. F. 2016a. Brasil e a idiosincrasia da miscigenação. *Revista da Universidade Federal de Minas Gerais*, 22(1.2).
- Telles, E. E. 2004. O significado da raça na sociedade brasileira. *Princeton e*.
- Tishkoff, S. A., & Williams, S. M. 2002. Genetic analysis of African populations: human evolution and complex disease. *Nature Reviews Genetics*, 3(8): 611-621.
- Tishkoff, S. A., & Kidd, K. K. 2004. Implications of biogeography of human populations for 'race' and medicine. *Nat Genet*, 36(11 Suppl): S21-27.
- Toledo, R. D. C. P. 2011. Região 3'UTR do gene HLA-G em populações humanas do Centro-Oeste. Dissertação (Mestrado em Biologia Animal). Universidade de Brasília.
- Tomasi, E., Nunes, B. P., Thumé, E., da Silveira, D. S., Siqueira, F. V., Piccini, R. X., Silva, S. M., Dilélio, A. S., & Facchini, L. A. 2014. Utilização de serviços de saúde no Brasil: associação com indicadores de excesso de peso e gordura abdominal Use of health services in Brazil: association with overweight and body fat indicators. *Cad. Saúde Pública*, 30(7): 1515-1524.
- Trabaquini, K., Galvão, L. S., & Formaggio, A. R. 2017. Soil, land use time, and sustainable intensification of agriculture in the Brazilian Cerrado region. *Environmental monitoring and assessment*, 189(2): 70.
- Tran, N. T., Aslibekyan, S., Tiwari, H. K., Zhi, D., Sung, Y. J., Hunt, S. C., Rao, D., Broeckel, U., Judd, S. E., & Muntner, P. 2015. PCSK9 variation and association with blood pressure in African Americans: preliminary findings from the HyperGEN and REGARDS studies. *Frontiers in genetics*, 6.
- Tsao, C. W., & Vasan, R. S. 2015. Cohort Profile: The Framingham Heart Study (FHS): overview of milestones in cardiovascular epidemiology. *Int J Epidemiol*, 44(6): 1800-1813.
- Valeggia, C. R., Burke, K. M., & Fernandez-Duque, E. 2010. Nutritional status and socioeconomic change among Toba and Wichi populations of the Argentinean Chaco. *Econ Hum Biol*, 8(1): 100-110.
- Vallinoto, I. M. V. C., Vallinoto, A. C. R., Valente, C. M. D., & Guerreiro, J. F. 2003. Allele frequency distributions of six hypervariable loci (D1S80, APOB, D4S43, vW1, F13A and DYS19) in two African-Brazilian communities from the Amazon region. *Genetics and molecular biology*, 26(3): 235-240.
- Velho, O. G. 2009. *Frente de expansão e estrutura agrária: estudo do processo de penetração numa área da Transamazônia* Rio de Janeiro.
- Véran, J. F. 1999. Rio das Rãs memória de uma " comunidade remanescente de quilombo". *Afro-Ásia*(23): 295-323.
- Vieira, A. B. D. 2014. População quilombola Kalunga: acesso ao sistema de saúde sob o enfoque da bioética de intervenção. Tese (Doutorado em Bioética)—Universidade de Brasília, Brasília, 2014.
- VIGITEL, B. 2011. Vigilância de fatores de risco e proteção para doenças crônicas por inquérito telefônico. SVS/Ministério da Saúde e NUPENS/Universidade de São Paulo.
- Vila Real, R. N. d. S. 1996. Cultura e Currículo: Um estudo da escola Kalunga. *UFG, Goiânia*.
- Walter, H. 1971. Remarks on the environmental adaptation of man. *Humangenetik*, 13(2): 85-97.
- Wagner, J. K., Yu, J. H., Ifekwunigwe, J. O., Harrell, T. M., Bamshad, M. J., & Royal, C. D. 2017. Anthropologists' views on race, ancestry, and genetics. *American Journal of Physical Anthropology*, 162(2): 318-327.
- Wang, S., Ray, N., Rojas, W., Parra, M. V., Bedoya, G., Gallo, C., Poletti, G., Mazzotti, G., Hill, K., & Hurtado, A. M. 2008. Geographic patterns of genome admixture in Latin American Mestizos. *PLoS Genet*, 4(3): e1000037.
- Weber, J. L., David, D., Heil, J., Fan, Y., Zhao, C., & Marth, G. 2002. Human diallelic insertion/deletion polymorphisms. *The American Journal of Human Genetics*, 71(4): 854-862.
- WHO, World Health Organization. 2010. A conceptual framework for action on the social determinants of health.
- Wiley, A. S., & Allen, J. S. 2009. *Medical anthropology: a biocultural approach*: Oxford University Press New York.
- Wild S, Roglic G, Green A, Sicree R, King H. 2004. Global prevalence of diabetes: estimates for the year 2000 and projections for 2030. *Diabetes Care* 27:1047–1053.
- Williams, S. F., Nicholas, S. B., Vaziri, N. D., & Norris, K. C. 2014. African Americans, hypertension and the renin angiotensin system. *World journal of cardiology*, 6(9): 878.
- Wilson, T. W. 1986. Africa, Afro-Americans, and hypertension: an hypothesis. *Social science history*, 10(04): 489-500.
- Wilson, T. W., & Grim, C. E. 1991. Biohistory of slavery and blood pressure differences in blacks today. A hypothesis. *Hypertension*, 17(1 Suppl): I122.

- Wilkins, J. F., & Marlowe, F. W. 2006. Sex-biased migration in humans: what should we expect from genetic data? *Bioessays*, 28(3): 290-300.
- Winkler, C. A., Nelson, G. W., & Smith, M. W. 2010. Admixture mapping comes of age. *Annual review of genomics and human genetics*, 11: 65-89.
- Woortmann, K. 1990. Migração, família e campesinato: Universidade de Brasília, Instituto de Ciências Humanas, Departamento de Antropologia.
- Yang, W., Kelly, T., & He, J. 2007. Genetic epidemiology of obesity. *Epidemiologic reviews*, 29(1): 49-61.
- Yehuda, R., Daskalakis, N. P., Bierer, L. M., Bader, H. N., Klengel, T., Holsboer, F., & Binder, E. B. 2016. Holocaust exposure induced intergenerational effects on FKBP5 methylation. *Biological psychiatry*, 80(5): 372-380.
- Yu, J. H., Taylor, J. S., Edwards, K. L., & Fullerton, S. M. 2012a. What are our AIMS? Interdisciplinary Perspectives on the Use of Ancestry Estimation in Disease Research. *AJOB Prim Res*, 3(4): 87-97.
- Yu, S. S., Castillo, D. C., Courville, A. B., & Sumner, A. E. 2012b. The triglyceride paradox in people of African descent. *Metabolic syndrome and related disorders*, 10(2): 77-82.
- Zaluar, A. 2002. A máquina e a revolta: as organizações populares e o significado da pobreza: Brasiliense.
- Zaluar, A., & Monteiro, M. F. 2017. Desigualdades regionais do risco de mortalidade de jovens: Raça, renda e/ou escolaridade da mãe? *Dilemas-Revista de Estudos de Conflito e Controle Social*, 5(3): 369-386.
- Zhu, X., Young, J. H., Fox, E., Keating, B. J., Franceschini, N., Kang, S., Tayo, B., Adeyemo, A., Sun, Y. V., & Li, Y. 2011. Combined admixture mapping and association analysis identifies a novel blood pressure genetic locus on 5p13: contributions from the CARE consortium. *Human molecular genetics*, 20(11): 2285-2295.

REFERÊNCIAS DE WEBSITES

Classificação econômica brasileira da Associação de Empresas de Pesquisa (ABEP)

file:///C:/Users/Administrador/Downloads/07_cceb_2008_em_vigor_em_2008_base_lse_2005.pdf

E-Source Behavioral & Social Science Research

http://www.esourceresearch.org/Portals/0/Uploads/Documents/Public/Oakes_FullChapter.pdf

Fundação Nacional de Saúde (FUNASA)

<http://www.funasa.gov.br/site/>

Fundação Cultural Palmares (FCP)

<http://www.palmares.gov.br/?lang=en>

<http://www.palmares.gov.br/wp-content/uploads/2010/11/legis21.pdf>

Google

www.google.com.br/maps

<https://www.google.com/earth/>

Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE)

<http://www.ibge.gov.br/home/>

Instituto Nacional de Colonização e Reforma Agrária (INCRA)

<http://www.incra.gov.br/>

Organização Mundial de Saúde

<http://www.paho.org/bra/>

Pesquisa Nacional em Saúde (PNS)

<http://www.pns.iciet.fiocruz.br/>

Projeto sobre Etnicidade e Raça na América Latina

<https://perla.princeton.edu/>

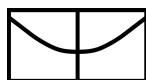
Secretaria Especial de Política de Promoção da Igualdade Racial (SEPPIR)

<http://www.seppir.gov.br/portal-antigo/comunidades-tradicionais/programa-brasil-quilombola>

World Food Summit (1996)

http://www.fao.org/wfs/index_en.htm

APÊNDICE 1



Universidade de Brasília

Quilombolas no norte do estado do Tocantins, Brasil: composição genética, História demográfica e saúde

De acordo com as lideranças comunitárias:

Comunidade: _____

Presidente: _____

Vice-presidente: _____

Duração do mandato: _____

Nº de habitantes da comunidade: _____

Nº de domicílios/casas: _____

até 100 100 a 199 200 a 299 acima de 300

Condição de ocupação das terras quilombolas:

Posse Doação Arrendada Herança Comprada Outra

Existência de serviços públicos e equipamentos sociais nas comunidades:

Agentes comunitários de saúde Transporte coletivo Sede de Associação

Escola Calçamento Esgotamento sanitário

Telefone Público Posto de Saúde Programa Saúde da Família

Luz elétrica Coleta de lixo Água encanada

Atividades econômicas desenvolvidas pelas comunidades quilombolas:

Agrícola Extrativismo Criação de animais Pesca Artesanato Outra

Apresentando agricultura, a atividade é :

Comunitária Familiar (no quintal de casa) Comercial (geração de recursos e lucros)

Há utilização algum tipo de agrotóxico?

Sim Não

Utilizam a água de algum rio, represa ou açude?

Sim Não

A que distância situa-se da comunidade e qual a situação dele (em relação à contaminação)?

Que tipo de atividades são desenvolvidas nesse rio, represa ou acúde?

Religiões praticadas nas comunidades:

Católica Protestante/Evangélica Candomblé/Umbanda

Associações, projetos, cooperativas e grupos nas comunidades:

Associação de moradores Cooperativa Grupo de mães Projetos (Quilombolas)

Associação de produtores Grupo de jovens Outros _____

Caso exista associação, quantos membros associados? _____

Há pagamento por parte dos associados? _____ Qual a periodicidade e valores? _____

A comunidade costuma se reunir?

Sim Não

Com que frequência? _____

Quais as atividades de lazer da comunidade? _____

Quais as festividades celebradas e organizadas na comunidade (nome, data, local e breve descrição):

APÊNDICE 2



Universidade de Brasília

Quilombolas no norte do Estado do Tocantins, Brasil: composição genética, história demográfica e saúde

Termo de Consentimento Livre e Esclarecido - TCLE

O (A) Senhor (a) está sendo convidado a participar do projeto: **“Quilombolas no norte do estado do Tocantins, Brasil: composição genética, história demográfica e saúde”**.

O objetivo desta pesquisa é avaliar a estrutura genética e demográfica das comunidades quilombolas de Cocalinho e arredores, Dona Juscelina e Pé do Morro, localizadas no estado do Tocantins, utilizando análises de genética de populações, contextualizando índices e condições de saúde e ressaltando aspectos históricos relacionados.

O (A) Senhor (a) receberá todos os esclarecimentos necessários antes e no decorrer da pesquisa e lhe asseguramos que seu nome não aparecerá, sendo mantido o mais rigoroso sigilo através da omissão total de quaisquer informações que permitam identificá-lo (a).

A sua participação ocorrerá por meio da aplicação de questionários e exames antropométricos e laboratoriais. Os exames serão constituídos de aferição de pressão arterial, obtenção de peso, altura, circunferência da cintura, coleta de sangue, urina e fezes. Todos os procedimentos consistem em procedimentos seguros, oferecendo mínimos riscos à saúde. O procedimento de coleta de sangue por punção venosa será realizado com material estéril descartável de boa qualidade por profissional habilitado, podendo ocasionar um pouco de dor e formação de hematoma no local. Serão fornecidos coletores universais para coleta das amostras de urina e fezes.

É possível que o senhor (a) venha a se beneficiar dos resultados deste projeto, a partir dos resultados dos exames antropométricos e laboratoriais ou que não venha a se beneficiar diretamente dos resultados, mas certamente contribuirá para maior conhecimento sobre as comunidades quilombolas do Tocantins.

Haverá participação de um médico, pesquisador colaborador, nas etapas de coleta e análise dos índices de saúde, bem como na orientação clínica e assistência quando necessário.

Informamos que o Senhor (a) poderá se recusar a responder qualquer questão (ou participar de qualquer procedimento) que lhe traga constrangimento, podendo desistir de participar da pesquisa em qualquer momento sem nenhum prejuízo para o (a) senhor(a). Sua participação é voluntária, isto é, não há pagamento por sua colaboração.

Os questionários e a coleta de amostra biológica que o (a) senhor (a) deverá se submeter serão realizados em posto disponível na comunidade e encaminhados para o Laboratório de Análises Clínicas Sabin e Laboratório de Genética Humana da Universidade de Brasília.

Os resultados da pesquisa serão divulgados na Universidade de Brasília e Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Tocantins, podendo ser publicados posteriormente. Os dados e materiais utilizados na pesquisa ficarão sobre a guarda do pesquisador.

Solicitamos também sua autorização para possível divulgação de imagem (fotos) ilustrativa para o trabalho e o armazenamento de sua amostra biológica de sangue para possíveis outros estudos futuros.

Se o (a) Senhor (a) tiver qualquer dúvida em relação à pesquisa, por favor telefone para: Dra. Silviene Fabiana de Oliveira, na Universidade de Brasília, telefone: (61) 3107-3079, em horário comercial ou Ms. Sabrina Guimarães Paiva, telefone: (63) 8114-1174 e (61) 8334-8973 em horário comercial.

Este projeto foi Aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa da Faculdade de Ciências da Saúde da Universidade de Brasília. As dúvidas com relação à assinatura do TCLE ou os direitos do sujeito da pesquisa podem ser obtidos através do telefone: (61) 3107-1947.

Este documento foi elaborado em duas vias, uma ficará com o pesquisador responsável e a outra com o sujeito da pesquisa.

Se você estiver de acordo, por favor, assine esta folha.

Nome / assinatura do voluntário

Sabrina Guimarães Paiva

Silviene Fabiana de Oliveira

_____, ____ de _____ de _____

Comitê de Ética em Pesquisa com Seres Humanos – Faculdade de Ciências da Saúde

Universidade de Brasília

Campus Universitário Darcy Ribeiro – Brasília/DF

Tel: (61) 3107-1947/ (61) 8334-8973/ (63) 8114-1174

APÊNDICE 3



Universidade de Brasília

Nº

Quilombolas no norte do Estado do Tocantins, Brasil: composição genética, história demográfica e saúde

IDENTIFICAÇÃO

DATA: _____

População:

[] Cocalinho e arredores [] Pé do Morro [] Kalunga [] Araguaína

Dados Sujeito de Pesquisa:

Nome completo: _____ Sexo: F [] M []

Nº da identidade ou outro documento com foto: _____

Apelido: _____

Data de Nascimento: ___ / ___ / ____ Local de Nascimento: _____

Endereço: _____

Cidade: _____ Estado: _____

País: _____ CEP: _____

Telefones: _____ E-mail: _____

Estado civil: [] solteiro [] casado [] separado [] viúvo [] união estável

Obs: _____

Escolaridade: Nunca estudou [] Estudou 1- 4 anos [] Estudou 5 ou mais []

Obs: _____

Ocupação/Profissão: _____ Renda familiar *per capita*: _____

Dados do Cônjuge:

Nome completo: _____

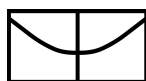
Data de nascimento: ___ / ___ / ____ Local de nascimento: _____

Parentesco: [] Sim [] Não Obs: _____

Início do relacionamento: ___ / ___ / ____ Término: ___ / ___ / ____

Local do início do relacionamento: _____

Residência atual: _____



Quilombolas no norte do Estado do Tocantins, Brasil: composição genética, história demográfica e saúde

ANTROPOMETRIA E PA

Dados antropométricos:

Peso (kg): _____ Altura (m): _____

Pulso: _____ IMC (kg/m²): _____ CC (cm): _____ Pressão arterial (sistólica/diastólica):

(1°): _____ Pressão arterial (2°): _____ Pressão arterial (3°): _____

Pressão arterial média (sistólica/diastólica): _____

COLETA DE AMOSTRAS BIOLÓGICAS

SIM

NÃO

		SIM	NÃO
HEM, FALCIZAÇÃO DE HEMÁCIAS e ABORH	1 tubo EDTA		
ELETROFORESE DE HEMOGLOBINA	1 tubo EDTA		
PERFIL LIPÍDICO, TGO, TGP e CREATININA	1 tubo GEL		
GLICOSE	1 tubo FLUORETO		
EAS	1 frasco		
EPF1	1 frasco MIF		
DNA	2 tubos EDTA		

✓ Realiza algum tratamento? [] Sim [] Não

Qual? _____

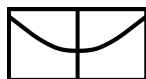
✓ Medicamentos em uso? _____

✓ Faz controle de colesterol e triglicerídeos. [] Sim [] Não

✓ Quantas horas de jejum? _____

✓ Qual o horário da coleta da urina? _____

✓ Qual o horário da coleta de fezes? _____



**Quilombolas no norte do Estado do Tocantins, Brasil: composição genética,
história demográfica e saúde**

QUESTIONÁRIO: (GENEALOGIA E SAÚDE)

DATA: _____

Dados fenotípicos:

Classificação fenotípica (dada pelo pesquisador):

Branco Negro Ameríndio Asiático Misto: (Branco+Negro) (Branco+Ameríndio)
(Negro+Ameríndio)

Autoclassificação fenotípica (dada pelo sujeito de pesquisa):

Branco Negro Ameríndio Asiático Misto: (Branco+Negro) (Branco+Ameríndio)
(Negro+Ameríndio)

Ascendência Materna: _____

Ascendência Paterna: _____

Dados do pai:

Nome do Pai: _____

Local de Nascimento: _____ Data de nascimento: _____

Avó paterna: _____

Local de Nascimento: _____ Data de nascimento: _____

Avô paterno: _____

Local de Nascimento: _____ Data de nascimento: _____

Bisavó paterno: _____

Local de Nascimento: _____ Data de nascimento: _____

Bisavô paterno: _____

Local de Nascimento: _____ Data de nascimento: _____

Dados da mãe:

Nome da Mãe: _____

Local de Nascimento: _____ Data de nascimento: _____

Avó materna: _____

Local de Nascimento: _____ Data de nascimento: _____

Avô materno: _____

Local de Nascimento: _____ Data de nascimento: _____

Bisavó materno: _____

Local de Nascimento: _____ Data de nascimento: _____

Bisavô materno: _____

Local de Nascimento: _____ Data de nascimento: _____

Sexo do chefe de família: M F **Quantos membros tem sua família:** _____

Dados de Migração:

Tempo da Família na comunidade: _____

Motivo da mudança: _____

Dados Familiares:

Irmãos: Homens nº _____ Mulheres nº _____

Alguns deles são gêmeos?

Univitelinos: Homens Mulheres

Observações (ex: adotados):

Bivitelinos: Homens Mulheres Observações: _____

Parentes na comunidade e área urbana: Sim Não

Cocalinho e arredores Pé do Morro Dona Juscelina Araguaína

Alguma doença infectocontagiosa (incluindo histórico) na família?

Malária Hepatite viral Hanseníase Tuberculose Leishmaniose Dengue Aids [

] Outra: _____

Parentesco e idade dos afetados: _____

Observações: _____

Em tratamento? Sim Não

Alguma doença crônica na família?

Hipertensão Obesidade Diabetes Dislipidemia Coronariopatia Câncer Cálculo renal Doença renal Doença Pulmonar Depressão

Outra: _____

Em tratamento? [] Sim [] Não

Parentesco e idade dos afetados: _____

Observações: _____

Existe doença genética na família? (ex. anemia falciforme, esquizofrenia, síndromes etc.)

[] Não [] Sim Qual? _____

Parentesco dos afetados: _____

Observações: _____

Existem casos de retardo mental na família?

[] Não [] Sim

Parentesco dos afetados: _____

Observações: _____

Seu cônjuge tem alguma doença diagnosticada?

[] Não [] Sim Qual (is)? _____

Sua ocupação/profissão envolve esforço físico? [] Não [] Sim

Qual o grau de atividade física (GAF) que você exerce durante suas atividades diárias?(Kimura, 2010)

[] GAF 1: Permanece sentado durante o dia, sem muitas atividades devido alguma limitação do trabalho, física ou idade avançada.

[] GAF 2: Não trabalha fazendo esforço físico, mas faz serviços domésticos o dia todo, ficando a maior parte do tempo em pé.

[] GAF 3: Trabalha meio período fazendo esforço físico, mas realiza serviços domésticos o resto do dia.

[] GAF 4: Trabalha fazendo muito esforço físico em período integral e carregando peso.

Tabagismo:

[] Não [] Sim (Quantos cigarros por dia? _____ Há quanto tempo fuma? _____)

[] Parou de fumar, há quanto tempo? _____

Consumo de bebida alcoólica:

[] Frequentemente (mais de duas vezes por semana, há quanto tempo? _____)

[] Até duas vezes por semana

[] Menos de duas vezes por semana

[] Nunca

Tipos: [] pinga [] cerveja [] vinho [] outra: _____

Quantidade (dose/dia ou quantidade/semana): _____

Uso de medicamentos, exposição a produtos químicos ou venenos:

Uso de algum medicamento: Não Sim

Qual (is)? _____

Indicações: _____

Uso de drogas injetáveis:

Não Sim Qual (is)? _____

Exposição a algum veneno (serpente, escorpião, outros):

Não Sim Qual (is)? _____

Nas atividades do trabalho ou estudo, há exposição a produtos tóxicos:

Não Sim Qual (is)? _____

Uso de alguma planta medicinal:

Não Sim Qual (is)? _____

Indicações: _____

Alimentação:

Número de refeições diárias: _____

Consumo de verduras, frutas e legumes com frequência:

todos os dias duas vezes por semana raramente (nem toda semana) nunca

Tipos: _____

Onde são adquiridos esses vegetais? cultivo próprio (horta no quintal) horta de terceiros feiras

supermercados

Há utilização de algum tipo de agrotóxico?

Sim Não

Consumo de carnes e/ou alimentos ricos em proteínas e gorduras: carne vermelha (bovinos, suínos)

carne branca (aves) carne branca (peixes) derivados do leite não consumo

outros: _____

Consumo de carnes e/ou alimentos ricos em proteínas e gorduras:

todos os dias duas ou três vezes por semana raramente (nem toda semana) nunca

Onde são adquiridos esses alimentos? criação própria criação de terceiros feiras

supermercados

Consumo de sal:

Muito Moderado Pouco Nenhum

Quantidade/refeição (ex. 1 pitada, 1 colher de chá, 1 colher de sopa etc): _____

Consumo de açúcar:

Muito Moderado Pouco Nenhum

Quantidade/refeição (ex. 1 pitada, 1 colher de chá, 1 colher de sopa etc): _____

Condições sanitárias/saneamento ambiental:

Local de residência: Rural Urbana

Tipo do material da residência: Alvenaria Madeira Barro Outro

Número de cômodos:

Rede de esgoto (ex: pública, fossas sépticas): Sim Não Outro: _____

Coleta de lixo: Sim Não

Água tratada: Sim Não

Qual fonte (rede geral de abastecimento, rio, represa, poço, nascente, tanque açude)? _____

Qual o tratamento da água de beber?

Filtrada Clorada/Hipoclorito Fervida Envasada (água mineral) Não aplicado

Animais domésticos: Sim Não

cachorro gato outros _____

Utilização de serviços médicos-odontológicos:

Serviço Único de Saúde (postos, UBS, hospitais) do município

Serviço Único de Saúde de outros municípios Qual(is)? _____

Serviço Particular no município

Serviço Particular em outro município Qual (is)? _____

Não utiliza nenhum serviço

Outros _____

Saúde oral:

Já foi ao dentista? Sim Não Local de tratamento: _____ Cáries: Sim Não

Infecções: Sim Não Já perdeu dentes? Sim Quantos? _____ Não

Escova os dentes? Sim Não Com que frequência? _____

Usa fio dental? Sim Não Com que frequência? _____

Nos últimos 12 meses, com que frequência o seu domicílio recebeu uma visita de algum Agente Comunitário, algum membro da Equipe de Saúde da Família ou agente de endemias (como a dengue, por exemplo)?

- Mensalmente
 A cada 2 meses
 De 2 a 4 vezes
 Uma vez
 Nunca recebeu

Recorre a pais e mães-de-santo ou benzedeiros?

Sim Não Se sim, qual finalidade? _____

Triagem neonatal (foi submetido ao teste do pezinho):

Sim Não Obs: _____

Imunização:

Apresenta caderneta de vacinação? Sim Não

Atualizada? Sim Não

Observações: _____

Em comparação a pessoas da sua faixa etária, como considera seu estado de saúde geral?

- Excelente Bom Ruim
 Muito bom Regular Péssimo

Comportamento sexual:

Heterossexual Homossexual Bissexual

Parceiro fixo (+ de 6 meses)? Sim Não

Número de parceiros no último ano: _____

Idade da primeira relação sexual: _____

Uso de métodos contraceptivos (ex: camisinha, pílula etc):

Nunca Às vezes Sempre

Fertilidade: (somente para mulheres)

Número de Filhos: Total _____ Homens Mulheres

Gêmeos: Não Sim Quantos: _____

Aborto: [] Não [] Sim Quantos: _____

Morto após o nascimento: [] Não [] Sim Quantos: _____

Ordem de gestações	1^a	2^a	3^a	4^a	5^a	6^a	7^a	8^a
Tipo de parto	NV NM AB	NV NM AB	NV NM AB	NV NM AB	NV NM AB	NV NM AB	NV NM AB	NV NM AB
Se NV, ainda vive?	Sim Não	Sim Não	Sim Não	Sim Não	Sim Não	Sim Não	Sim Não	Sim Não
Tipo de aborto	() Nat () Ind	() Nat () Ind	() Nat () Ind	() Nat () Ind	() Nat () Ind	() Nat () Ind	() Nat () Ind	() Nat () Ind
Se não, data de falecimento								
Nº de semanas de gestação								
Peso/Altura do filho no nascimento	/	/	/	/	/	/	/	/
Aumento de peso da mãe (Kg)								
Data do parto/aborto								
Lugar do parto/aborto								
Médico?	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim
Outro: _____	Não	Não	Não	Não	Não	Não	Não	Não
Tipo de parto	N C	N C	N C	N C	N C	N C	N C	N C
Sexo	F M	F M	F M	F M	F M	F M	F M	F M
Gestação gemelar	Sim Não	Sim Não	Sim Não	Sim Não	Sim Não	Sim Não	Sim Não	Sim Não
Semanas de amamentação								
Hábitos da gestante	F A T	F A T	F A T	F A T	F A T	F A T	F A T	F A T

	D	D	D	D	D	D	D	D
--	---	---	---	---	---	---	---	---

Observações:

Tipo de parto: NV – nascido vivo; NM – nascido morto; AB – aborto

Tipo de aborto: Nat – natural; Ind – induzido

Gestação gemelar: se sim, indicar o número de fetos

Hábitos da gestante: F – fumou; A – ingeriu bebida alcoólica; T – trabalhou; D – esteve doente

Qual doença? _____

Tipo de parto: N – natural; C- cesárea

Idade da menarca: _____ Data da menarca: ____/____/____

Tipo de menstruação: () Regular () Irregular

Quando a menstruação começou a ficar irregular (ou o ciclo menstrual parou por um ano e depois retornou)? _____

Idade da menopausa: _____ Data da menopausa: ____/____/____

Uso de contraceptivos:

Antes da gravidez: () Não () Sim Qual? Quanto tempo? _____

Atualmente: () Não () Sim Qual? Quanto tempo? _____

Já sofreu cirurgia? () Não () Sim Que tipo? _____

Histerectomia? () Não () Sim

Quando? ____/____/____

Já recebeu transfusão de sangue? () Não () Sim

Quando? ____/____/____

É gêmea? () Não () Sim

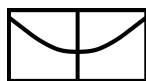
Quantos _____ Sexo dos irmãos _____

No futuro, caso seja necessário, a equipe do Laboratório de Genética da Universidade de Brasília e Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Tocantins poderão entrar em contato com o sujeito de pesquisa para uma segunda coleta de material? (O contato será realizado através dos dados deixados em nossos formulários)

- Sim Não

Nomes de outros membros de sua família que estão participando de estudos no Laboratório de Genética da Universidade de Brasília e Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Tocantins:

APÊNDICE 4



Universidade de Brasília

TERMO DE CONSENTIMENTO LIVRE E ESCLARECIDO PARA O ARMAZENAMENTO DE AMOSTRAS BIOLÓGICAS

BIORREPOSITÓRIO DE DADOS E AMOSTRAS BIOLÓGICAS DESTINADO AO ESTUDO DE MARCADORES GENÉTICOS RELACIONADOS ÀS POPULAÇÕES REMANESCENTES DE QUILOMBOS E POPULAÇÕES URBANAS

Prezado Sr.(a),

Você é convidado a participar de uma pesquisa projetada para criar um biorrepositório de dados e amostras biológicas (DNA genômico) contendo informações genéticas. O propósito desse banco será reunir informações e amostras para possíveis investigações futuras de outros marcadores e polimorfismos que possam ser de interesse para maior compreensão das comunidades quilombolas.

O QUE É UM BIORREPOSITÓRIO DE DADOS E DE AMOSTRAS BIOLÓGICAS?

É uma coleção de material biológico humano, coletado e armazenado ao longo da execução de um projeto de pesquisa específico, conforme regulamento ou normas técnicas, éticas e operacionais pré-definidas, sob responsabilidade institucional e sob gerenciamento do pesquisador, sem fins comerciais. O biorrepositório apresenta freezer onde o DNA extraído das amostras biológicas coletadas durante o estudo é guardado. As amostras e as informações delas originadas são codificadas apresentando um número único que não permite a identificação do participante.

POR QUE TER UM BIORREPOSITÓRIO DE DADOS E AMOSTRAS BIOLÓGICAS?

O armazenamento destas amostras permitirá o desenvolvimento de técnicas e novas análises, além de reduzir o árduo trabalho na obtenção de amostras de outros indivíduos, levando então à redução de custos envolvidos na coleta do sangue.

COMO MINHA PRIVACIDADE SERÁ PROTEGIDA?

Todas as informações e amostras serão codificadas de modo que sua identidade seja preservada. A ligação entre amostra e identificação permanecerá disponível apenas aos pesquisadores responsáveis pelo Biorrepositório de Dados e Amostras Biológicas.

COMO OS PESQUISADORES PODERÃO USAR AS AMOSTRAS DO BIORREPOSITÓRIO?

Se um pesquisador desejar fazer qualquer exame nas amostras do biorrepositório, ele ou ela deve escrever a proposta no papel e esta proposta deverá ser aprovada por um comitê para garantir que esta é relevante. Se esta proposta for aprovada, as amostras

e as informações codificadas pelo número do estudo serão fornecidas a este pesquisador.

EU PODERIA DE ALGUM MODO SER CONTACTADO (A) NO FUTURO SOBRE PESQUISAS USANDO AS MINHAS AMOSTRAS ARMAZENADAS?

Todos os estudos a serem feitos no futuro com suas amostras armazenadas serão feitas com uma razão particular que você já concordou. Todo estudo que planejar usar amostras do biorrepositório tem de ser revisado por um comitê especial. Se for aprovado, os pesquisadores poderão ir em frente com o novo estudo sem que ninguém contate você no futuro para pegar sua permissão novamente.

QUAIS AS VANTAGENS QUE EU TENHO PARTICIPANDO DO BIORREPOSITÓRIO?

É possível que você não venha a se beneficiar diretamente dos resultados deste biorrepositório, mas certamente sua participação contribuirá para o maior entendimento dessas populações em geral.

A sua participação é voluntária. Você pode escolher não participar, não havendo qualquer problema.

Se você quiser participar, deverá autorizar a coleta de dois tubos de sangue (5 mL em cada), sendo essa coleta realizada por pessoal treinado utilizando material descartável de boa qualidade.

SE EU TIVER MAIS DÚVIDAS?

Qualquer dúvida sobre sua participação no estudo, por favor, entre em contato pelo telefone (61) 3107-3079 com os responsáveis Silviene Fabiana de Oliveira e Sabrina Guimarães Paiva. Qualquer dúvida ou questão sobre dar o consentimento ou sobre os seus direitos como voluntário de pesquisa entre em contato com o **Comitê de Ética em Pesquisa com Seres Humanos da Faculdade de Ciências da Saúde da Universidade de Brasília** pelo telefone (61) 3107-1947/ (61) 8334-8973/ (63) 8114-1174

Eu li as informações presentes neste termo de consentimento e concordo com a participação no estudo permitindo o armazenamento de dados e amostras biológicas coletados.

De acordo: _____

(Assinatura)

Nome:

Data: ___/___/___

Comitê de Ética em Pesquisa com Seres Humanos – Faculdade de Ciências da Saúde

Universidade de Brasília

Campus Universitário Darcy Ribeiro – Brasília/DF

Tel: (61) 3107-1947

APÊNDICE 5



Universidade de Brasília

Regulamentação para rotina operacional

BIORREPOSITÓRIO DE DADOS E AMOSTRAS BIOLÓGICAS DESTINADO AO ESTUDO DE MARCADORES GENÉTICOS RELACIONADOS ÀS POPULAÇÕES REMANESCENTES DE QUILOMBOS E POPULAÇÕES URBANAS

Instituição depositária: Universidade de Brasília

Pesquisadora responsável: Prof^a Dra. Silviene Fabiana de Oliveira

Endereço: Via L4 Norte campus Darcy Ribeiro Asa Norte – Instituto de Biologia – Universidade de Brasília Brasília/DF

Coordenador responsável pela guarda do material e uso das informações:
Prof^a Dra. Silviene Fabiana de Oliveira

1 Da finalidade dos estudos vinculados ao Biorrepositório

O Biorrepositório de amostras biológicas visa a ampliação dos conhecimentos referentes a composição genética e reconstrução histórica das comunidades remanescentes de quilombos no Brasil.

2 Das vantagens

O biorrepositório de amostras permite:

- a) ter material armazenado em condições ideais e de fácil acesso para estudos adicionais pertinentes às doenças de caráter multifatorial;
- b) reduzir árduo trabalho da equipe envolvida na realização dos exames;
- c) reduzir custos envolvidos na coleta;
- d) reduzir o número de coletas e procedimentos em indivíduos que concordem em participar do estudo.

3 Da metodologia

3.1 Coleta

Amostras a serem coletadas seguirão o esquema de dois tubos de 5 mL de sangue em EDTA. Todas serão obtidas por punção venosa de cada participante do estudo após esclarecimento dos objetivos do biorrepositório e projeto de pesquisa relacionado, assinatura dos termos de consentimento livre e esclarecido e preenchimento de questionário pré-elaborado.

3.2 Do sigilo

As amostras coletadas e o DNA extraído serão codificados, utilizando-se números e letras, havendo uma única identificação para cada indivíduo, o que impede a troca das amostras. As identificações numéricas e em letras correspondem a códigos que protegem informações dos indivíduos.

A identidade é considerada estritamente confidencial e privada. Não será revelada em qualquer publicação geral ou científica dos dados. Arquivos e amostras que contêm estas informações serão armazenados de forma segura. Os indivíduos que terão acesso aos códigos serão o coordenador principal e demais pesquisadores responsáveis.

3.3 Do armazenamento

Em relação ao armazenamento dos materiais biológicos, estes serão mantidos ordenadamente em freezer a -20° C com controle de temperatura e alarme de segurança que monitora as oscilações de temperaturas divergentes desse valor, o que garante a conservação, estabilidade e localização das amostras para os testes a serem realizados nas pesquisas.

Regulamento elaborado seguindo os critérios de sigilo e confidencialidade estabelecidos pela Resolução nº 340, de 08 de julho de 2004 e pela Resolução nº 441, de 12 de maio de 2011.

Professora Dra. Silviene Fabiana de Oliveira

APÊNDICE 6 TABELAS SUPLEMENTARES

Tabela S.1 Contribuição genética média em diferentes categorias de autoclassificação fenotípica na comunidade de Cocalinho.

N= número de indivíduos

% contribuição genética média ± desvio-padrão	Autoclassificação fenotípica*					GL	Valor p
	Branco N=6	Negro N=31	Amerindio N=12	Misto N=14	x2		
Africano	29,23±16,89	42,56±17,27	44,60±2,40	27,15±12,63	9,7224	3	0,0211
Amerindio	17,68±10,04	21,88±11,91	23,05±0,63	20,05±9,26	0,8040	3	0,8485
Europeu	53,06±17,36	35,55±16,79	32,35±3,04	52,80±15,81	12,4571	3	0,0060
Correção de Bonferroni							0,0083

*Testes de Kruskal-Wallis para comparação entre as categorias fenotípicas.

Tabela S.2 Contribuição genética média em diferentes categorias de autoclassificação fenotípica na comunidade de Pé do Morro.

N= número de indivíduos

% contribuição genética média ± desvio-padrão	Autoclassificação fenotípica*					GL	Valor p
	Branco N=6	Negro N=19	Amerindio --	Misto N=33	x2		
Africano	17,95±13,81	31,82±12,93	--	30,83±17,11	4,7198	2	0,0944
Amerindio	15,88±11,49	19,02±8,83	--	18,65±11,87	1,1100	2	0,5741
Europeu	66,16±15,76	49,16±13,05	--	50,52±20,89	4,6901	2	0,0958
Correção de Bonferroni							0,0167

*Testes de Kruskal-Wallis para comparação entre as categorias fenotípicas.

Tabela S.3 A Contribuição genética média em diferentes categorias de autoclassificação fenotípica na comunidade de Kalunga

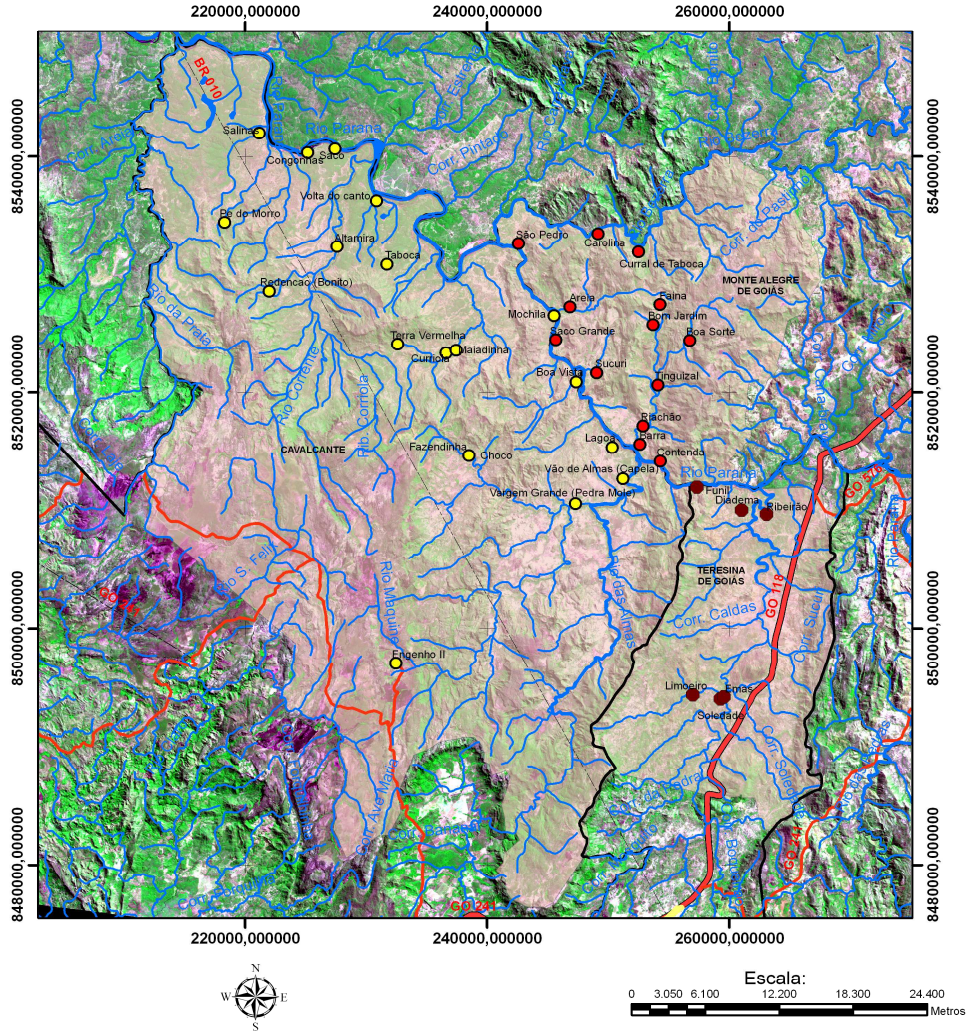
N= número de indivíduos

% media contribuição genética±desvio padrao	Autoclassificação fenotípica*				x2	GL	Valor p
	Branco N=2	Negro N=72	Ameríndio N=1	Misto N=55			
Africano	36,90±14,99	67,10±12,37	70,50	58,58±18,39	9,9056	3	0,0194
Ameríndio	16,35±3,60	10,40±6,07	16,40	9,72±4,55	5,2598	3	0,1537
Europeu	46,75±11,38	22,49±10,95	13,00	31,69±16,58	14,4481	3	0,0024
Correção de Bonferroni							0,0083

*Testes de Kruskal-Wallis para comparação entre as categorias fenotípicas.

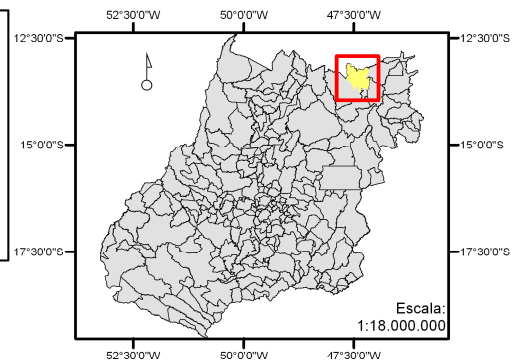
ANEXO 1

Sítio Histórico Kalunga: Comunidades por Município



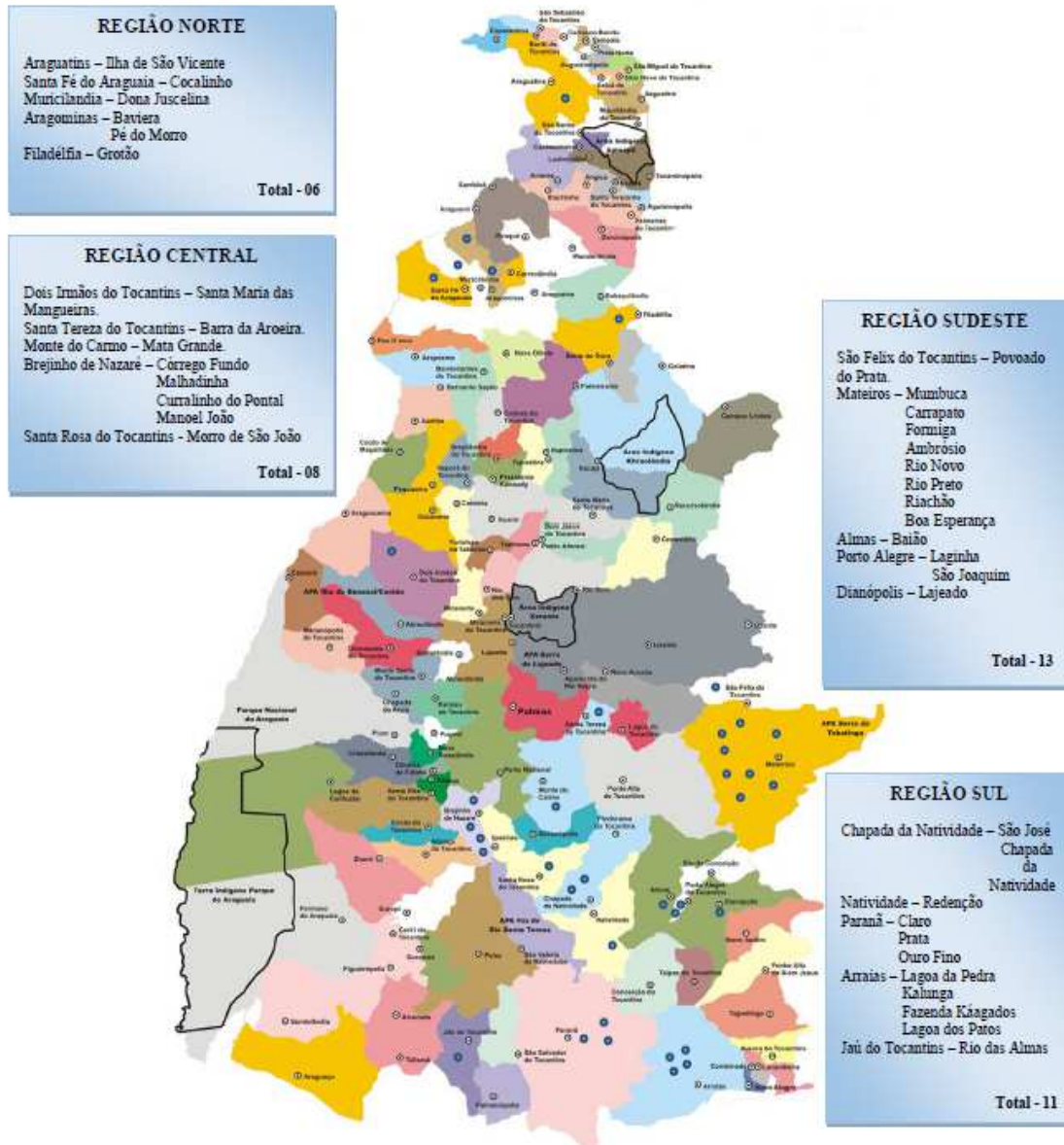
Fonte: Trabalho de Campo e SIG-Goiás - Superintendência de Geologia e Mineração - SIC
Imagem: Landsat TM 5, 6/2007
Bandas: 2B, 3R e 4G

Projeção: UTM
Datum: SAD-69
Data de Confeção: 08/2009
Autor: Vinicius G. de Aguiar
CREA: 15.936/D-GO



Visão geral do território tradicional da Comunidade Quilombola de Kalunga (Fonte: <https://www.odonto.ufg.br/n/45140-trabalhos-academicos-sobre-a-comunidade-kalunga>)

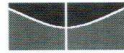
ANEXO 2



Mapa elaborado de acordo com as publicações do Diário Oficial da União. Arquivo Pessoal – Luciano Pereira.

Fonte: <https://central3.to.gov.br/arquivo/276807/>

ANEXO 3



Universidade de Brasília
Faculdade de Ciências da Saúde
Comitê de Ética em Pesquisa – CEP/FS

PROCESSO DE ANÁLISE DE PROJETO DE PESQUISA

Registro do Projeto no CEP: **214/13**

Título do Projeto: “Quilombolas no norte do estado do Tocantins, Brasil: composição genética, história demográfica e saúde”

Pesquisador Responsável: Silviene Fabiana de Oliveira

Data de Entrada: 01/08/2013

Com base na Resolução 466/12, do CNS/MS, que regulamenta a ética em pesquisa com seres humanos, o Comitê de Ética em Pesquisa com Seres Humanos da Faculdade de Ciências da Saúde da Universidade de Brasília, após análise dos aspectos éticos e do contexto técnico-científico, resolveu **APROVAR** o projeto **214/13** com o título: “Quilombolas no norte do estado do Tocantins, Brasil: composição genética, história demográfica e saúde”, analisado na 10ª Reunião Ordinária, realizada no dia 10 de Setembro de 2013.

O (a) pesquisador (a) responsável fica, desde já, notificado(a) da obrigatoriedade da apresentação de um relatório semestral e relatório final sucinto e objetivo sobre o desenvolvimento do Projeto, no prazo de 1 (um) ano a contar da presente.

Brasília, 16 de Setembro de 2013.

Prof. Natan Monsores
Coordenador do CEP-FS/UnB

Comitê de Ética em
Pesquisa em Seres Humanos
CEP-FS-UNB

ANEXO 4



Fonte: arquivo pessoal

ANEXO 5

Extração de DNA adaptado do método Puregene

Solução de Lise RBC	5 mM MgCl ₂ 1 mM EDTA pH 8,0
Solução de Lise Celular	10 mM Tris pH 7,5 1 mM EDTA pH 8,0 1% SDS
Solução de Precipitação de Proteína	7,5 M NH ₄ Ac 57,81g de acetato de amônia Completar para 100mL de H ₂ O destilada
Outros Agentes Utilizados	Isopropanol 100% Etanol 70% Tampão TE 1X
RBC	0,5 ml MgCl ₂ 1 M 0,2 ml EDTA 0,5 M Completar para 100mL de H ₂ O destilada
CLS	1 ml Tris 1 M 0,2 ml EDTA 0,5 M 10 ml SDS 10% Completar para 100mL de H ₂ O destilada

Etapa 1 – Lise Celular

- Adicionar 3 ml de sangue total a um tubo *falcon* de 15 ml contendo 9 ml da solução de lise RBC. Inverter o tubo e incubar a temperatura ambiente por 10 minutos. Inverter pelo menos uma vez mais durante a incubação;
- Centrifugar por 10 minutos a 3400 rpm (2000g). Remover o sobrenadante deixando um pellet visível de células brancas e 100-200 µl de líquido residual;
- Vortexar o tubo vigorosamente para ressuspender as células brancas no supernadante residual, o que facilita em muito a lise na etapa seguinte;
- Adicionar 3 ml da solução de lise celular ao tubo contendo as células ressuspendidas e misturar com pipeta de transferência diversas vezes até a solução ficar homogênea. Após misturar, nenhum resíduo celular (ou aglomerado de células) deve ser visível. Se houverem resíduos, incubar a 37°C até a solução ficar homogênea. A amostra é estável se armazenada nessa solução a temperatura ambiente por 18 meses.

Etapa 2 – Precipitação da Proteína

- a) Resfriar a amostra até a temperatura ambiente;
- b) Adicionar 1 ml da solução de precipitação de proteína ao lisado celular;
- c) Vortexar vigorosamente por 20 segundos para misturar a solução uniformemente com o lisado celular;
- d) Centrifugar a 3400 rpm por 10 minutos. As proteínas precipitadas formarão um pellet marrom escuro e compacto;

Etapa 3 – Precipitação do DNA

- a) Transferir o sobrenadante contendo o DNA para um tubo *falcon* de 15 ml contendo 3 ml de isopropanol 100%;
- b) Inverter o tubo lentamente cerca de 50 vezes até que apareçam os “novelos” de DNA;
- c) Centrifugar a 3400 rpm por 3 minutos, o DNA será visível como um pellet branco pequeno;
- d) Retirar o sobrenadante e drenar o tubo em papel absorvente. Adicionar 3 ml de etanol 70%. Inverter o tubo várias vezes para lavar o pellet de DNA;
- e) Centrifugar a 3400 rpm por 1 minuto. Retirar o sobrenadante cuidadosamente. O pellet poderá estar solto, por isso é preciso inverter o tubo lenta e cuidadosamente para não perdê-lo;
- f) Drenar o tubo em papel absorvente e deixar a amostra “secar” a temperatura ambiente por 15 minutos;

Etapa 4 – Hidratação do DNA

a) Adicionar 200-250µl de tampão TE 1X (ou água) que resulta em uma concentração aproximada de 400 µg/µl. Deixar o DNA hidratar neste tampão a temperatura ambiente por 12-24 horas ou alternativamente, incubar o DNA a 65° C por 1 hora;

- b) Armazenar o DNA a 2-8° C;
-

ANEXO 6 Frequência alélica (deleção) dos marcadores INDEL utilizados nas populações parentais do estudo. (Fonte: Ramos et al., 2016)

Marcador INDEL	Frequência (deleção)		
	Europeu (n=290)	Africano (n=201)	Amerindio(n=246)
rs1611095	0,793	0,305	0,272
rs1611106	0,837	0,384	0,701
rs151001596	0,476	0,146	0,236
rs2067141	0,716	0,195	0,561
rs2067186	0,456	0,296	0,262
rs2067259	0,240	0,515	0,000
rs34444988	0,333	0,893	0,203
rs2067270	0,253	0,148	0,833
rs2067353	0,866	0,103	0,305
rs16416	0,612	0,205	0,587
rs2307553	0,704	0,123	1,000
rs2307554	0,871	0,412	0,853
rs71798723	0,137	0,178	0,715
rs2307587	0,987	0,659	0,807
rs148591331	0,529	0,075	0,014
rs2307659	0,178	0,798	0,352
rs144826367	0,638	0,140	0,002
rs16432	0,203	0,226	0,941
rs139049210	0,585	0,093	0,404
rs2307799	0,398	0,071	0,921
rs2307828	0,219	0,932	0,659
rs67323572	0,391	0,482	0,175
rs4183	0,307	0,735	0,417
rs2307912	0,871	0,347	0,688
rs2307922	0,659	0,216	0,639
rs2307976	0,727	0,325	0,443
rs2307981	0,231	0,631	0,024
rs2067271	0,421	0,280	0,783
rs2308115	0,224	0,520	0,526
rs371068283	0,302	0,180	0,913
rs16635	0,560	0,533	0,041
rs2308203	0,745	0,180	0,816
rs2308205	0,194	0,022	0,900
rs2308261	0,395	0,346	0,689
rs16653	0,867	0,708	0,337
rs5888209	0,509	0,040	0,120
rs16710	0,672	0,158	1,000
rs16712	0,690	0,635	0,429
rs25546	0,276	0,885	0,571
rs25549	0,476	0,937	0,445
rs25574	0,048	0,080	0,455
rs140762	0,402	0,958	0,002
rs36032195	0,310	0,000	0,855

rs140770	0,322	0,127	0,002
rs140783	0,774	0,265	0,629
rs16343	0,587	0,078	0,730
rs140847	0,178	0,230	0,514
rs140857	0,452	0,103	0,065
rs140864	0,000	0,105	0,707
rs367799178	0,700	0,645	0,400
rs1160871	0,230	0,618	0,827
rs1160876	0,679	0,280	0,857
rs1160894	0,613	0,596	0,878
rs1610864	0,791	0,747	0,301
rs1610875	0,869	0,255	0,939
rs1610902	0,236	0,744	0,012
rs1610941	0,841	0,429	0,274
rs200733346	0,000	0,008	0,132
rs16383	0,807	0,168	0,010
rs67564083	0,310	0,113	0,722
rs16388	0,472	0,798	0,990

ANEXO 7 Pannel dos 62 marcadores informativos de ancestralidade (AIM) de inserção-deleção (INDEL), validados para a população brasileira por Santos e colaboradores (2010), incluindo a localização de cada marcador no genoma reportando os alelos, o tamanho esperado de cada *amplicon* e a fluorescência escolhida para compor o conjunto *multiplex*. **Fonte:** D'Elia, 2015.

Num. rs	Marcador	Cromos.	Posição	Alelo1/Alelo2	Amplicon	Primer	DYE
rs2307922	MID1726	1	38178337	[-/caagaactataat]	243-256	F- 5' GTCCAAATGCACCACAATCTT 3' R- 5' TTT GTA CTA CGG CAC ATT AAG AGG 3'	PET
rs2308261	MID2070	1	59104261	[-/ttaca]	305-312	F- 5' TGT TGG GAT TTG AAC TCT TGATTA G 3' R- 5'CAT ATC TCC ATT CTC CCA TAT CAT C 3'	NED
rs2307582	MID1386	1	221067572	[-/aaactattcattttcacct]	327-348	F- 5' ACA AAG AGA ACA GCC TCC AGA C 3' R- 5' TAA TCA ATC CCC AGA CAA CTC C 3'	VIC
rs25574	MID350	2	205324392	[-/tta]	102-105	F- 5' CTT GGA GAT GTA CCA GGA AAA TG 3' R- 5' AAG TGG GTG TTT CCA ATC ATT C 3'	PET
rs2308203	MID2011	2	103711267	[-/ctaga]	192-197	F- 5' TGAGTAGGCCAATAAGAACATCC 3' R- 5' TTA CTT ACG CTT CGG GTT CAT T 3'	PET
rs16653	MID216	2	185153341	[-/tatt]	226-231	F- 5' CTG TAT TTG GTC ATT CAA GCT GTT 3' R- 5' CTG TCC ACT TGG GTC TCA AAA T 3'	NED
rs2308205	MID2013	2	192427899	[-/tgaagattagtttattcatcacaatg accttagactac]	280-326	F- 5'CAG CAG ATT CAA GAA TGT CAC C 3' R- 5'ATT CCA TGC ATG TGT AAG CAG A 3'	PET
rs2307828	MID1632	2	74780497	[-/gtggata]	328-336	F- 5'CCAAAGTGGAGAGAAACAGAGG3' R- 5'GCAACCCTCACTCTAGATCACC3'	6-FAM
rs2307981	M1D1785	3	12001549	[-/ttg]	95-98	F- 5' CGGGTGTGCATTCTACATTCT 3' R- 5' GGA GGA TGA ATA TGG TGG TCT C 3'	NED
rs2307644	MID1448	3	189561118	[-/atac]	162-165	F- 5' GAT CTC CTC TGA TCC TGA TTT TG 3' R- 5' CAT GGA TAA CTC TGT GGA TGG A 3'	6-FAM
rs4183	MID17	3	3131718	[-/taac]	197-201	F- 5'ACT GCA ACC CTC CAA GTA ATG T 3' R- 5' GAT CCC AGA CAC TGA AGA TGA A 3'	NED
rs1611095	MID1013	5	122973840	[-/ccag]	99-103	F- 5'CCTAATGCCTTTTTCTGTTCCA3' R- 5'TGTTTAGCTTCTGGACTGGTT3'	PET
rs1611070	MID988	5	109678924	[-/cttt]	149-153	F- 5' CAC AAT AGC CAT GTT TGC ATC T 3' R- 5' CCT TTC TCC TGA TTC ACC AAA T 3'	PET
rs1610875	MID789	5	9286377	[-/agag]	161-165	F- 5' CAGAGTAGAAATTGGCTTCTCA 3' R- 5' GAT GCT ATC AGT CTT GCT AAT GGA 3'	NED
rs2307799	MID1603	5	66724153	[-/ttgt]	234-238	F- 5' AAA AGA CTG GAG GTT CCT TTT GA 3' R- 5' GTG CAA ATA AAA CGC AAC AGA A 3'	VIC
rs2067128	MID1039	5	33862409	[-/atggttcattgtgctgtgcctg tgaccttgaagggtgg]	211-251	F- 5' GCG TTT CAT CTC TTT GGG TTA G 3' R- 5' CTG TTC TTA GCA GTG GGC TTT C 3'	VIC

Continuação

Num. rs	Marcador	Crom.	Posição	Alelo1/Alelo2	Amplicon	Primer	DYE
rs1610941	MID856	5	62283289	[-/gaatcttctaatacacaacgaagaaga]	256-282	F- 5' TTA ATT CTT GAG GGC AGA GGA G 3' R- 5' TAT TGT GCT CAT TTT CTG GGT C 3'	6-FAM
rs140762	MID473	6	11581161	[-/aaatgtaa]	83-91	F-5' GCA ACA ACC AAG ACA AGG ATT 3' R-5' AAA ATG TTA AGC CTC CCC TGT 3'	6-FAM
rs1160850	MID591	6	22854507	[-/ttaa]	114-118	F- 5'ATT GCC ATC ACT GTA ATC TTG GT 3' R- 5'AAT TAG AGT AGA AAA GCA GCT TCC A 3'	6-FAM
rs140847	MID558	9	12549927	[-/cgtt]	311-315	F- 5'TAAGTGAGATAATAAATGCGCTTGG3' R- 5'GTGGATACCTGTGGAGAGAAGAAA3'	6-FAM
rs2067186	MID1098	10	72466651	[-/aatcaatatt]	340-349	F- 5' TCC TTT CAG GTA TCA GTC CCC 3' R- 5' TGG AGA GAA GTG GGT AGA TTT GA 3'	NED
rs2307976	MID1780	11	35294648	[-/gaa]	104-107	F- 5' AGG AAA CGG CAC TTA TGA CTT C 3' R- 5' CGC AGA TAT TAG CCT GAC CTT C 3'	NED
rs2307666	MID1470	11	62055890	[-/gttac]	133-139	F- 5' AGT CTG ACC CTT CAT AAG CAA GA 3' R- 5' ATC CCA AAC AAC CAC ATA GGA G 3'	NED
rs2308144	MID1952	15	40049495	[-/tcca]	96-100	F- 5' TTT GCT CCC ACA GCA TTA GTC 3' R- 5' AGT AAA CAA ACG GCT GCA AGA 3'	6-FAM
rs2067259	MID1172	16	2410877	[-/ggcct]	113-118	F- 5' CTC CCA AAG TGC TGG GAT TAC 3' R- 5' CAGCTTGTCTTGGTCAACTGC 3'	VIC
rs1610864	MID778	16	68144755	[-/aat]	197-200	F- 5' GTG ACA GGC TTT ATA GGC CAA C 3' R- 5' TTT ACC TGC TGT GGA CTT GAT G 3'	VIC
rs2067270	MID1183	16	43065720	[-/tcag]	164-168	F- 5'AATGGACTGTGATTTTGGATTG3' R- 5'ATGAAGTTGACATGTGGGAATG3'	PET
rs16710	MID273	17	5404941	[-/caac]	137-141	F- 5'GGTGTGATCAATTCCAACCTGC 3' R- 5'AAA GGA AAT CAC GTC TAA GTG ACC 3'	6-FAM
rs25549	MID325	17	54492124	[-/aatg]	209-211	F- 5'TTAGGTATACGGCAGAGGATGG 3' R- 5'CATGCACCTCCTTGGTTATGT 3'	PET
rs2307587	MID1391	17	17176824	[-/tacatatatcaatctataac]	218-238	F- 5'AATTCCCAGGGATAACCACTCT3' R- 5'CCTGGCTCATAATTGGGTTTT3'	NED
rs16383	MID93	22	25854689	[-/aga]	146-149	F- 5' TGA CCC CAG TTA CTA ATG AAA ACC 3' R- 5' CAC AGC TTT TTC TCC AGT GTT G 3'	VIC

Continuação

Num. rs	Marcador	Crom.	Posição	Alelo1/Alelo2	Amplicon	Primer	DYE
rs140864	MID575	1	34666090	[-/ttc]	175-179	F- 5' AAC TGG TCA AAA TCT GCT CCA T 3' R- 5' TAC GTG GAC CTA GCA TTC CTC T 3'	NED
rs2307659	MID1463	1	77934148	[-/ttgt]	293-297	F- 5' CAG AAG TAG GCT GAC TGG TGT TT 3' R- 5' CAG AGT ATC TGG GGC TTT TCA C 3'	6FAM
rs1160876	MID625	2	31342236	[-/cat]	115-118	F- 5' TAC GGC TAG GCT ACA AGA CCT C 3' R- 5' CACAAGGAGACAGAACTTCATCA 3'	PET
rs140770	MID481	2	63724924	[-/caggtac]	283-290	F- 5' AGA TTT GAT AGA AAT GCA GGA ACC 3' R- 5' GTA GTT GGG GAA GAG TGC AGA C 3'	NED
rs16343	MID51	4	18100554	[-/tttat]	273-278	F- 5' TTG ATT GGG TGA GCA TTA TTT 3' R- 5' TTT GCA TCT GTA GAC TGG TTG G 3'	VIC
rs2067353	MID1271	5	105719772	[-/atttt]	144-150	F- 5' GTA TTA AGG TTT CCG GCC TCA C 3' R- 5' AAGATGAGAAAGCAGGTTTGA 3'	NED
rs2067263	MID1176	5	52479514	[-/aat]	149-152	F- 5' GCT TAC CTA GCA GGG TTG TTG T 3' R- 5' AAACCTCCAGTCCAAGGTGATA 3'	VIC
rs2067141	MID1052	5	88239324	[-/acaa]	212-216	F- 5'GGCGTAAAATTAATACACAGGACA3' R- 5'GGCTGCATCTATAAGACACTTCATT3'	NED
rs1611106	MID1025	5	18803448	[-/gttaa]	260-265	F- 5'CACCGCTTCTTTGTATGGATAGTT3' R- 5'ATGCTTATTGAGGAAGCAGTCATAG3'	PET
rs16635	M1D196	6	100433948	[-/cat]	112-115	F- 5' AAC CAA GTT CTA GCC ATA TGG AAC3' R- 5' AAA GCT TCA GTG AAT TCC AAG G 3'	VIC
rs2308115	MID1923	6	13185905	[-/tga]	134-138	F- 5' CAC TAC TGA GAT GCT TTC ACC AA 3' R- 5' CCT TTC CTG TAC GTG CTT CTT T 3'	6FAM
rs2307912	MID1716	6	84275361	[-/aga]	182-186	F- 5' TTT GTG TGT GTG TGT GTG TGT G 3' R- 5' ACCTCAGCATCACCAGAAGAGT 3'	VIC
rs140783	MID494	6	8388809	[-/cgatcatct]	227-236	F- 5' AGACACATGGAGGAAAGACCAT 3' R- 5' TGT TAC GGA AAT CAC AAG AAC G 3'	NED
rs1610996	MID913	6	39865711	[-/aaagtgaattca]	331-344	F- 5' CTA GAA TGT CAA GAC CTG GGA TG 3' R- 5' TGG CCT TTG ATT GGA TAT GAG 3'	NED

Continuação

Num. rs	Marcador	Crom.	Posição	Alelo1/Alelo2	Amplicon	Primer	DYE
rs16654	MID217	7	140766058	[-/ata]	171-174	F- 5' AAA GGC AGA TTT AGG GAC CAC 3' R- 5' GGA TGA AGG GGA AAA AGT ATG A 3'	PET
rs1160871	MID619	7	28158757	[-/tctt]	198-201	F- 5' GAC TCT TTT CCT TGA CCC TTC A 3' R- 5'GAG AGG TAG AGG GAG TTT GGG 3'	6FAM
rs140765	MID476	9	19639579	[-/aga]	167-170	F- 5' CAT TGA TGT CTA TTT GCC TTT GAG 3' R- 5' TTC CTA GGG CTG GAG TTA CTG A 3'	6FAM
rs1160910	MID682*	9	67940083	[-/aaag]	173-176	F- 5' CTC CAT TCT TTC AGC CAA CTC T 3' R- 5' CAA AGC ACT TCA TGG AAT TAA GG 3'	VIC
rs1160894	MID660	10	17295939	[-/cat]	109-112	F- 5' AAA GGC CAT GCC AAT AAT TTT C 3' R- 5' ATG GCA AGTCAT TCA ATC CTT C 3'	NED
rs140857	MID568	13	74794171	[-/aca]	201-204	F- 5' TTT AGT GTG CCT CCT TCA AAC A 3' R- 5' GGG TGA GTT GTT GAG TGT GAG T 3'	PET
rs2307553	MID1357	14	60159869	[-/tgac]	95-99	F- 5' TTA TAC CTG CAA AGT GGG CAT T 3' R- 5'GTTCCAGCAAACAGAACACAAG 3'	6FAM
rs2307880	MID1684	14	18692312	[-/aggtagg]	157-163	F- 5'GTGATGTTTTTCAAGCAGGAA 3' R- 5'TCA TCC ATG TCT ATG TCT TCA GC 3'	6FAM
rs16416	MID132	15	3527138	[-/acag]	190-194	F- 5' AAT GAG ATT GCC AGC TTT CCT A 3' R- 5' CCA CCC ACA AAA TTG GAC ATA 3'	NED
rs1610902	MID818	16	2415015	[-/gtctgggagctgttcttacc]	222-245	F- 5' AGA GCC AGT TAG AGG GAG GAT G 3' R- 5' GAA CGA GAG TGC GAA CCA AAT 3'	6FAM
rs2067271	MID1184	16	68111678	[-/tgtgcagatg]	243-253	F- 5' CGG TTC AGT CTT GAT TGT GCT A 3' R- 5' TCC AAT TCT CTC CTG CAA AAC T 3'	PET
rs25546	MID322	17	12704466	[-/aaat]	117-121	F- 5'AAA ACC TTG TGG TCT GTA ATG AGG 3' R- 5'CAG CCC TGG GTT ATT ATT CTT ATT T 3'	NED
rs16712	MID275	17	65454902	[-/acact]	210-215	F- 5' TCT TTC TGC CAA TGA CTT CTA GC 3' R- 5' ACA AAC TGA CTG ACT TCC ACG A 3'	6FAM
rs2307554	MID1358	5	35502077	[-/agaatgacttcattctg]	235-252	F- 5' AAA AAC ACC CTT TGC TGA AGT C 3' R- 5' ACA GAC GCC AGG AAT TTT CTA T 3'	VIC
rs16432	MID152	20	2192651	[-/cggcagtgg]	255-263	F- 5' CTC CCT GCT GAT ACC GTC TAT AA 3' R- 5' GGA GGC AGA AGT CCA GAG ATA C 3'	6FAM

* **MID682** marcador em fase de otimização, não incluído na análise do presente estudo

ANEXO 8



Kalunga



Pé do Morro



Cocalinho

Fonte: arquivo pessoal